

PHYTO MEDIZIN

**Erscheinungsform
der Phytomedizin ändert sich
Neues Medienkonzept
ab 01.01.2006**



**Mitteilungen der Deutschen
Phytomedizinischen Gesellschaft e.V.
Braunschweig, 35. Jahrgang – Nr. 3 – 2005**

Inhaltsverzeichnis

EDITORIAL	3
NEUES MEDIENKONZEPT DER DPG VOR DER UMSETZUNG	4
FORUM.....	8
WISSENSCHAFTLICHE BEITRÄGE AUS DEN ARBEITSKREISEN DER DPG	8
<i>Arbeitskreis Phytomedizin im Gartenbau</i>	<i>49</i>
<i>Arbeitskreis Integrierte Pflanzenproduktion-Projektgruppe Kartoffel..</i>	<i>68</i>
AUS DEN MITGLIEDSVERBÄNDEN UND ASSOZIIERTEN VEREINEN.....	84
MITTEILUNGEN DER GESELLSCHAFT.....	85
PROMOTIONEN	85
NEUE MITGLIEDER.....	85
GEBURTSTAGE	85
TERMINE.....	86
ARBEITSKREISTREFFEN	88
TAGUNGEN/WORKSHOPS	91
AURUF ZUR NENNUNG VON KANDIDATEN ZUR VERLEIHUNG DER ANTON- DE-BARY-MEDAILLE 2006	94
AUSSCHREIBUNG DES JULIUS KÜHN PREISES 2006	95
IMPRESSUM.....	99

Editorial

Sehr geehrte Damen und Herren, liebe Kolleginnen und Kollegen,

die vergangenen drei Jahre haben erhebliche Veränderungen für die organisatorischen Möglichkeiten der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft mit sich gebracht. Besonders wichtig war die Entscheidung der Mitgliederversammlung 2004, den regelmäßigen Umzug der Geschäftsstelle zu erübrigen und ihren festen Verbleib an einem Standort zu ermöglichen.

Seitdem können wir auf diesen Standort bezogene Infrastrukturen aufbauen, um effizienter die satzungsgemäßen Aufgaben erfüllen und auf die Herausforderung der Zukunft gestalterisch einwirken zu können. Letzteres haben wir im Vorstand durch die Entwicklung eines neuen Medienkonzeptes begonnen, das zu wesentlichen Verbesserungen bei der Darstellung der Leistungen der Phytomedizin und insbesondere unserer Gesellschaft beitragen wird. Bitte beachten Sie, welche Veränderungen es in den nächsten Wochen und Monaten bei der Umsetzung des Konzeptes geben wird und auf welche Weise Sie neue Informationsquellen für sich nutzbar machen können.

Kernpunkt des Medienkonzeptes ist die von zahlreichen Mitgliedern gewünschte Erweiterung der Möglichkeiten zur Veröffentlichung der Abstracts der Arbeitskreise. Hier ist es in Zusammenarbeit mit dem Verlag Eugen Ulmer gelungen, das *Journal of Plant Disease and Protection* für jedes Mitglied in der Print- oder Online-Version zusätzlich zur *Phytomedizin* ohne zusätzliche Kosten verfügbar zu machen. Hier und im *Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes* ist Teilnehmern an den Arbeitskreisen die Chance eröffnet, über ein Editorial Board redigiert zitierfähige Beiträge Zielgruppen-genau zu publizieren. Darüber hinaus werden alle Beiträge vom 1. Quartal 2006 an auf einer völlig neu gestalteten Website der DPG eingestellt. Diese Website ist funktional so erweitert, dass sie zur Informationsdrehscheibe werden soll, auf dem sich nicht nur Mitglieder sondern jeder Interessent über die Tätigkeit der DPG informieren kann.

Wir sind überzeugt, dass mit der Umsetzung des neuen Medienkonzeptes ein Beitrag zur Gestaltung der Zukunftsfähigkeit der DPG in einer Zeit geleistet wurde, in der es wichtig ist, sein Profil auch über den eigenen Mitgliederkreis hinaus bekannt zu machen und so die Bedeutung der Phytomedizin für jederman zu unterstreichen.

Wir möchten uns ausdrücklich bei allen bedanken, die durch ihre Anregungen und aktive Mitarbeit zu diesem Konzept beigetragen haben.

Mit freundlichem Gruß

F. Feldmann
G.F. Backhaus

Neues Medienkonzept der DPG vor der Umsetzung

Falko Feldmann, Geschäftsführung

Ausgelöst durch die Anregungen der Mitgliederversammlung und Arbeitskreisleitersitzung 2003 in Gießen und die Landessprechersitzung 2004 in Hamburg wurde im letzten Jahr ein Medienkonzept erarbeitet, das insbesondere dem Wunsch vieler Mitglieder Rechnung trägt, ihre Leistungen auf dem Gebiet der Phytomedizin, die sie im Rahmen der Tagungen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft präsentieren, in stärkerem Maße nach außen zu tragen und möglichst im internationalen Rahmen herauszustellen. Gleichzeitig sollte die Umsetzung eines solchen Konzeptes möglichst kostenneutral sein und dennoch die Attraktivität der Mitgliedschaft in der DPG steigern. Ein solches Konzept kann den Mitgliedern der DPG heute präsentiert werden. Die Umsetzung des Konzeptes wird zu einigen Änderungen bislang üblicher Verfahrensfragen führen, sodass wir unsere Mitglieder um Beachtung dieser Mitteilungen bitten.

Neuerungen

- Vom 1. Quartal 2006 an wird die bisherige *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz (ZPP)*, die bereits 1993 per Vertrag offizielles Organ der DPG ist, unter dem neuen Titel ***Journal of Plant Diseases and Protection (JPDP) für DPG-Mitglieder*** als Printversion und/oder als Online-Version ohne zusätzliche Kosten verfügbar und **im Mitgliedsbeitrag enthalten** sein. Nicht enthalten sind zukünftige Ausgaben der JPDP-Supplements, die nur aus Anlass von Tagungen erscheinen und Drittmittel-finanziert sind.

Ausschließlich den Zugang zur Online-Version erhalten die Vorläufigen Mitglieder sowie Mitglieder im außereuropäischen Ausland. Alle übrigen Mitglieder erhalten sowohl die Printversion als auch den Zugang zur Online-Version. Die genauen Modalitäten werden nach Abschluss der Verhandlungen mit dem Ulmer Verlag bekannt gegeben. Eine Minderung des Mitgliedsbeitrages durch Abbestellen der Zeitschrift ist nicht möglich. Da die Kosten der Print-Version im Falle der im Ruhestand befindlichen Mitglieder durch den reduzierten Mitgliedsbeitrag nicht gedeckt sind, bitten wir diesen Personenkreis, kritisch zu prüfen, ob Sie die Print-Version benötigen und sie ggf. in der Geschäftsstelle abzubestellen.

Wichtiger Hinweis: Mitglieder, die bereits Abonnenten der ZPP sind,

müssen dieses Abonnement **nicht kündigen**; Sie erhalten automatisch keine Rechnung mehr.

- Gleichzeitig mit der Einführung des JPDP als Mitgliederzeitschrift verändert sich das Layout und die Erscheinungsfrequenz der *Phyto-medizin*. Sie wird in Zukunft 3x jährlich gemeinsam mit dem JPDP versendet. Der Personenkreis der Mitglieder, der zukünftig die Online-Version des JPDP bezieht, erhält die Phytomedizin als pdf-file.
- Die **Website** der DPG wird im 1. Quartal 2006 **ausgetauscht**. Sie wird mit einem Content-Management-System hinterlegt sein, sodass neue Inhalte weit zügiger und detaillierter eingepflegt werden können. Die Website wird zukünftig wesentlich beim Austausch von Informationen zwischen Mitgliedern aber auch Nichtmitgliedern werden.
- Um rasch Informationen weiterzuleiten oder um auf bedeutsame Änderungen der Website aufmerksam zu machen wird gleichzeitig ein sehr knapper **elektronischer Newsletter** eingerichtet. Dieser wird öffentlich sein, also auch Nicht-Mitgliedern, assziierten oder interessierten Verbänden und Vereinen zur Verfügung stehen. Er wird in der Regel 14-tägig erscheinen oder bei besonderem Bedarf. Eine Anmeldung für den Newsletter wird über die Website möglich sein. Allen Mitgliedern, deren korrekte E-mail-Adresse uns bekannt ist, werden wir bei Initialisierung den Newsletter zusenden. Wenn Sie ihn nicht erhalten möchten, müssen Sie ihn abbestellen. Eine automatische Möglichkeit dafür wird innerhalb des Newsletters eingerichtet.
- **Mit dem Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes** wurde eine engere **Kooperation** im Hinblick auf die Veröffentlichung von Beiträgen der DPG geschlossen. Diese kann für Mitteilungen von besonderer Bedeutung für die Pflanzenschutzdienst-bezogene Praxis und Forschung genutzt werden.
- **Der Terminkalender** wird in der Phytomedizin nur noch marginal und auf interne Veranstaltungen bezogen erscheinen. Er wird auf Website und Newsletter verlagert, um eine höhere Aktualität zu erzielen.

Vermittlung der Produkte der DPG an die Zielgruppen

Das Wirken der DPG zeigt sich im Besonderen in der Durchführung verschiedenster Tagungen und daraus resultierender Informationen, die es verfügbar zu machen und zu vermitteln gilt. Tagungen finden in unterschiedlichen Dimensionen und mit sehr heterogener Intention statt,

sodass die Zielgruppen, für die die entstehende Information bedeutsam ist, ebenfalls sehr unterschiedlich sein kann.

Die **Arbeitskreise** bilden das Rückgrat der DPG-Aktivitäten. Mindestens fünfzehn Tagungen kommen jährlich zustande, auf denen der Gesamtbereich der Phytomedizin diskutiert wird. Bislang wurden Zusammenfassungen der Beiträge für die Veröffentlichung in der Phytomedizin geschrieben, wo sie wegen der geringen Erscheinungsfrequenz oft nicht zeitnah erschienen oder als kaum zitierfähig im Archiv verschwanden. Durch die neue Medienstruktur werden hier wesentliche Verbesserungen erzielt: jeder Teilnehmer kann in Zukunft auf der DPG-Website ein Formular mit seinem Abstract ausfüllen. Er kann hier bereits wählen, ob er ihn für die Veröffentlichung nach der Tagung in der JPDP (englischer abstract) oder dem Nachrichtenblatt (deutsch) freigibt. Die Zusammenfassung steht sofort dem/der ArbeitskreisleiterIn zur Verfügung, der/die daraus sein/ihr Programm erstellen kann. Nach der Tagung kann der/die AKLeiterIn besondere Empfehlungen für die Aufnahme der Zusammenfassungen in eine der Zeitschriften abgeben, wodurch sie durch die Geschäftsstelle an die jeweilige Schriftleitung und damit an die editorial boards weitergeleitet werden, um den normalen Begutachtungsweg zu durchlaufen.

Mit diesem Konzept für die Publikation der Zusammenfassung der Arbeitskreise ist es gelungen, das Spektrum der Phytomedizin, wie es aktuell in der DPG bearbeitet wird, Zielgruppen-gerecht anzubieten und sowohl national als auch international zitierfähig verfügbar zu machen.

Die **Deutsche Pflanzenschutztagung (DPST)** sucht in ihrer Größe und Frequenz weltweit ihresgleichen. Trotzdem dringt wegen der Tagungssprache Deutsch nur wenig über den Inhalt nach außen. Dem wirken wir entgegen, indem wir eines der sechs Hefte des JPDP zweijährlich zur DPST als Sonderausgabe herausgeben. In ihr werden wahrscheinlich Titel, Autoren und Kontaktadressen aller Vorträge verzeichnet werden, zusätzlich zu der Möglichkeit, eigene Beiträge als Originalarbeiten oder englische Abstracts vorab einzureichen und termingegenau zu veröffentlichen.

Alle deutschen Abstracts bleiben wie früher den *Mitteilungen der BBA* vorbehalten. Hinzu kommt aber, dass von 2006 an eine eigene Website für die DPST eingerichtet wird, auf der die Beiträge zukünftig auch im Rückblick eingesehen werden können.

Noch in Planung ist die Ankoppelung der *Schriftenreihe der DPG* an die DPST. Sie könnte zukünftig als termingerecht publizierte Schwerpunktinformation zum Tagungsmotto veröffentlicht werden, wie es bei der 54. Tagung in Hamburg erstmals der Fall war.

Im Zusammenhang mit **weiteren, größeren Tagungen**, die unter Mitwirkung von DPG-Mitgliedern organisiert oder von der DPG gesponsert werden, besteht zukünftig in verstärktem Maße die Möglichkeit, im Layout des JPDP zusätzliche Bände herauszugeben, die eine ideale Gelegenheit ergeben, die eigenen Proceedings über Deutschland hinaus bekannt zu machen. Die Internationale Tagung **Plant Protection in Europe (PPEu)**, die gemeinsam mit den englischen Kollegen alle zwei Jahre veranstaltet werden soll, geht derzeit noch einen anderen Weg, da die Herstellung der Proceedings weitgehend von den englischen Kollegen organisiert wird und deshalb in der entsprechenden BCPC-Reihe erscheint.

Der Informationsfluss aus **internen Sitzungen**, Nachrichten über innere Angelegenheiten der DPG, Wahlbenachrichtigungen, oder Mitteilung von Auszeichnungen, Promotionen, Publikationen usw. wird wie gehabt durch das Mitteilungsblatt *Phytomedizin* gewährleistet. Aus Kostengründen wird die *Phytomedizin* in jedes 2. JPDP eingelegt und gemeinsam mit ihm versendet werden. Daraus ergibt sich ein dreimaliges Erscheinen pro Jahr und ein neues, angepasstes Erscheinungsbild.

Die Rubrik **Forum** der *Phytomedizin*, in der eigene Beiträge von Mitgliedern zu aktuellen Themen erschienen, wird beibehalten werden können, sodass Sie nach wie vor Ihre Meinungen, Stellungnahmen und Berichte zu besonderen Themen einreichen können.

Tagungsankündigungen und Einladungen zu Arbeitskreisen sind zukünftig besser zu verbreiten als früher: Internationale Symposien werden im JPDP angekündigt, große nationale mit Bedeutung für das Ausland ebenfalls. Einladungen zu AK werden auf die Website gesetzt und über den Newsletter und Verlinkung jedem interessierten Mitglied direkt verfügbar.

Resumee

Die Weiterentwicklung des Medienkonzeptes der DPG führt zu einer Öffnung der Gesellschaft nach außen. Die Erhöhung der Transparenz der Aktivitäten der DPG für die ausländische Fachöffentlichkeit wird zweifellos eine positive Rückkopplung für unser altes und neues Organ, das *Journal of Plant Disease and Protection* mit sich bringen, die ihrerseits das Renommee der DPG im Ausland steigern wird. Unsere möglicherweise schon bald regelmäßige internationale Tagung *Plant Protection in Europe* wird ein Übriges dazu leisten. Was in dieser Hinsicht noch zu wenig vertreten ist, ist eine adäquate Entsprechung dieser internationalen Profilierung auf der Ebene der Arbeitskreise.

Auf nationalem Niveau ist die Einbindung von Mitteilungen in das Nachrich-

tenblatt besonders erfreulich. Es erhöht die Möglichkeit einer Zielgruppen-genauen Platzierung relevanter Information.

In beiden Fällen eröffnet die Veröffentlichung der Zusammenfassungen der Mitgliederbeiträge bei Arbeitskreisen die Chance für die Schriftleitungen der einzelnen Publikationsorgane, Persönlichkeiten direkt aufzufordern, aus ihren Kurzbeiträgen Originalarbeiten zu generieren, die in den Zeitschriften publiziert werden können. Eine weitere, positive Rückkopplungsoption.

Forum

Wissenschaftliche Beiträge aus den Arbeitskreisen der DPG

Coat protein enhances translational efficiency of *Alfalfa mosaic virus* RNAs and interacts with eIF4F

JF Bol¹, IM Krab¹ and DR Gallie². ¹Institute of Biology, Gorlaeus Laboratories, Leiden University and ²Department of Biochemistry, University of California, Riverside, California 92521

Translation of eukaryotic mRNAs is strongly enhanced by the formation of a closed loop structure due to the interaction between the poly(A)-binding protein bound to the 3'-poly(A) tail and the eIF4G subunit of the eIF4F complex bound to the 5' cap structure. The three plus-strand genomic RNAs of *Alfalfa mosaic virus* (AMV) and the subgenomic messenger for viral coat protein (CP) contain a 5'-cap structure but no 3'-poly(A) tail. Binding of CP to the 3'-end of AMV RNAs is required for efficient translation of the viral RNAs and to initiate infection in plant cells. To study the role of CP in translation, plant protoplasts were transfected with luciferase (Luc) transcripts with 3'-terminal sequences consisting of the 3'-untranslated region of AMV RNA 3 (Luc-AMV), a poly(A) tail of 50 residues (Luc-poly(A)), or a short vector-derived sequence (Luc-control). Pre-incubation of the transcripts with CP had no effect on Luc-expression from Luc-poly(A) or Luc-control but strongly stimulated Luc-expression from Luc-AMV. From time-course experiments it was calculated that CP-binding increased the half-life of Luc-AMV by 20% and enhanced its translational efficiency about 40-fold. The stimulation of translation by CP was cap-dependent and could be reproduced in yeast cells. GST-pull-down assays revealed the binding of AMV CP to initiation factor complexes eIF4F and eIFiso4F from wheat germ. By Far-Western blotting it was shown that this binding occurred through an interaction of CP with the eIF4G and eIFiso4G subunits of eIF4F and eIFiso4F, respectively. The results support the hypothesis that the role of CP in transla-

tion of viral RNAs mimics the role of the poly(A) binding protein in translation of cellular mRNAs.

TSWV transcriptase *in vitro* prefers cap donors with multiple base complementarity to the viral template

IC van Knippenberg, M Lamine, P Verbruggen, M Nischang, R Goldbach and R Kormelink; *Laboratory of Virology, Wageningen University*

Transcription of segmented negative strand RNA viruses is initiated by cap snatching, i.e. a mechanism in which host mRNAs are cleaved generally at 10-20 nt from their 5' capped end and the resulting capped leaders used to prime transcription of the viral genome. This mechanism has first been described for Influenza A virus in the early 80's and since reported for several other viruses. For *Tomato spotted wilt virus* (TSWV), type species of the plant-infecting *Tospovirus* genus within the *Bunyaviridae*, the occurrence of cap-snatching was reported in 1992 and following studies have shown that cap donors require a single base complementarity to the ultimate or penultimate viral template sequence. More recently, the occurrence *in vitro* of "re-snatching" of viral mRNAs, i.e. the use of viral mRNAs as cap donors, has been demonstrated for TSWV. To estimate the relative occurrence of re-snatching compared to snatching of host mRNAs, the use of cap donors with either single, double or multiple complementarity to the viral template was analysed in pair-wise competition in TSWV *in vitro* transcription assays. These analyses have shown a strong preference for multiple-basepairing donors. Similar experiments are currently performed for Influenza A virus transcription initiation. Furthermore, a (first) series of cap-donor mutants has been made to analyse the requirements of cap-donor leader sequences upstream the basepairing residues for TSWV as well as Influenza A virus transcription initiation.

Recombination-replication-repair interface of geminiviruses

H Jeske, B Alberter, E Bejarano, J Castillo, G Morilla, AM Rezaian, W Preiß and C Wege; Institute of Biology, Department of Plant Molecular Biology and Virology, University of Stuttgart

One major driving force of geminivirus evolution is recombination. They may exchange genomic components (pseudorecombination) as a prerequisite for true molecular recombination and may acquire thus new DNA components like DNAs B, beta DNAs, satellite DNAs or even DNAs of different viruses as it has been shown for nanovirus DNA circles. Using an optimized

twodimensional gel electrophoresis in combination with hybridization and electron microscopy we have discovered that the recombinational flexibility is reasoned by a recombination-dependent replication mode (RDR) that is widespread at least among begomoviruses and curtoviruses but does also occur for satellites, beta DNAs and artificial episomes. Compared to complementary strand synthesis (CSR) and rolling circle replication (RCR), which both were found together with RDR, the latter mechanism allows the virus to repair every broken or unfinished DNA intermediate as far as homologous templates are available. Using virus-specific two colour detection, we found out the the frequency by which different geminiviruses enter the same nucleus was surprisingly high in tomatoes and *N. benthamiana*, so that the chance to recombine two viruses is extremely high. Moreover, weeds are ideal cradles for new geminiviruses since they are reservoirs and collect several virus species over years, as exemplified for *Sida micrantha*-associated geminiviruses. Surveying different combinations of geminiviral and satellite DNAs two strategies can be discriminated between Old World and New World begomoviruses. The first were rather promiscuous to transreplicate other DNAs, even without a cognate Rep-binding sequence, whereas the latter need the interaction of Rep and Rep-binding sequences and consequently DNAs B were acquired by shuffling of the regulatory region (common region CR) by homologous recombination. The consequences of these findings for efficient resistance breeding and epidemiology will be discussed.

BNYVV-like particles formed by coat protein expressed from a potexvirus-based vector construct

R Koenig, S Loss and D-E Lesemann; c/o Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Braunschweig

We have recently determined the nucleotide (nt) sequences of the genomic RNAs of three potexviruses which had been isolated long ago from different species in the Cactaceae and were originally designated as different strains, i.e. BS, CC10 and K11, of *Cactus virus X*. Because serological and molecular studies revealed only rather distant relationships between these viruses, we have proposed to change their taxonomic status and rename them to *Zygocactus virus X (ZVX)*, *Opuntia virus X (OVX)* and *Schlumbergera virus X (ScVX)*, respectively. The full length cDNA sequence of ZVX RNA was cloned into the 35S promoter-containing vector p35Stupa kindly provided by E. Maiß, Hannover. The cDNA clones obtained consistently produced symptomless local and occasionally also systemic infections in *C. quinoa*. In order to enable insertion and expression of foreign genes an *AscI* and a *SpeI* site

were introduced downstream of the coat protein (cp) promoter and directly upstream of the cp gene. Most of the ZVX cp gene except for its 56 3'-terminal nucleotides were replaced by the corresponding sequence of the ScVX cp gene and by additional 45 nts upstream of the ScVX cp gene which presumably contain the ScVX cp promoter. The expression of foreign genes which are inserted between the *AscI/SpeI* sites is thus directed by the ZVX cp promoter whereas the expression of the ScVX cp gene is directed by its own promoter. Clones, into which the cp gene of *Beet necrotic yellow vein virus* (BNYVV) was inserted, produced local infections in *C. quinoa* and sugarbeet. In the former, BNYVV cp was readily detected by means of ELISA. Immunoelectron microscopy revealed the presence of viruslike particles which were strongly decorated by antibodies to BNYVV. This particle formation is surprising, because in natural infections it is assumed that the cp readthrough protein is necessary to initiate particle assembly.

Interactions of movement protein BC1 and nuclear shuttle protein BV1 of *Abutilon mosaic geminivirus*

T Kleinow¹, S Frischmuth¹, S Zhang¹, S Hehnle¹, A Aberle¹, C Wege¹, D Hülser² and H Jeske^{1,1)} ¹⁾Department of Plant Molecular Biology and Virology, Biological Institute, University of Stuttgart and ²⁾Department of Biophysics, Biological Institute, University of Stuttgart

Bipartite geminiviruses such as *Abutilon mosaic virus* encodes two proteins responsible for virus movement and pathogenic properties, the nuclear shuttle protein (NSP; syn. BV1) and the movement protein (MP; syn. BC1). Transient expression of green fluorescent protein fusions of MP and NSP in host plant cells has shown that BV1 localizes to nuclei and BC1 to the cell periphery or close to nuclei. By electron microscopy techniques NSP expressed in fission yeast was detected in nuclei whereas MP was localized to protoplasmic leaflets of plasma membranes. Upon co-expression in plants or yeast, BC1 redirected BV1 from nuclei to cell periphery and in sink leaves of host plants, additionally to adjacent cells. BC1 deletion mutants lacking the membrane-binding domain indicated a homo-oligomerization of its C-terminus by yeast two-hybrid and Cyto-Trap analysis. *In-vitro* assembly of double-stranded super coiled DNA with NSP and MP into conspicuous structures was confirmed using electron microscopy and provided evidence for cooperative interaction of MP, NSP and DNA. These results support a model, in which NSP transports viral DNA to the cell periphery, and BC1 acts as a membrane adaptor for NSP-DNA complexes to facilitate cooperative cell-to-

cell movement within plants. By use of two-hybrid system, we identified BC1-interacting plant factors, which are currently under investigation.

Interaction between *Cowpea mosaic virus* movement tubules and the plasma membrane

JWM van Lent¹, J Pouwels², M Rolloos^{1,2}, CM Carvalho¹, J Wellink² and RW Goldbach¹: ¹Laboratory of Virology, Wageningen University and ²Laboratory of Molecular Biology, Wageningen University

Cowpea mosaic virus (CPMV) virions traverse the cell wall through nanotubules that are assembled from the viral movement protein (MP). *In planta* these tubules are found exclusively in the plasmodesmal canal. In isolated plant protoplasts, devoid of cell walls and plasmodesmata, a similar polarity of tubule assembly is observed. The MP anchors somehow at the plasma membrane (PM) and from there an outward growing tubule is assembled tightly encased with PM as also occurs within the plasmodesma. Transport tubules are not only formed in protoplasts of host plants, but also in those isolated from non-host plants or even animal cells that express the MP. Obviously, MP interacts with the PM or with PM-associated proteins and such proteins should be conserved in plant and animal cells. This intriguing interaction between MP and PM was further analyzed by MP-mutant analysis, timelapse microscopy and FRET/FRAP studies. It has been shown before that prior to tubule formation, MP (-GFP) accumulates in so-called peripheral punctate spots at the PM and it was speculated that these were the nucleation sites for tubule assembly. Time-lapse fluorescent microscopy was performed on protoplasts expressing MP-GFP and showed that the punctate spots are dynamic structures that are immobilized at the PM and that tubules indeed arise from (a sub-population of) these spots. To investigate the interaction of tubules with the surrounding PM, the diffusion herein of small and large fluorescent PM-associated proteins was examined by fluorescence recovery after photobleaching (FRAP). These studies indicate that tubules made by CPMV MP do not interact directly with the PM, but most likely via a PM intrinsic protein (PIP) or otherwise associated host protein. Using affinity chromatography it was found that purified MP a.o. binds to aquaporin present in the plasmamembrane. Transient expression of MP-YFP and *Arabidopsis* aquaporin P1;4-CFP revealed that these proteins colocalize in punctuate spots on the surface of cowpea protoplasts. Acceptor photobleaching experiments indicate that they also physically interact at these sites, suggesting that aquaporin is used by the virus as a primer for the tubule formation at the plasma membrane.

Symptom variants of *Cucumber mosaic virus* (CMV) are based on more than a single mutation

D Zhang, P Willingmann, G Adam and C Heinze; Biocentre Klein-Flottbek and Botanical Garden, University of Hamburg

In Asia chili is of high importance for the daily nutrition and grown as local varieties from small holders. Beside other pathogens chili is susceptible to *Cucumber mosaic virus* (CMV), a (+) ssRNA virus with a tripartite genome. Commercial chili varieties with resistance to this disease were not available and therefore resistant varieties have been developed from the Asian Vegetable Research and Development Center (AVRDC, Taiwan). Although some lines showed resistance to many strains, originating in several Asian countries, it was overcome at least by two isolates, CMV-AN from India and CMV-KS44 from Thailand. The responsible genetic determinant was located on RNA 2 by reassortment studies. Chimeric constructs of full-length RNA 2 cDNA clones based on isolate Fny comprising the complete gene silencing suppressor (2b) gene of resistance breaking isolate CMV-AN and partial sequences of 2a gene and 3' non coding region were able to overcome the resistance in concert with RNA 1 and RNA 3 from the non resistance breaking isolate CMV-P3613. These data suggested that the gene silencing suppressor 2b and/or the 2a protein is responsible for this biological behaviour. Within the 2a- and 2b-genes two striking mutations between resistant and non-resistant isolates were present. However, site directed mutagenesis did not confirm the significance for these mutations but suggest that other factors are involved for symptom expression. Additional reassortants between different combinations of isolates indicated that also RNA 1 and/or RNA 3 may play a role in symptom determination, and - in some cases - in concert with RNA 2. The symptom expression of reassortants and genetically modified constructs in other host systems were not predictable. These results show that symptom expression is a very complex process depending on synergistic interactions. The results derived from single mutation experiments should therefore not be generalized.

GFP-labelling of mite transmitted *Brome streak mosaic virus* (BStMV)

I Rolfes and E Maiss; Institute of Plant Diseases and Plant Protection, University of Hannover

Brome streak mosaic virus (BStMV) infects *Poaceae* and is transmitted by eriophyid mites like the other members of the genus *Tritimovirus*: *Wheat streak mosaic virus* (WSMV) and *Oat necrotic mottle virus* (ONMV). For

construction of a BStMV full-length cDNA clone (pBStMV-FL) viral RNA was extracted from a French BStMV isolate (11-Cal; BStMV-wt) and cDNA fragments were amplified by RT-PCR. The fragments were cloned in succession under control of an enhanced *Cauliflower mosaic virus* (CAMV) 35S-promoter and its 3'-polyadenylation signal, resulting in pBStMV-FL. This plasmid was transferred into plants by particle bombardment. The virus deriving from pBStMV-FL was able to infect the plant systemically and was detected immunologically. Comparison of the host spectrum of BStMV-FL and BStMV-wt revealed no differences in terms of infected plants and symptom severity. Six species were identified as host plants, at which *Bromus mollis*, *Hordeum vulgare* and *Triticum aestivum* showed obvious virus symptoms. BStMV-FL was labelled with a green fluorescent protein (GFP) at two different positions in the genome. For this purpose the *gfp* gene was integrated in-between P1 and helper component protease (pBStMV-P1/GFP/HC-Pro) and in-between nuclear inclusion body b and coat protein (pBStMV-NIb/GFP/CP). Four weeks after particle bombardment virus symptoms were observed. BStMV-CP and GFP were detected by electroblot immunoassays. Fluorescence of GFP was visualized with a confocal-laser scanning microscope. Therefore, correct proteolytic processing of GFP occurred in BStMV-P1/GFP/HC-Pro as well as in BStMV-NIb/GFP/CP and the released GFPs were functional. In addition, eriophyid mites were collected from the field and used successfully to transmit BStMV. Altogether these findings enable further studies on infection, replication and transport of BStMV-FL and mutants thereof in plants as well as determination of proteins and motifs involved in vector transmission.

TSWV particle assembly: *in vivo* interactions between the structural nucleoprotein and G1 spike protein

M Snippe¹, JW Borst², R Goldbach¹ and R Kormelink¹; ¹Laboratory of Virology, Wageningen University and ²Laboratory of Biochemistry, Wageningen University

TSWV (*Tomato spotted wilt virus*) is a member of the Bunyaviridae family. Virus particles are spherical and membrane bound, containing spike proteins that consist of two glycoproteins, G1 and G2. The core contains ribonucleoproteins (RNPs) that consists of genomic RNA tightly associated with the nucleoprotein (N) and small amounts of the viral RNA-dependent RNA polymerase. Enveloped virus particles arise as a result of RNP envelopment with membranes from the Golgi apparatus containing G1 and G2. To investigate *in vivo* interactions between the structural proteins involved in virus assembly, fluorescence techniques (FRET: fluorescence resonance energy

transfer and FLIM: fluorescence lifetime imaging microscopy) were employed. To this end, N, G1 and G2 were fused at their N or C-terminus to CFP or YFP. Upon co-expression of N-YFP and NCFP in mammalian cells, N dimerisation was observed in peri-nuclear aggregates as well as throughout the cytoplasm. The peri-nuclear localisation of N oligomers required actin filaments and microtubules, as demonstrated with the use of inhibitors, which suggested the possible involvement of these cellular elements in TSWV particle formation. Upon co-expression of N-YFP with G2-CFP no FRET was observed, whereas co-expression of N-YFP and G1-CFP did show FRET. Furthermore, G1 was observed to show an altered localisation pattern in the presence of N, i.e. upon single expression of G1 only ER localisation was observed whereas a peri-nuclear accumulation partly overlapping with that of N was observed in the presence of N. Altogether, these results suggest that the actual envelopment of TSWV RNPs' could be triggered by an interaction between N and the cytoplasmic tail of G1.

Transgenic AbMV DNA B supports mechanical transmission but does not release phloem restriction

D Pohl, H Jeske and C Wege; Institute of Biology Department of Molecular Biology and Virology of Plants, Universität Stuttgart

Strict phloem limitation of the bipartite *Abutilon mosaic virus* (AbMV) in different host plants is accompanied by a lack of mechanical transmissibility. In order to analyse the functionality and thus contribution of movement proteins to tissue restriction, *Nicotiana benthamiana* plants were transformed with AbMV DNA B dimers and challenged by agroinoculation of AbMV DNA A. Several independent plant lines (generations T0 to T3) were capable for replicating and systemically spreading complete bipartite virus genomes, including free DNA B copies. In contrast to reports on other begomoviruses, transgenically expressed AbMV BC1 protein was not able to induce pathogenic symptoms permanently. Different transgenic lines containing functional DNA B copies and expressing BC1 protein indeed developed abnormal leaf phenotypes transiently, but later on recovered and were indistinguishable from wildtype plants. Upon AbMV infection, symptoms were the same in transgenic and wildtype plants, as was the amount of viral DNA accumulating in leaf tissues. Macroscopic and microscopic *in situ* hybridisation revealed that AbMV remained phloem-limited in the DNA B-transgenic plants. Nevertheless, mechanical transmission of the virus had changed: About one fifth of transgenic plants treated with sap from systemically infected wildtype *N. benthamiana* developed full AbMV infections. Thus AbMV DNA B genes

BV1 and BC1 can complement for mechanical transmission in inoculated leaves, but in systemically infected leaves fail to support viral invasion of non-phloem cells. Since in mixed infections with CMV, AbMV has been shown to escape from the phloem, some other (perhaps gene silencing-) mechanism may be responsible for AbMV tissue limitation.

Future challenges in the innovation of detection and identification techniques in plant virology

N Klijn and JW Roenhorst; Plant Protection Service, Wageningen

Since the end of the eighties the strategy of the Dutch government focussed on the reduction of the use of pesticides. As a result less capacity and budget was available for research in the field of plant health. This led to a dramatic loss of expertise, especially in the field of virology. A similar tendency could be observed internationally. Since healthy seeds and planting material are of crucial importance to manage virus diseases, this loss eventually will result in increasing problems caused by viruses. The consequences of the lack of diagnostic methods for potentially harmful viruses and the loss of knowledge and expertise to develop such methods, has to be brought into attention of the responsible decision makers. Therefore coherent research proposals have to be drafted and submitted to national and international governments and organisations. It should be stressed that is necessary to maintain both knowledge and practical expertise in the field of plant virology. New detection and identification methods have to be developed based on reference collection material that, in combination with the classical methods, enable to study the biological and epidemiological aspects of viruses. Such approach will provide a solid base, which is essential to manage actual and future virus problems by prevention and control.

The allelic resistance genes *Tm-2* and *Tm-22* against *Tomato mosaic virus* differ only in 4 amino acids but recognize two independent domains of the ToMV MP

A Gerhardt, M Strasser, M Silber und AJP Pfitzner; *Institute of Genetics, Department of General Virology, University of Hohenheim, Stuttgart*

Transposon insertion experiments in tomato plants led to the isolation of the *Tm-2* resistance gene against ToMV.. Sequence analysis revealed that *Tm-2* codes for a 861 aa protein which belongs to the CC-NBS-LRR type of resistance genes. Surprisingly, *Tm-2* contains only 4 amino acid exchanges located in two different domains of the protein in comparison to the allelic *Tm-*

22, although sequence analysis of diverse resistance breaking virus strains proved that both resistance genes recognize different parts of the ToMV movement protein. Further investigations on the molecular interaction of these resistance genes with the ToMV MP indicated that Tm-2 and Tm-22 contain two distinct domains for the interaction with the avirulence gene product.

Serological and molecular differentiation of *Soil-borne cereal mosaic virus* and *Soil-borne wheat mosaic virus* - two furoviruses occurring on wheat and rye in Germany

F Rabenstein, H Mühlheim, M Wesemann, U Kastir and T Kühne; *Federal Center for Breeding Research on Cultivated Plants, Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics, Aschersleben*

Rod-shaped virus particles approx. 20 nm in diameter were observed by electron microscopy in leaves of rye and wheat varieties grown in different regions in Germany. Virus isolates were transmitted through infected soil to wheat, rye, and triticale and by mechanical inoculations to *Chenopodium quinoa*. By use of polyclonal antisera to *Soil-borne cereal mosaic virus* (SBCMV) (BBA Braunschweig) and *Soil-borne wheat mosaic virus* (SBWMV) (Univ. of Nebraska, USA) it was neither possible to discriminate the isolates in ELISA and Western blots (WB) nor on the basis of their symptoms on *C. quinoa*. SBWMV (ATCC type strain) and the German isolates 'Eilte', 'Eickeloh' and 'Heddesheim' were propagated on rye variety 'Nikita' for virus purification and antiserum production. Altogether 8 polyclonal antisera (PAS) were raised in rabbits. PAS-45 and PAS-69 produced to the type SBWMV and to isolate 'Heddesheim' showed no or only very weak cross-reactions with the other isolates. By means of specific primer combinations these two isolates were verified in immunocapture RT-PCR as SBWMV whereas all the other isolates were assigned to SBCMV. Two of the four PAS produced to SBCMV reacted in DAS-ELISA, WB and tissue print immunoassay (TPIA) mainly with the homologous virus. However, at high virus concentrations a specific discrimination between SBWMV and SBCMV with PAS was doubtful, particularly by their application in TPIA. Therefore, monoclonal antibodies (MAbs) were produced to both furoviruses. For SBWMV detection a DAS-ELISA based on MAb 4G4 (IgG3) was developed. For specific discrimination of all SBCMV isolates MAb 4G11 (IgG2a) can be recommended for use in TAS-ELISA. The virus species specific MAbs allow in TPIA an excellent discrimination between both furoviruses and can be applied in large-scale resistance trials. By sequences

comparison we assume that the coat protein motifs ATHAY and SIHPF could form specific epitopes for SBWMV and SBCMV, respectively.

Functional analysis of RNAi suppressors of negative strand plant viruses

JC Hemmes, EC Bucher, I Cahyani, E Buurman, RW Goldbach and M Prins; *Laboratory of Virology, Wageningen University*

In recent studies we have shown that the NSs protein of *Tomato spotted wilt tospovirus* (TSWV) as well as the NS3 protein of *Rice hoja blanca tenuivirus* (RHBV) suppress RNA silencing in plants. To further analyse the function of suppressor NS3 in *N. benthamiana* in RNA silencing, expression constructs of these proteins were produced resulting in the production of MBP tagged proteins in bacteria and plants (via *A. tumefaciens* infiltration). The addition of the fusion partner, included to facilitate pull down experiments, was shown not to interfere with the RNA silencing activity of the proteins. In subsequent experiments deletion mutants were generated. Two conserved domains of the in NS3 protein were deleted. Both NS3 mutant proteins were proven to be expressed, while the RNA silencing suppression activity in plants was lost. Analysis of mRNA and siRNA levels compared to NS3 confirmed these observations and will be discussed. A series of point and deletion mutations in the NSs protein was also produced and analysis will be presented. To further elucidate the biochemical function, *in vitro* RNAi experiments were performed and the function of bacterial purified suppressors examined. Both TSWV and RHBV are transmitted by insects in the natural situation, and moreover are replicating in their insect vector. To further analyse the possible function of the RNAi suppressor proteins in insects, we set up RNAi (suppression) experiments in *Drosophila* S2 cells using eGFP as reporter. Using this system we were capable to show that S2 cells can efficiently silence the GFP transgene using specific siRNAs, hence RNAi is fully functional. Upon addition of the RNAi suppressor proteins, this effect was completely reversible indicating that NSs and NS3 are efficient RNAi suppressors in both plants and insects.

Occurrence of short interfering RNA in virus-infected Cassava (*Manihot esculenta*) varieties with differential resistance /susceptibility against geminivirus infections

K Dietrich and S Winter; DSMZ Plant Virus Division, Braunschweig

Geminiviruses are single stranded DNA viruses that replicate in nuclei of infected cells, cause serious disease in cassava. It has been shown that these

viruses despite their missing dsRNA phase within their replication can trigger post-transcriptional gene silencing (PTGS) in infected plants. We have therefore studied the accumulation of short interfering RNAs (siRNAs), in resistant and susceptible cassava varieties to correlate the appearance of these RNA species with recovery from infection and level of resistance. Northern analysis of RNA extractions prepared from virus infected cassava, hybridized with viral DNA-A and DNA-B specific probes revealed presence of two classes of virus specific siRNA. All cassava varieties infected with different virus species/strains revealed siRNA accumulation in symptomatic tissues, however hybridization analysis with genomic component DNA-A or DNA-B specific probes indicated that for certain viruses the primary target of PTGS is within DNA-A while for others DNA-B is targeted. Still, high levels of siRNA accumulation were only found in symptomatic cassava leaves, hence correlated with symptom severity and virus concentration. In the resistant cassava varieties TME 4, TME 3 and TMS 96/1089A that recover from begomovirus infection, siRNA was found only in low concentrations in non-symptomatic plant parts. The recovery in resistant cassava varieties did not depend on the virus species or strain as reported earlier, but rather reflected the resistance status of the plant.

The use of RNA silencing for resistance to geminiviruses

SG Ribeiro^{1,2} and M Prins¹: ¹Laboratory of Virology, Wageningen University; ² Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília

In recent years, whitefly-transmitted geminiviruses (Genus *Begomovirus*) have become one of the major constraints to tomato production world wide. To evaluate the use of RNA silencing for the control of geminiviruses, we have created a construct containing coding and non-coding (promoter) sequences derived from *Tomato chlorotic mottle virus* (ToCMoV-[BR]), a major problem for tomato cultivation in Brazil. A ~1500 bp fragment containing the 5' end of *rep* gene, the nested AC4 gene, the entire common (promoter) region and the 5' end of the *cp* gene and nested AC5 gene, was PCR amplified and cloned in a GATEWAY donor vector. Subsequent recombination resulted in the fragment being cloned into a GATEWAY a binary vector downstream of the 35S promoter in an inverted repeat array, spaced by an intron. Forty eight transgenic *Nicotiana benthamiana* plant lines harboring the construct were produced and ten were challenged with ToCMoV-[BR]. When the transgenic lines were mechanically inoculated twice, in a ten days interval, most transgenic lines showed delayed onset of symptoms of at least 8 days, but at 45 days post inoculation, viral DNA could

be detected in most plants. In two lines (19.3 and 24.2) 50% and 40% of the plants were symptomless and in 20% and 30%, respectively, the virus could not be detected. Northern blot analysis of siRNAs showed the presence of transgene-specific siRNAs and an increase upon virus inoculation. Interestingly this occurred in both resistant and susceptible plants. We are currently investigating to what extent post-transcriptional gene silencing (viral mRNA degradation) or transcriptional gene silencing (viral DNA methylation) are responsible for the observed resistance.

Attempts for genetic improvement of resistance of barley to *Barley yellow dwarf virus*

VW Fomitcheva¹, J Schubert¹, A Habekuss², I Saalbach³, U Conrad³ and J Kumlehn³; Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants, ¹Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics and ²Institute of Epidemiology and Resistance, Aschersleben and ³Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, 0 Gatcersleben

In several years barley suffers from dwarfing caused by *Barley yellow dwarf virus* (BYDV). In Germany, PAV is the most spread serotype of this luteovirus. Except tolerance no strongly acting resistance is available and only a limited number of reports exists that resistance was improved genetically applying the principle of pathogen derived resistance. We tried to use two approaches to improve resistance genetically – expression of RNAi and single chain variable fragment antibodies (scFv). The RNAi-constructs have been based on inverted repeats of the 3'-NTR of BYDV-PAV, divided by an intron. The scFv used in these experiments was directed against the GDD domain of viral RNA-dependent RNA polymerases. Among approximately 100 barley clones ('Golden Promise') expressing the RNAi only one was identified which showed a stable symptom tolerance still in T3. Resistant genotypes could not be identified. scFv induced in barley symptom tolerance too, even in T1 generation. The problem consisted in its instability *in planta* – only those clones showed a stable expression which have been based on constructs with a Suc promoter and where the scFv was targeted to the ER (lepB leader, KDEL ER-retention signal). The same holds true for *Nicotiana benthamiana* which revealed delayed virus symptoms after infection with *Potato leafroll virus* and *Potato virus Y*. At the moment homozygous *N. benthamiana* plants are produced to test stability of the scFv-induced resistance.

Single-chain antibodies against a plant viral RNA-dependent RNA polymerase confer virus resistance

K Boonrod¹, D Galetzka^{1,2}, PD Nagy³, U Conrad⁴ and G Krczal¹; ¹Centrum Grüne Gentechnik, RLP AgroScience GmbH, Neustadt, ²Klinikum der Johannes Gutenberg Universität Mainz, Institut für Humangenetik, Mainz, ³Department of Plant Pathology, University of Kentucky, Lexington, USA and ⁴Institute of Plant Genetics and Crop Research Gatersleben (IPK), Gatersleben

Crop loss due to viral diseases is still a major problem for agriculture today. We present a strategy to achieve virus resistance based on the expression of single-chain Fv fragments (scFvs) against a conserved domain in a plant viral RNA-dependent RNA polymerase (RdRp), a key enzyme in virus replication. The selected scFvs inhibited complementary RNA synthesis of different plant virus RdRps *in vitro* and virus replication *in planta*. Moreover, the scFvs also bound to the RdRp of the distantly related hepatitis C virus. T1 and T2 progeny of transgenic lines of *Nicotiana benthamiana* expressing different scFvs either in the cytosol or in the endoplasmic reticulum showed varying degrees of resistance against four plant viruses from different genera, three of which belong to the *Tombusviridae* family. Virus resistance based on antibodies to RdRps adds another tool to the repertoire for combating plant viruses.

Translocation and immunolocalisation of Watermelon chlorotic stunt virus in its vector *Bemisia tabaci* (Genn.)

I Fahmy Farouk¹, D-E Lesemann² and S Winter¹; ¹DSMZ Plant Virus Division, Braunschweig and ²BBA, Dept. of Plant Virology, Microbiology and Biosafety, Braunschweig

To investigate the mechanisms of begomovirus transmission by *Bemisia tabaci*, acquisition and translocation of *Watermelon chlorotic stunt virus*, WmCSV, in the insect was studied. A whitefly transmissible WmCSV isolate from Sudan and 4 non transmissible mutants carrying a single amino acid mutation in the core region of the capsid protein were used for the translocation experiments.

B. tabaci fed on virus infected watermelon plants were transferred to non host plants for virus discharge and subsequently used to infect watermelons. Transmission was taken as evidence for a functional interaction between virions, the gut membrane and the primary or accessory salivary glands. Fresh, dissected organs from viruliferous whiteflies feeding on wild type or mutant virus were examined by PCR to determine the presence of virus. WmCSV was detected in the midgut, hemocoel and salivary glands of *B. tabaci* for the transmissible and the non transmissible virus mutants. How-

ever, in *Trialeurodes vaporariorum* (a non vector of geminiviruses), wild-type WmCSV was detected in the midgut only, thus suggesting that the virus was not capable of crossing the gut wall. In contrast, in *B. tabaci*, the accessory and/or the primary salivary glands apparently present the significant epithelial barrier to virus transmission. Hence, for the begomovirus WmCSV and its whitefly vector, a pathway similar to the luteovirus / aphid translocation is expected. In immunolocalization studies with organs excised from viruliferous insects carrying wild type or non transmissible virus mutants, a specific labelling with WmCSV antiserum was obtained at the microvilli region of the epithelial cells of the gut wall food canal, indicating for putative virus adsorption sites or, for a putative receptor-mediated delivery to the hemoceol. Respective experiments carried out with primary and accessory salivary glands so far did not indicate for specific adhesion/entry sites into these organs.

Recent developments in Augusta disease of tulip in the Netherlands

VP Bijman, AFIM Derks and GJ Blom-Barnhoorn; Applied Plant Research, section Flower Bulbs, Lisse

Augusta disease in tulips is caused by *Tobacco necrosis virus* (TNV). The virus is transmitted by zoospores of *Olpidium brassicae*. The host range of this fungus includes many commonly found weeds such as annual blue grass, annual sowthistle, chickweed, dandelion, shepherd's purse and others. Some of these *Olpidium brassicae* hosts are also hosts of TNV. Damage caused by Augusta disease can be severe in the Netherlands. Disease incidence occurred up to 60% in fields in some years and up to 20 % in flower forcing. There has been a shift in tulip bulb production on sandy soils towards production on heavy clays. Since *Olpidium brassicae* is spread by water and clay soils are more sensitive to standing water, the occurrence and establishment of the disease is enforced. As a common practice in certain areas, bulbs are grown on soils, which have been in pasture for a period of circa 6 years. These pastures are a favourable environment to enhance the spread of *Olpidium brassicae*. The influence of soil type, plant debris and planting time are examined. The addition of *Pseudomonas* to the bulb dipping bath with fungicides leads to a significant decrease of Augusta. Preliminary results suggest that incorporating Sarepta mustard in the soil might prevent the occurrence of Augusta disease. Several other crops are currently under investigation. The fungus *Olpidium brassicae* can be detected with the aid of PCR in soils and in closed water supply systems. These methods will be applied in epidemiological studies.

Identification of viroids occurring in tomato and potato, and consequences for testing

AW Werkman, JThJ Verhoeven, CCC Jansen and JW Roenhorst; *Plantenziektenkundige Dienst, Wageningen*

Over the last decades, viroids have been occasionally detected in samples of tomato and potato at the Plant Protection Service in the Netherlands. In tomato the viroid infections concerned commercial greenhouses both in the Netherlands and abroad. In potato all viroid infections have been detected during post-entry quarantine testing of imported breeding material. The viroids found in tomato were identified as *Citrus exocortis viroid* (CEVd), *Columnnea latent viroid* (CLVd), *Potato spindle tuber viroid* (PSTVd) and *Tomato chlorotic dwarf viroid*. All viroids from potato were identified as PSTVd. The biological characteristics of CEVd, CLVd and PSTVd from tomato were studied by mechanical inoculation of young plants of tomato and potato under greenhouse conditions. Inoculation of tomato resulted in growth reduction as well as distortion and chlorosis of younger leaves. In potato only tubers showed symptoms. Planting these tubers in the field resulted in severely stunted plants, tubers of poor quality and significant lower yields. The severity of the symptoms and yield losses differed between the viroid isolates tested. Since PSTVd has a quarantine status in the European Union, the question arose whether the status of the other viroids should be reconsidered. Therefore, the risks of CLVd, appearing the most harmful viroid, will be evaluated and used for national and international discussions about the potential risks and future measures on these viroids. With regard to testing, it is advised to use a broad-spectrum method (e.g. R-PAGE) for initial screening, and subsequent sequence analysis for identification. In cases of outbreaks, when the identity of the viroid isolate is known, and large numbers of samples have to be tested molecular methods (e.g. real-time RT-PCR) are more suitable.

NeRVN, a new tymovirus with a genomic RNA having a histidylatable tobamovirus-like 3'end

S Barends¹, R Koenig², AP Gulyaev³, D-E Lesemann², HJ Vetten², S Loss² and CWA Pleij¹; ¹Leiden Institute of Chemistry, Leiden University, ²Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Braunschweig, ³Institute of Biology, Leiden University

The complete nucleotide sequence has been determined for the genomic RNA of the new *Nemesia ring necrosis virus* (NeRVN) which is widely

spread in various ornamental plant species belonging to the *Scrophulariaceae* and *Verbenaceae*. Judged from its gene content, the folding properties of its 5' untranslated region and from in vitro translation experiments, NeRNV RNA is a typical tymovirus RNA. Its 3' end, however, differs greatly from those of the valine-specific tymoviral RNAs which have been analysed previously. It can be folded into an upstream pseudoknot domain (UPD) and a histidine-specific tRNA-like structure (TLS), a combination which so far has been found only for tobamoviral RNAs. The identity elements found in NeRNV RNA for the recognition by yeast histidyl-tRNA synthetase are more similar to those of yeast tRNA^{His} than the ones found in *Tobacco mosaic virus* (TMV) RNA. As a result NeRNV RNA can be charged with histidine even more efficiently than TMV RNA.

Identification and detection of a closterovirus from carrot in Germany

W Menzel, D-E Lesemann and HJ Vetten; Federal Research Center for Agriculture and Forestry, Institute for Plant Virology, Microbiology and Biosafety, Braunschweig

Following dsRNA isolation from a stunted and chlorotic carrot plant growing in a seed propagation plot near Bingenheim, Hessen, Germany, a complex pattern of dsRNA bands was obtained. Since one of the dsRNAs had a notably high molecular weight, it was used as starting material for random RT-PCR, cloning and sequencing. Several clones were obtained which shared sequence similarity with viruses of the genus *Closterovirus*. A stretch of about 12,000 nucleotides comprising the complete 3' half of the genome of the carrot closterovirus (CCV) was sequenced and analysed. Based on the *hsp70h* gene, which is commonly used for illustrating relationships in the family *Closteroviridae*, CCV is most closely related to *Beet yellow stunt virus* and *Beet yellows virus*, with which it shares *hsp70h* amino acid sequence similarities of 49% and 48% respectively. Moreover, CCV has a genomic organisation characteristic of the genus *Closterovirus* and, thus, can be confidently assigned to the genus *Closterovirus* of the family *Closteroviridae*. In attempts to develop a serological detection method for CCV, the major coat protein (CP) gene of CCV was expressed in *E. coli* and the resulting protein preparation was used for polyclonal antibody (PAb) production in a rabbit. These PAbs allowed visualisation of numerous closterovirus-like particles by immunosorbent electron microscopy. CCV particles had a normal length of 1600 nm and a width of 12 nm. In Western-blot experiments, the PAbs reacted with a protein band of about 25 kDa which was only present in CCV-infected but not in non-infected carrot plants. PAbs also permitted sensitive detection of CCV in field carrot samples by DAS-ELISA. A refer-

ence sample of *Carrot yellow leaf virus* (CYLV) from the Netherlands also gave a strong Western-blot reaction with the PABs to CCV CP. Therefore, we regard CCV as a German isolate of CYLV, the only known closterovirus infecting Apiaceae.

A new strain of *Cowpea mild mottle virus* infects French bean in Spain and Morocco

JThJ Verhoeven¹, JW Roenhorst¹, CCC Jansen¹, R Miglino², AR van Schadewijk², E Segundo³, IM Cuadrado³ and D Janssen³ :¹Plant Protection Service, Wageningen, ²Bulb Inspection Service, Lisse and ³Dirección General de Investigación y Formación Agraria, El Ejido, Spain

In Spain recently two new virus diseases in French bean (*Phaseolus vulgaris*) have been reported, caused by *Southern bean mosaic virus* (SBMV, Verhoeven et al., 2003) and bean yellow disorder virus BnYDV, Segundo et al., 2004), respectively. During autumn 2003, another disease turned up. Pods of infected plants showed necrotic spots at the time of harvesting, while obvious leaf symptoms were not observed. The symptoms did not correlate with SBMV, BnYDV or any other virus from Spain. In addition, at the same time similar symptoms were observed in Morocco. From the symptomatic pods a virus could be transmitted mechanically to *Arachis hypogaea*, *Nicotiana occidentalis*-P1, *Pisum sativum* 'Kelvedon Wonder', *Phaseolus vulgaris* 'Dubbele Witte zonder draad' and *Vigna unguiculata* 'Black Eye'. In addition, it was transmitted to French bean by the tobacco whitefly (*Bemisia tabaci*). Using electron microscopy slightly flexuous filamentous particles with a length of about 615 nm typical for a carlavirus were observed. In DAS-ELISA both infected plants and viruliferous whiteflies reacted positive with an antiserum to *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV). The involvement of a carlavirus was further substantiated by RT-PCR with carlavirus-specific primers (Badge et al., 1996) yielding amplicons of the expected size. By using different primers part of the coat protein gene was sequenced for both a Spanish and a Moroccan isolate. Sequence analysis and comparison of deduced amino acid sequences with gene bank data revealed that both isolates are closely related (identity 99.4%) and show highest identity with the two sequenced cowpea isolates of CPMMV in the NCBI Genbank. The amino acid sequence identities with these cowpea isolates, however, varied between 91 and 95%. Therefore, it is proposed to consider the bean isolates from Spain and Morocco as a separate strain of CPMMV. To correlate the identified virus to the symptoms in French bean, five isolates were mechanically inoculated onto four bean varieties. In two varieties necrotic spots appeared

on the pods for all isolates, while obvious leaf symptoms did not occur in any combination. These results indicate that this new strain of CPMMV caused the necrotic spots on the pods of the originally infected plants.

A new bunyaviral-type plant virus is associated with the ringspot disease of European mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.)

HP Muehlbach, N Mielke, W Benthack and N Schlatermund; Biocenter Klein Flottbek and Botanical Garden, University of Hamburg

European mountain ash trees (*Sorbus aucuparia* L.) in Germany suffer from ringspot and mottling symptoms on leaves and from a gradual decay in general. We could isolate double stranded RNA (dsRNA) from symptomatic tissue, which indicates RNA virus infection. Cloning and sequencing of putative viral RNAs allowed the characterization of a new virus associated with the mountain ash disease. Fractions of dsRNA were extracted by column chromatography. A characteristic pattern of dsRNA of approximately 7 kb, 2.3 kb, 1.5 kb, and 1.3 kb, respectively, was found in leaf samples of symptomatic mountain ash trees from various sites in Germany. No dsRNA was detected in asymptomatic trees. By random primed reverse transcription, DOP-PCR (degenerate oligonucleotide primed PCR), cloning and sequencing, dsRNA-specific cDNA fragments were obtained. Using 5'-RACE analyses, modified by biotin labelling and magnetic separation, longer cDNAs could be enriched. With our cloning strategy a cDNA of 7.0 kb in length was obtained first. The corresponding RNA harbours one ORF with homology to the RNA dependent RNA polymerase (RdRP) of members of the family *Bunyaviridae*. It shows all conserved sequence motifs of the bunyaviral RdRP and also the typical terminus sequences at its 5'- and 3'-end. Primers derived from the terminus sequences allowed the subsequent identification of three further RNAs of 2.3, 1.6 and 1.3 kb. The corresponding ORFs encode a putative glycoprotein precursor, a putative nucleocapsid protein, and a protein of unknown function. *In situ* hybridization studies using digoxigenin labelled riboprobes for the viral RNA 1 and RNA 3 showed a scattered pattern of virus accumulation in the mesophyll of mountain ash leaves. The dsRNA pattern, the sequence information and the present image of the viral genome organisation strongly indicate that a new plant RNA virus with similarity to the *Bunyaviridae* is associated with the mountain ash ringspot disease.

Natural variation in *Pepino mosaic virus*

RAA van der Vlugt¹, C Cuperus¹, A Dullemans¹ and CCMM Stijger^{2, 1} Plant Research International BV, Wageningen and ²Applied Plant Research, Naaldwijk

In 1999 *Pepino mosaic virus* (PepMV), a member of the potexvirus genus, was diagnosed in Dutch glasshouse tomatoes. Since then the virus has established itself in Europe and many other countries worldwide. Comparison with the original PepMV, first and last described in 1980 from pepino plants (*Solanum muricatum*) from Peru, showed reproducible biological and molecular differences. These differences lead to the conclusion that the isolates from tomato should be considered a distinct strain of PepMV. Most tomato isolates appear very similar both in biological and molecular properties. However differences in symptom development and severity on PepMV infected tomato plants in different European countries and different growing conditions have been reported. This has led to some controversy over the phytosanitary status of the virus. Since 1999 the virus has become widespread in the Netherlands as in some other European countries. This is partly due to the easy spread through infected fruits that contain high concentrations of the mechanically transmitted virus. Generally the virus causes only mild symptoms under Dutch conditions. However, more serious symptoms on fruits and plants have been reported sporadically. To investigate the variability of the virus and possible correlations with presence or absence of symptoms a large number of isolates from different greenhouses were collected and investigated. Detailed comparisons between these isolates, the original tomato and pepino isolates and other deviant PepMV isolates will be discussed.

Sequence analysis of a serogroup IV tospovirus isolated from *Lycopersicon esculentum* in Thailand

D Knierim, R Blawid and E Maiss; University of Hannover, Institute of Plant Diseases and Plant Protection, Hannover

Tomato plants (*Lycopersicon esculentum*) cultivated at the Asian Institute of Technology (AIT) in Thailand showed symptoms typical for a tospovirus infection. Serological tests revealed no reaction with an antiserum specific for tospoviruses of serogroup I, II and III (TospoBroadRange; Loewe ® No.07507). However, antibodies specific for tospoviruses of serogroup IV (AGDIA® SRA 61500) strongly reacted with saps of infected plants. The main objective was to determine the nucleotide sequences of the serogroup IV tospovirus. The tospovirus was mechanically transmitted to *Nicotiana benthamiana* and *Lycopersicon esculentum* cv. Lizzy plants. Total RNA was

extracted and RT-PCR using primer J13 (CCCGGATCCAGAGCAAT), with conserved eight terminal nucleotides found in all tospovirus RNA termini (underlined) was used together with primers designed from conserved regions of serogroup IV tospoviruses. Six PCR fragments from the RNA ends were generated, cloned and sequenced. Additional amplification and cloning steps were performed with primers located in the determined regions to complete the sequences. From the M- and L-RNA PCR-fragments of about 4000 nt were amplified with the Phusion™ high-fidelity DNA polymerase (Finnzymes). The L-RNA comprises of 8912 nt and codes for the RNA-dependent RNA-polymerase. Two ORFs are located on the M-RNA (4823 nt) encoding the Nsm protein and the viral glycoprotein precursors (G1/G2) separated by an intergenic region of 433 nt. ORFs coding for NSs- and N-protein were identified on the S-RNA. However, the sequence of the S-segment intergenic region has still to be confirmed. The N-protein showed with 92.7% the highest amino acid sequence similarity to the recently described *Capsicum chlorosis virus* (CaCV, AY036058). A sequence similarity of 84.4% was found to *Groundnut bud necrosis virus* (GBNV, NC_003619) and of 85.5 % to *Watermelon silver mottle virus* (WSMoV, NC_003843). According to these findings we consider the new tomato infecting tospovirus from Thailand as an isolate of CaCV, tentatively named as CaCV-AIT.

Evidence for the occurrence of three nanovirus species infecting faba bean in Ethiopia

A Abraham^{1,2,3}, M Varrelmann² and HJ Vetten¹; ¹Federal Research Center for Agriculture & Forestry, Institute for Plant Virology, Microbiology & Biosafety, Braunschweig, ²Institute for Plant Pathology and Protection, University of Göttingen ³Ethiopian Agricultural Research Organization, National Plant Protection Research Center, Ambo, Ethiopia

When 299 symptomatic faba bean samples collected in Ethiopia in 2002 were serologically tested using broad-spectrum monoclonal antibodies (MAbs) to *Faba bean necrotic yellows virus* (FBNYV), 73 (24.4%) samples gave ELISA-positive reactions. Further serological analysis of the positive samples with eight discriminating MAbs revealed contrasting epitope profiles that were categorized into at least three groups designated serotypes A, B, and C. Serotype A appears to be prevalent throughout the country as it was detected in 62 (85%) of the 73 ELISA-positive samples whereas serotypes B and C were found only in few samples from southern Ethiopia. Serology and sequence analysis of the coat protein (CP) and U1 genes of serotype A, B and C isolates indicated that they might represent distinct nanovirus species.

Serotype A was similar to the previously described, atypical 'FBNYV' isolate from Holetta, Ethiopia, for which the name Faba bean necrotic stunt virus (FBNSV) has been proposed. CP, M-Rep, U1 and U2 gene sequences of a serotype B isolate resembled those of typical isolates of FBNYV from Egypt and Syria, providing first evidence for the occurrence of FBNYV (*sensu strictu*) in Ethiopia. Serotype C isolates appeared to be serologically most distinct from typical FBNYV isolates. Therefore, all 8 genomic ssDNAs of a representative serotype-C isolate (Eth-231) were sequenced. The individual DNAs of Eth-231 ranged in size from 972 to 1002 nts and had only one major ORF potentially encoding proteins of 12 to 33 kDa. Eth-231 shared overall nucleotide and amino acid sequence identities of only $\leq 70\%$ and $\leq 74\%$, respectively, with FBNYV, FBNSV, and other nanoviruses. Moreover, DNA-C of Eth231 is very distinct in nucleotide sequence and encodes a Clink protein that lacks the typical LXCXE motif required for cell-cycle regulation. Our data strongly suggests that Eth-231 represents a new nanovirus species for which the name Faba bean yellow leaf virus is proposed.

Investigations on *Citrus tristeza virus* (CTV) and its occurrence in citrus orchards in arid and semi arid zones of Sudan

M Abubaker¹, S von Bargaen¹, M Bandte¹, S Elhassan² and C Büttner¹; ¹ Institute for Horticultural Sciences, Department of Phytomedicine, Humboldt-Universität zu Berlin and ²University of Khartoum, Sudan

Citrus tristeza virus (CTV) often causes quick decline and death, or stem pitting a, reduced vigour and longevity. Yields in susceptible varieties are shortened, hence CTV is considered as a serious threat to the citrus industry worldwide. In Sudan all citrus trees are grafted mainly on sour orange rootstock and this yields a CTV-susceptible combination with scions of sweet orange, mandarin, grapefruit and others. CTV is a serious problem because it is readily transmitted by infected budwood and is also spread by several species of aphids. Up to now, there was no serious work in the diagnosis of citrus viruses occurring in the Sudan by other methods than visual inspection. During the trials to detect CTV in the Sudan a survey was initiated in 2003 and 2004. Fresh leaf material was collected from CTV suspected trees accompanied by tissue printing on nitrocellulose membranes. CTV was detected successfully in thirteen printed samples using a mixture of specific monoclonal antibodies (3DF1 and 3CA5, Plant Print Diagnostics S.L.) originating mainly from orange trees but were collected from different orchards. In two cases also a mandarin and a lime tree respectively reacted positive in

this serological assay. In a nested RT-PCR approach starting from RNA, extracted from fresh leaves, from ten samples a specific PCR product was amplified, substantiating the presence of CTV in four trees (three orange, one lime tree), which were presumably tested positive by tissue print. Cloning and sequencing of specific PCR products will authenticate the presence of CTV in Citrus trees in Sudanese orchards.

Differentiation of *Cucumber mosaic virus* isolates by hybridisation to oligonucleotides in a microarray format

Deyong Zhang¹, P Willingmann¹, C Heinze¹, G Adam¹, M Pfunder², B Frey² and J Frey²: ¹Biocentre Klein Flottbek, Department of Phytomedicine, University of Hamburg and ²Agroscope FAW Waedenswil, Department of Plant Protection, Molecular Diagnostics Laboratory, Swiss Federal Research Station for Horticulture, Waedenswil

We have aimed for the development of a method necessary for diagnostic chips to detect and differentiate viral nucleic acids in a general way. The microarray system was developed with *Cucumber mosaic virus* (CMV) as model system which consists of serogroups and subgroups. The coat protein genes of 14 different isolates were amplified using Cy-3-labelled generic but species-specific primers. These amplicons were hybridised against a set of five different serotype and subgroup specific 24-mer oligonucleotides bound to an aldehyde-coated glass slide via an aminolinker. The results of the hybridisation revealed that the method allowed a clear differentiation of the 14 different CMV isolates into the serogroups 1 and 2, and in addition was able to assign 9 out of 10 different serogroup 1 isolates correctly into subgroups 1a and 1b. This differentiation was not possible by RFLP analysis with the restriction enzyme MspI. The use of amplicons larger than 700 base pairs and their successful differentiation by hybridisation to specific oligonucleotides opens avenues to highly parallel, yet sensitive assays for plant viruses, either after a general PCR amplification or even after in vitro labelling of total nucleic acid extracts.

Characterisation of *Cherry leaf roll virus* (CLRV) isolates from different host plants

K Rebenstorf¹, J Gentkow¹, C Obermeier², T Candresse³, S von Bargaen¹ and C Büttner¹: ¹Institute for Horticultural Sciences, Department of Phytomedicine, Humboldt-Universität zu Berlin, ²Warwick HRI, Wellesbourne, ³UMR GD2P, INRA and Université Bordeaux 2

Cherry leaf roll virus (CLRV) is a widespread pathogen of woody plants in Germany and throughout the European community. It has been detected also

in a limited number of herbaceous plants, e.g. rhubarb (*Rheum rhabarbarum* L.). CLRV has been reported to be of economical importance in European walnut plantations. In recent years it has been causing reduced yields in cherry trees in the United States, if occurring in mixed infections with *Prunus necrotic ringspot virus* or *Prune dwarf virus*. Sixty-three CLRV isolates from seventeen different host plant species were characterized on molecular and serological level. Phylogenetic analysis of a 280 bp fragment in the 3' non-coding region of the viral genomic RNA revealed six different isolate groups corresponding to their original host plant species. Also coat protein sequences of CLRV strains were compared leading to similar groupings. Furthermore clustering of CLRV variants based on viral sequence parts, resembled arrangement, based upon serological reactivity of isolates using a set of polyclonal and monoclonal antibodies. Results suggest, that the significant variability of CLRV strains and their association with certain host plant species is due to the natural mode of transmission of the virus by pollen and seed which presumably limits efficient cross-species transmission, leading to rapid genetic isolation and adaptation of CLRV variants to particular host species.

Molecular characterization of *Vicia cryptic virus*

R Blawid and E Maiss; Institute of Plant Diseases and Plant Protection, University of Hannover

The nucleotide sequences of the RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) and the coat protein (CP) of *Vicia cryptic virus* (VCV) were determined from RT-PCR derived cDNA clones. For this purpose dsRNA was purified from *Vicia faba* cv. "The Sutton" leaves and a RT-PCR fragment of 227 bp was amplified using oligonucleotides according to a published sequence in the GenBank (Y09237) coding for a part of the VCV RdRp. After cloning and verification of this sequence ten additional cloning steps were performed to determine the missing sequence of the RdRp. A primer specific to the non coding region of the dsRNA of VCV RdRp together with random primers were used to obtain the non coding region of the dsRNA with the putative CP region. It was demonstrated that the 5'-ends of the genome are conserved as in many other viruses of the *Partitiviridae*. Seven additional cloning steps were performed to determine the whole CP nucleotide sequence. The 5'- and 3'-ends of the dsRNAs were determined by a modified RACE approach. Sequence analysis revealed one large open reading frame (ORF) for each dsRNA. The larger dsRNA comprises of ~2000 bp with an ORF (nt 93-1940) coding for a putative RdRp with 616 amino acids (aa). The smaller dsRNA

consists of ~1800 bp with an ORF (nt 119-1579) encoding a putative CP with 487 aa. Both sequences show high homology on amino acid level to the RdRp and CP of *White clover cryptic virus* (WCCV), respectively. In addition, some conserved motifs observed in RdRps of some ssRNA and dsRNA viruses were also identified in the RdRps of VCV and WCCV.

A new potyvirus causing flower breaking in *Begonia semperflorens*

I Bouwen and R van der Vlugt; Wageningen University and Research Centre, Plant Research International BV, Wageningen

Flower colour breaking was found in red and pink flowering cultivars of *Begonia semperflorens*. The leaves of plants with these flower symptoms sometimes showed a vague mottling. After testing plant material in ELISA for the presence of different viruses there was only a positive reaction with a general monoclonal directed against potyviruses. Examination of crude extracts of leaves and flower petals in the electron microscope revealed no virus particles. It was also not possible to transmit a virus mechanically to indicator plants. The extreme low pH of the plantsap (i.e. pH 2) possibly plays a negative role in these experiments. However, the virus could be transmitted mechanically to virus-free *B. semperflorens*. Molecular characterisation was more successful. Total RNA from an infected plant was subjected to a RT-PCR procedure using degenerate potyvirus-specific primers (Van der Vlugt *et al.*, 1999). A 653 nt. cDNA-fragment covering the C-terminal part of the viral coat protein (CP) and the 3' non-translated region (3'NTR) was obtained and cloned. The sequence was compared with other viral sequences present in the NCBI database. The CP and 3'NTR nucleotide sequences showed a maximum of 73% and 46% homology with potyvirus sequences present in the database. This suggests that the begonia potyvirus represents a hitherto unidentified potyvirus. For this new potyvirus found in *B. semperflorens* the name Begonia flower break virus is proposed.

High frequency silencing of multiple targets using a single inverted repeat construct

E Bucher, RW Goldbach and MW Prins; Laboratory of Virology, Wageningen University

The use of RNA silencing has become the tool of choice for gene knock-downs in plants and many other organisms. The discovery that double-stranded RNA (dsRNA) is a very good trigger for RNA silencing is the key element in this technology. By arranging transgenes as inverted repeats (IRs),

which result in the production of dsRNAs after transcription, it is possible to obtain almost complete repression of the expression of homologous RNAs. So far, due to the high sequence specificity of RNA silencing, this technology was limited to the targeting of single genes only. We here show a new tool that enables the knock-down of at least four genes using a single, relatively small transgene. We demonstrate this by producing plants expressing a minimal-sized IR cassette containing the sequences of four related tospoviruses. The expression of these cassettes rendered these plants immune against infection with all four viruses. This work shows that by combining a large number of small parts of genes high frequency multiple knock-down constructs can easily be made.

Construction and agroinfection of a *Potato virus M* full-length clone

S Flatken and E Maiss; Institute of Plant Diseases and Plant Protection, University of Hannover

The aim of this study was the construction of a *Potato virus M* (PVM; German isolate) infectious full-length clone, which can be used in future to evaluate PVM resistance. Naturally the Carlavirus PVM infects *Solanum tuberosum*. The positive-single-stranded RNA genome of about 8500 nts is encapsidated by coat protein subunits, which form filamentous particles. Total RNA was extracted from PVM infected *Nicotiana glauca* plants. Synthesis of cDNA with viral specific primers and subsequent PCR revealed two DNA fragments of about 5500 bp and 3000 bp, representing the 5'- end and the 3'- end of the PVM genome, respectively. In a second step, these fragments were cloned in succession into a plasmid, containing an enhanced 35S *Cauliflower mosaic virus* (CaMV) promoter and the CaMV termination signal. Briefly, the larger fragment was cloned downstream of the 35S CaMV promoter, followed by introduction of the smaller fragment. The sequence of the entire PVM German isolate was determined from the full-length clone and compared with sequences of PVM isolates from Russia, Poland and China. The entire cassette consisting of the 35S promoter, the PVM genomic sequence and the termination signal was subcloned into the modified binary vector (pBIN19SN) and electroporated into *Agrobacterium tumefaciens*. Particle bombardment and agroinfection was performed with the PVM full-length clone in *N. glauca*. In addition agroinfection was done in *Nicotiana benthamiana* and *Lycopersicon esculentum* cv. Lizzy plants to test the infectivity. Plants inoculated by particle bombardment revealed neither virus symptoms nor PVM. However, all test plant species were successfully agroinfected. Three weeks after inoculation virus symptoms were observed in *N.*

hesperis and PVM particles were detected by electron microscopy. In addition PVM coat protein was shown by ELISA as well as by Western-Blot and PVM-RNA was amplified by Reverse –Transcriptase – PCR.

Characterisation of proteins involved in translocation of the geminivirus *Watermelon chlorotic stunt virus* in its vector *Bemisia tabaci* (Genn.)

A Gadelseed¹, I Abdullahi¹, GA Dafalla² and S Winter¹: ¹DSMZ Plant Virus Division, BBA, Braunschweig and ²Plant Pathology Center, Fac. of Agric. Sci, Gezira University, Wadmedani, Sudan

Begomoviruses rely on *Bemisia tabaci* vector insects for horizontal transmission. For this process, the virus passages the vector by crossing the midgut and the salivary glands (PSG & ASG) representing epithelial barriers for vector translocation. At each barrier, the transcytosis (endocytosis/exocytosis) event is believed to be based on a receptor-mediated mechanism where vector receptors interact with virions. To investigate the biochemistry of whitefly vector / begomovirus interaction leading to successful virus transmission, proteins extracted from *B. tabaci* insects were reacted with purified WmCSV protein preparations. Upon SDS-PAGE of total *B. tabaci* protein extracts followed by virus overlay assay (far western analysis), five polypeptide species, 63, 51.3, 29.5, 26.3, and 25.7 kDa, were identified specifically reacting with purified WmCSV. None of these proteins reacted with preparations of a purified tombusvirus or with antibodies against the 65 kDa GroEl protein, a protein produced by insect endosymbiotic bacteria often found in *B. tabaci* and also implicated in virus transmission. Similar proteins to those from *B. tabaci*, were also identified in non vector insects (*Trialeurodes vaporariorum* and *Aphis craciphora*), however, the 29.5 and 26.3 kDa protein reactions were only found in *B. tabaci*. Using differential protein purification protocols, soluble and membrane bound whitefly proteins were purified, separated by 2D electrophoresis and analysed in far western assays. Protein spots of the insoluble protein fractions separated by 2D electrophoresis and characterised by a specific reaction in far western analysis with WmCSV virion preparations, were further subjected to in-gel trypsin digestion and analysed by mass spectrometry and MS-MS mass measurement in Q-TOF. Results of the preliminary protein analysis will be presented.

Biological and molecular characteristics of different *Cherry leaf roll virus* (CLR) isolates

J Gentkow, K Rebenstorf, S von Bargen and C Büttner; Institute for Horticultural Sciences, Department of Phytomedicine, Humboldt-Universität zu Berlin

Cherry leaf roll virus (CLR) is a pathogen spread throughout the world. Its hosts are mostly woody plants like cherry (*Prunus avium*), walnut (*Juglans regia*) and elderberry (*Sambucus spec.*) but also some herbaceous plants like rhubarb (*Rheum rhabarbarum L.*) can be infected. As CLR is being spread mainly through seed or pollen, the natural transmission of the virus is presumably restricted to one host plant species in most cases. CLR is taxonomically classified within the Family *Comoviridae*, Genus *Nepovirus*, Subgroup C due to its non-enveloped, icosahedral shaped virions which are 28 nm in diameter and its bipartite genome organisation of linear positive-sense ssRNA with a 1,5 kb long non-coding region at the 3'-end of RNA2. Ten isolates of CLR from different host plants were analyzed by serological and molecular methods. For DAS-ELISA and IC-RT-PCR a polyclonal antiserum against purified CLR particles of an isolate derived from black elderberry was raised. Using this polyclonal antiserum not all tested CLR isolates were detectable, confirming the serological divergence of CLR strains from different woody hosts. Purified virus preparations were analyzed by SDS-PAGE revealing no significant differences in coat protein size. Viral nucleic acids were separated by Agarose-gel-electrophoresis. In native RNA gels some of the CLR isolates showed slight variations in length of both viral genomic RNAs. To evaluate the genome size of CLR strains some isolates were separated under denaturing conditions and compared with a RNA standard marker. The RNA1 of CLR isolates are approximately 8.2 kb long whereas the RNA2 are between 6,7-6.9 kb in length.

Large-scale application of real-time RT-PCR for testing *Potato spindle tuber viroid* in potato

JW Roenhorst¹, CCC Jansen¹, LFF Kox¹, EG de Haan², GW van den Bovenkamp², N Boonham³, T Fisher³ and RA Mumford³; Plant Protection Service, Wageningen, ²NAK, Emmeloord and ³Central Science Laboratory, Sand Hutton, York, North Yorkshire

Recent outbreaks of *Potato spindle tuber viroid* (PSTVd) in potato (*Solanum tuberosum*) and tomato (*Lycopersicon esculentum*) in different European countries have highlighted the need for a reliable method appropriate for large-scale testing for this viroid. Currently, methods for the detection of PSTVd can be rather laborious, difficult to reproduce and/or can give false

results. The real-time RT-PCR protocol developed by Boonham et al. (Journal of Virological Methods 116, 139146, 2004) performed extremely well in a recent ring test, comparing different PSTVd detection methods in several laboratories. In addition, real-time PCR technology has proved suitable for highthroughput testing. Therefore, this method was chosen as the starting point for the development of a protocol for the large-scale testing of potato. The initial experiments focused on the specificity of the primers and probes with regard to different isolates of PSTVd and other (pospi-) viroids. Further experiments performed with leaf material concerned sampling position, growing-on temperature and bulking rate. In addition, different grinding and nucleic-acid extraction methods were compared. To monitor false negatives and positives, different controls were included. The final protocol was tested using a hundred samples from the Dutch potato monitoring programme. Future plans include the development of a protocol for direct tuber testing and inter-laboratory ring testing of the protocols.

Multiple infections of commercial Poinsettia

H Jeske, M aus dem Siepen, B-J Koo, JO Pohl and C Wege; Institute of Biology, Department of Plant Molecular Biology and Virology, University of Stuttgart

Commercial Poinsettia (*Euphorbia pulcherrima* Willd.) are frequently infected by three agents, a beneficial phytoplasm and two viruses which were formerly named Poinsettia mosaic virus (PnMV) and Poinsettia cryptic virus, and classified as tymo- and cryptic virus, respectively. The sequence analysis of both viruses requires a revision of the taxonomy now which may have important implications for quarantine measures in greenhouse propagation of Poinsettia. PnMV is more closely related to marafiviruses than to tymoviruses. The second virus (now named Poinsettia Latent virus, PnLV) showed an unprecedented hybrid genome structure combining the first two thirds of a polerovirus - providing functions for replication - and one third of a sobemovirus coding for the coat protein. The extreme 5' and 3' ends which harbour the putative origins of replication resemble those of poleroviruses. Whereas marafiviruses are transmitted by leafhoppers, sobemoviruses may be spread via soil and watering, a route which would explain the frequent re-occurrence of the Poinsettia viruses in plant material that had been tested virus-free before. Under these perspectives much more care should be taken in greenhouses to prevent mechanical dissemination than with the assumption of a cryptic virus. Since PnMV frequently re-occurred together with PnLV - even in quarantine facilities - it may be interesting to search for a genetic dependence of both viruses in future.

TMV coat protein: Expression, *in vivo* self assembly and mutagenesis

A Kadri, H Jeske and C Wege; Department of Molecular Biology and Virology of Plants, Institute of Biology, Universität Stuttgart

The bi-directional self-assembly of *Tobacco mosaic virus* (TMV) has been studied extensively *in vitro*. The ability of TMV to assemble *in vitro* and, more important, *in vivo* provides an attractive tool to protect transcripts for a multiplicity of applications. In addition, the resulting virus-derived tubes are used for the production of novel composite materials in nanotechnology. We were able to obtain TMV coat protein expression in *E. coli* and, for the first time, in a eukaryotic yeast-based system. TMV components expressed either in bacteria or in *S. pombe* were able to assemble *in vivo* within the respective cells, even without the presence of the TMV origin of assembly, to give particles heterogeneous in length. It is so far unknown and still has to be determined whether these assemblies comprise foreign RNA or not. Furthermore, site-directed mutagenesis resulted in two types of differently modified TMV rods. Histidine-coated particles should selectively direct the binding of metal ions to their outer surface, while a lateral coat protein mutant (E50Q) exhibits enhanced inter-subunit binding stability in order to produce extremely stable rods, even in the absence of RNA. The latter was able to accumulate to high amounts in plants and produced a distinct phenotype. The histidine-coated particles generated from the mutant C'6xHis were successfully produced *in planta*, too, but behaved abnormally.

Investigation of development of infection by soil-borne viruses in cereals

U Kastirr, H Wortmann, F Rabenstein and T Kühne; Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants, Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics, Aschersleben

Epidemiological investigation has been carried out on soil-borne cereal viruses. Particularly, the impact of environmental factors on the infection progress of the two furoviruses *Soil-borne cereal mosaic virus* (SBCMV) and *Soil-borne wheat mosaic virus* (SBWMV) and the bymovirus *Wheat spindle streak mosaic virus* (WSSMV), all transmitted by fungal vector *Polymyxa graminis*, were studied. In the case of SBCMV and WSSMV the roots of susceptible accessions were already naturally infected two months after sowing. Starting from this time point the virus spreads into the shoots. Only after another two months the virus can be detected in leaves. It was demonstrated that the infection rate depends on the efficiency of virus transmission by the virus-vector population, the sowing data, temperature conditions as well as

crop species. Rye became earlier infected than wheat and triticale if sown at the same time. Visual inspection of the field revealed that rye plants showed clear symptoms already early in February whereas wheat and triticale plants developed symptoms later in March. Both furoviruses tolerate a broad temperature spectrum under field conditions and once established infection by these viruses is detectable until the harvest time. In contrast to this, the propagation of the bymovirus WSSMV seems to be restricted to lower temperatures. Consequently, this virus is detected best at the end of February until beginning of April. A survey in the cereal growing regions of Saxony-Anhalt and Lower Saxony revealed that there only SBCMV and WSSMV are spread. There rye cultivars appear to be more heavily infected than different cultivars of wheat and triticale.

Dutch-German cooperations in evaluating species demarcation criteria for tobus- and tymoviruses

R Koenig¹, JThJ Verhoeven², CWA Pleij³ and D-E Lesemann^{1,2} ¹Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Braunschweig, ²Plant Protection Service, Wageningen and ³Leiden Institute of Chemistry, Leiden University

The VIIIth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV) lists biological, serological and molecular properties as species demarcation criteria for tobus- and tymoviruses as well as for many other plant virus genera. In attempts to characterise and classify newly detected tobus- and tymoviruses we have compared the usefulness of the various species demarcation criteria for these viruses. Five new tobusvirus isolates all from the same natural host, i.e. commercially grown statice (*Limonium sinuatum*) from various parts of the world, were more or less indistinguishable in limited host range studies, but by means of immunoelectron microscopy they were readily distinguished and four of them could be assigned to various known tobusviruses. Coat protein sequence comparisons indicated that none of them was exactly identical to one of the previously described viruses. - In the genus tymovirus total nucleotide and coat protein amino acid sequence identities revealed similar groupings as earlier serological studies. The latter, however, tended to suggest much closer relationships than the molecular data and may fail to recognise a new tymovirus as being distinct. Thus, a new tymovirus (provisionally named Nemesia ring necrosis virus) which is widely spread in commercially grown genera in the Scrophulariaceae and Verbenaceae was serologically barely distinguishable from the earlier described *Scrophularia mottle virus*. Molecular studies, however,

revealed only rather distant relationships to other tymoviruses. Occasional failures of serology to recognize a new tymo- or tombusvirus as being distinct have been observed also by others. For recognising the distinctiveness of new tymo- or tombusviruses molecular criteria are thus more reliable than host range and serological studies. More or less arbitrarily set borderlines between 'new viruses' and 'strains', e.g. on the basis of percentages of sequence identities, have to be defined for individual virus genera by the respective ICTV study groups.

Nuclei instabilities correlated with active rolling circle replication (RCR) and recombination dependent replication (RDR) of Abutilon mosaic virus

B-J Koo and H Jeske; Department of Molecular Biology and Plant Virology, Institute of Biology, University of Stuttgart

Geminiviruses replicate their single-stranded DNA genomes through double-stranded DNA intermediates in plant nuclei using the host replication machinery. It has been known for a long time that geminiviruses multiply using a rolling circle mechanism (RCR). In addition, Abutilon mosaic virus (AbMV) as well as other begomoviruses and curtoviruses replicate via a recombinationdependent replication mode (RDR). Nuclei were isolated from AbMV A and B agro-infected *Nicotiana benthamiana* plants by use of a discontinuous percoll step gradient centrifugation. Every top to bottom fractions were examined by DAPI fluorescence and light microscopy, showing that most of the intact nuclei were present in the 60% percoll fraction. The majority of RCR and RDR intermediates, as analyzed by two-dimensional gel electrophoresis and hybridization, however, were observed in fractions of broken nuclei. No RCR intermediates could be detected in the fraction of intact nuclei. Similarly, BV1 protein, a movement protein encoded by AbMV B was mainly accumulated in the fraction of broken nuclei, as detected by SDS-PAGE and western blotting, whereas the coat protein (AV1) was found in all nuclear fractions. It seems that nuclei instabilities increased upon viral replication and transport, but not during packaging of DNA into virions. These findings are important prerequisites to set up an in vitro system for run-off replication studies.

Identification and characterization of tospoviruses from Iran

A Mehraban, J Saaijer, D Peters, R Goldbach and R Kormelink; *Laboratory of Virology, Wageningen University*

During a survey conducted in two provinces of Iran 5 samples of virus-diseased plant material were collected for further analysis. In all cases large thrips infestations were observed in the outstanding crop. Four samples were collected in Teheran province from tomato, chrysanthemum, gazania and potato, respectively, and one in Gorgan province from soybean. Greenhouse experiments with several indicator plants revealed symptoms typical for tospovirus-infections, and in a few cases tospovirus particles were observed from leaf dip preparations. In subsequent DAS-ELISA experiments none of the samples reacted with TSWV, TCSV, GRSV, INSV, IYSV and WSMV antisera indicating that potential new tospoviruses were involved. Vice versa did none of the known tospoviruses cross react with an antiserum prepared against the Tomato isolate. To further characterize the Iranian tospoviruses, the corresponding nucleocapsid (N) genes were RT-PCR amplified and cloned for nucleotide sequence determination. Alignment of the amino acid sequence of the N protein of all 5 isolates revealed the presence of two tospoviruses with almost 10 % sequence divergence. The samples from tomato, chrysanthemum and gazania were infected with one tospovirus, and soybean and potato with the other. Both tospoviruses could not only be distinguished based on their N protein sequence, but also showed differences in symptomatology on several experimental host plants. For the Tomato isolate the entire S RNA nucleotide sequence has been determined: it contains 3061 nucleotides and shows features characteristic for a tospoviral S RNA. Multiple sequence alignment of the N protein from the tomato isolate with those of other established tospovirus species revealed the highest homology between the Tomato isolate and IYSV (74% identity), indicating that the Tomato isolate should be proposed as a new tospovirus species. Based on the symptoms on tomato fruit the name *Tomato yellow ring virus* (TYRV) is proposed.

Changes in the spectrum of PVY strain groups and their involvement in potato and tobacco diseases

K Lindner¹ and N Billenkamp²; ¹Federal Research Centre for Agriculture and Forestry, Institute for Plant Virology, Microbiology and Biosafety, Braunschweig and ²Landesanstalt für Pflanzenbau Forchheim, Rheinstetten

Potato virus Y (PVY) is a member of the *Potyviridae*, a large and economically important plant virus family. The three major strain groups of PVY are

PVY^O, PVY^C and PVY^N, differentiated by symptoms on tobacco and potato plants. In addition, there have been two new subgroups of PVY^N, PVY^{NTN} and PVY^{NW}, first described in 1984 and 1991, respectively. PVY^{NTN} causes necrotic rings on the surface of potato tubers whereas PVY^{NW} resembles PVY^N in symptomatology on tobacco but has serologically been assigned to strain group PVY^O. During the last 10 years these new PVY^N subgroups have become the prevalent PVY strains in Germany. While in 1997 potatoes were predominantly infected by PVY^O (survey in Bavaria), six years later most of the PVY infections were caused by PVY^N (survey in Germany). More than 90 % of PVY^N infections in 2003 belonged to the PVY^{NTN} subgroup. Results of bioassays also indicated that there has probably been a sharp increase in the proportion of PVY^{NW} among PVY^O infections, although this could not have been confirmed by molecular-genetic assessments, yet. The increasing importance of the subgroups NTN and NW may be a reason for the decline of PVY resistance of potato varieties since the time period of 1988-93. Based on a susceptibility rating system ranging from grade 1 (no susceptibility) to 9 (very high susceptibility), PVY susceptibility increased on average by two grades per variety during the last 11 to 16 years. Although field resistance of some potato varieties against PVY has also been overcome during recent years, extreme resistance to PVY has been durable so far. On the contrary, tobacco varieties carrying the *va* resistance gene have become increasingly infected by PVY in recent years. The PVY isolates that caused the infections on resistant tobacco varieties were shown to belong to the subgroups NTN and NW.

Detection and identification of a novel potexvirus infecting allium by paramagnetic beads ssRNA isolation and one tube RT-PCR assay with a new potexvirus genus primer set

R Miglino, A Jodłowska and AR van Schadewijk; Dutch Flower Bulb Inspection Service (BKD), Lisse

A rapid paramagnetic capture/reverse transcription PCR assay procedure was developed for the detection of viruses from the genus *Potexvirus*. The Potexvirus ssRNA was selectively isolated from plants sap by streptoavidine coated paramagnetic beads coupled to a biotiny labelled *Potexvirus* genus sequence specific primer/probe and then analysed in a one tube RT-PCR assay. An extraction buffer containing cell wall degrading enzymes was used in order to improve the viral detection in bulbs. The RT-PCR assay was performed using a new *Potexvirus* genus specific primer set. Upstream primer Potex 4 and downstream primer Potex 5 were developed on the sequence of

conserved viral replicase–encoding regions. Ornamental *Allium* plants showing diffuse yellow stripes or slight mottle were investigated for virus infection. ELISA and PCR assay showed the presence of a complex of different viruses consisting of *Potyvirus*, *Tobacco rattle virus*, *Tobacco necrosis virus* and a novel (unknown) *Potexvirus*. Sequence analysis of cloned PCR amplicon obtained with the primers Potex 4 – Potex 5, showed an 83% identity with *Clover yellow mosaic virus*. Testing the method on primarily infected plants and dormant bulbs of different *Allium* cultivars has verified the robustness for application in the routine detection of potexvirus infections. Detection, performed in microtiter plates, was rapid, specific, contamination free, reproducible and semiautomated.

The nucleoprotein gene of *Tomato spotted wilt virus* as a tag protein fusion for easy purification and enhanced production of recombinant protein in plants

C Lacorte^{1,2}, D Lohuis¹, R Goldbach¹ and M Prins¹; ¹Laboratory of Virology, Wageningen University, Binnenhaven 11, 6709 PD, Wageningen, and *EMBRAPA-Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF*

Upon infection, *Tomato spotted wilt virus* (TSWV) forms ribonucleoprotein particles (RNPs) that consist of nucleoprotein (N) and viral RNA. These aggregates result from the homopolymerization of the N protein, and are highly stable in plant cells. These properties feature the N protein as a potentially useful novel plant-based protein fusion system. To evaluate this potential, we tested whether the N protein and N protein fusions could be efficiently produced in plants and purified as aggregates, outside the context of viral infection. To this end the N gene was fused to GFP (Green fluorescent protein), either at the amino or carboxy terminus, in a binary vector or in a Potato virus X (PVX) vector. *Nicotiana benthamiana* leaves were infiltrated by *Agrobacterium tumefaciens* transient assay (ATTA) or inoculated with a PVX viral vector. For both expression methods N and N-GFP fusion could be detected by Western blot using antisera against N or GFP. Infiltrated leaves and infected plants expressing N-GFP fusions showed intense fluorescence under UV light. For purification, a standard method used for viral RNPs was used, consisting of two low speed centrifugation steps and one ultracentrifugation on a sucrose cushion. The presence of N and NGFP fusions after this purification was confirmed by Western blot. Purified N-GFP retained its fluorescence, indicating no major changes in protein structure due to the (mild) purification process. These results show that the homopolymerization properties of the N protein can be used as a fast and simple way to

purify large amount of proteins from plants. In further research, the capacity of TSWV N will be tested as an epitope presentation system. As TSWV N assembles in pseudo-RNP structures, it might not face some of the size and conformation constraints of some of the currently available epitope presentation systems.

Characterization and nucleotide sequence of *Grapevine leafroll associated virus-7* (GLRaV7)

C Mikona and W Jelkmann; Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz im Obstbau, Dossenheim

Leafroll is a widespread disease of grapevine causing yield losses of economical importance. Filamentous and phloem-restricted viruses of the family *Closteroviridae* are associated with the disease. Up to now 9 serological distinct viruses are described. They are referred to as *Grapevine leafroll associated virus* -1 to -9 (GLRaV-1 to -9) which appear as single or mixed infections in grapevine. The available partial or complete determined nucleotide sequences confirm the serological characterization so far. GLRaV-7 was isolated as double stranded RNA (dsRNA) from dormant wood of a grapevine of Albanian origin. This isolate referred to as "AA42" displayed a band pattern in gel electrophoresis as known for GLRaV-1 and -3. The first GLRaV-7 specific cDNA clones have been obtained by DOP-PCR. Subsequent cloning was carried out by RT-PCR. Different approaches have been attempted for the determination of the 5'- and 3'- terminal sequences. RACE-PCR with poly(A)-tailing of dsRNA and subsequent RT and PCR with Oligod(T)+anchor and anchor primer, respectively, or RACE-PCR with RT first, subsequent poly(A)-tailing and two polymerase chain reactions with Oligod(T)+anchor and anchor primer, respectively, were carried out. Another attempt with circularization of the viral genome to enable RT and PCR over the 3'/5'-end was abandoned due to no positive results of the control PCR (check if the circularization took place). 14.363 base pairs of the "AA42" nucleotide sequence have been determined so far. Genomic analysis revealed a genome organization as typical for closteroviruses. The putative translation products of the determined ORF sequences were compared to other proteins in the database and showed similarity with translation products of *Little cherry-virus* -1 (LChV-1). Multiple sequence alignment with "Neighbor-Joining-Tree"-generation based on the amino acid sequence of the HSP70 protein confirmed the close relationship between LChV-1 and GLRaV-7, both unassigned members of the family *Closteroviridae*. For accurate characterization of the GLRaV-7 genome terminal sequences have to be completed.

The spread of *Rice yellow mottle virus* in irrigated rice crops

S Sarra^{1,2} and D Peters²; ¹ Institut d'Economie Rurale, Projet Riz Irrigué, Niono, Mali; ² Laboratory of Virology, Wageningen University

Rice yellow mottle virus (RYMV), a sobemovirus, is endemic in Africa, south of the Sahara, and occurs mainly in irrigated rice ecosystems. Infected plants give yellow or orange discoloured rice leaves, a delay in plant growth and reduced tillering. These symptoms result in lower yields, but early infected plants give the highest losses as they fail to set fruit. RYMV is primarily known as a beetle-transmitted virus. A scattered distribution of infected plants and the occurrence of small infected spots might be the result of RYMV spread by beetles. However, various infection patterns can with difficulty be explained by beetle transmission. Small infected spots occur next to field-wide spots (20 m or more in diameter). Completely infected crops are found next to completely healthy crops. Infected plants can be found on untided-land along roadsides, levees and at corners. Severe infections can occur in parcels in which cows have been housed for the night in the contra-season. These observations stimulated us to search for other mechanism by which RYMV could spread in the field. Transplantation of seedbeds with a limited infection resulted in a drastic increase of infected plants in the field. This number increased again sharply 3 to 4 weeks after transplantation due to wind-mediated leaf contact and root-released virus from infected plants as shown in field and greenhouse experiments. Weeding, application of fertilizers may also enhance the number of infected plants. Some infections are caused by cows and donkeys occasionally foraging on rice, and by grass rats gnawing plant on tided land. Mowing an infected crop, and foraging stubble fields enhance the inoculum which can infect the next seedbed by virus released from infected plants when plowed down and other mechanisms such as beetles and rats. Some severe seeded infections can occur when frequented by cows. The spread and epidemiology of RYMV as deduced from our results will diagrammatically be presented.

Identification of viruses in ornamental *Allium* species and control strategies

KTK Pham, MEC Lemmers, PJ van Leeuwen, VP Bijman and AFLM Derks; *Applied Plant Research, section Flowerbulbs, Lisse*

In *Allium giganteum*, the most important ornamental onion grown in the Netherlands, a virus disease occurs showing symptoms of light green to yellow stripes on the leaves, a smaller inflorescence and/or a twisted flower

stem. In earlier research the disease was associated at first with ‘Onion mosaic’ virus (Onion yellow dwarf virus?) and afterwards with increased concentrations of Shallot latent virus (SLV). From 15 stocks grown in different areas, plants with and without symptoms were tested in ELISA for the presence of SLV, Leek yellow stripe virus (LYSV) and potyviruses. SLV was present in all plants tested. In all plants showing symptoms of stripe mosaic a potyvirus was detected which was absent in symptomless plants. The amino acid sequence of the (partial) coat protein of this virus showed less than c. 60% homology with related potyviruses, among which potyviruses known to occur in *Allium* species. As name for this new potyvirus we propose Ornamental onion stripe mosaic virus (OOSMV). In plants with severe stripe mosaic, often in combination with necrotic streaks, LYSV was present as third virus in addition to SLV and OOSMV. OOSMV was also found to be associated with (stripe) mosaic in other ornamental onions (4 out of 7 species and 4 out of 15 cultivars tested). Probably, resistance to OOSMV occurs in some species (e.g. *A. jesdianum* and *A. hirtifolium*) and hybrids, which offers perspectives for resistance breeding. In stocks containing less than c. 6% OOSMV, the virus can be controlled by roguing. In some cases pyrethroid sprays will be helpful in virus control.

Molecular and biological characterization of *Beet mild yellowing virus* and determination of the host plant spectrum by agroinfection

D Stephan and E Maiß; Institute of Plant Diseases and Plant Protection, University of Hannover

The *Beta vulgaris* infecting polerovirus *Beet mild yellowing virus* (BMV) is one causal agent of the yellowing disease complex in sugar beets. Like all members of the family *Luteoviridae* BMV is primarily limited to the vascular tissues of its hosts and transmitted by aphids in a persistent manner. The total nucleotide sequence of a German Polerovirus isolate (BMV-IPP) was determined and used to include BMV in the phylogenetic system. For molecular and biological characterisations a BMV full-length cDNA clone (BMVfl) was constructed. Briefly, four cDNA fragments were combined to a full-length clone under control of an enhanced CaMV 35S-promoter and a ribozyme. The full-length clone was subcloned into the modified binary vector pBIN19 and after electroporation into *Agrobacterium tumefaciens* strains ATHV and LBA4404 plants were agroinfected. BMVfl systemic infections were successfully established by agroinfection in *B. vulgaris*, *Nicotiana benthamiana*, *N. clevelandii*, *Capsella bursa-pastoris* and *Lamium purpureum*. Additionally it was shown that BMV is replicating in epidermal and meso-

phyll cells of agroinfiltrated leaves to a high extent. Agroinfection did not lead to an extension of the BMV host plant spectrum compared to that previously described in the literature and mainly determined by aphid transmission of BMV. Immunological investigation of agroinoculated plant tissues of *N. tabacum* cv. 'Xanthi', *N. occidentalis*, *N. rustica* and *Chenopodium capitatum* revealed local virus infections in infiltrated mesophyll cells. However, in these plant species no systemic BMV infection could be detected. Moreover in some plant species like *N. glutinosa* or *N. edwardsonii* neither infected plant tissue in agroinfiltrated leaf areas nor a systemic BMV spread was detectable. Provided that BMV reaches the phloem tissue in all tested plant species the method of BMV-agroinfection is a easy to use procedure to determine local and systemic infectable, local but not systemic infectable or non-host plants of BMV.

Epidemiological developments in *Potato virus Y*

M Verbeek, RAA van der Vlugt, C Cuperus and PGM Piron; *Plant Research International BV, Wageningen*

Potato virus Y (PVY) is still responsible for important losses in ware potato production and seed potato quality. In the Netherlands a control system is in place that is based on monitoring virus infections in the field and flight data of a selected group of aphids. From these data foliage destruction dates are determined in order to prevent tuber infection. Of the three PVY strains, PVY^O (old), PVY^C (common) and PVY^N (new), PVY^N is generally considered to predominate. However, recent research revealed that PVY^O and PVY^C are more present than generally assumed. Based on earlier research the green peach aphid (*Myzus persicae*) is considered the most efficient vector of PVY. As determined from trap data, the population of *M. persicae* appears to decrease in the Netherlands, however, problems with (primary) PVY infections persist. No data are available on the relative efficiency of PVY transmission of different field isolates (clones) of *M. persicae* or the role of other aphid species. To investigate whether efficiencies of different clones of the major vector of PVY are of the same order or not, potato fields were sampled for *M. persicae* and strains of PVY. Transmission experiments were carried out with the wild and the laboratory clones of *M. persicae* from potato to *Physalis floridana* with two virus strains: PVY^N and PVY^O. A great variability was observed between the aphid clones in transmission efficiency. For example: two clones were not able at all to transmit PVY^O, whereas one clone infected *P. floridana* with PVY^N for 100%. These results indicate a relationship between the origins of *M. persicae* and its capability to transmit *Potato virus Y*.

Expression analysis of potyviral 6K1 in *Nicotiana benthamiana*

A Waltermann and E Maiss; Institute of Plant Disease and Plant Protection, University of Hannover

Plum pox virus (PPV) belongs to the genus *Potyvirus* within the family *Potyviridae*. The viral genome is of positive polarity and contains one large open reading frame (ORF). Translation of the ORF results into a polyprotein of approximately 355 kDa. Cleavage of the polyprotein into mature viral proteins has been shown by *in vitro* cleavage assays or the detection of proteins *in vivo*. One of the products of proteolytic processing – the 6K1 polypeptide – has to our knowledge not yet been identified *in vivo*. In this study we report the detection of the potyviral 6K1 as a polypeptide of 6 kDa in virus-infected plants. For the detection of 6K1, a polyclonal antibody was produced which recognized *E. coli* expressed PPV-6K1 specifically. However, the antibody did not react with extracts of PPV-infected *Nicotiana benthamiana*. Therefore, a mutant of PPV was constructed (PPV-His6K1) by insertion of 7xHis residues into the N-terminal part of 6K1 facilitating Ni-affinity purification of expressed 6K1. The infectivity of PPV-His6K1 was tested on *N. benthamiana* and coat protein (CP) levels were measured by western blot analysis. Plants infected with PPV-His6K1 expressed similar levels of CP and showed symptoms comparable to PPV-infected ones. For the detection of 6K1 *in vivo*, *N. benthamiana* were infected with mutant PPV-His6K1 or wild-type PPV as negative control. Thirteen days post inoculation, extracts from infected plants were subjected to affinity chromatography. With the 6K1-antiserum, a protein of ~6 kDa was detected in purified extracts of PPV-His6K1-infected *N. benthamiana* but not in PPV-infected ones. The result was confirmed using an antibody directed against multiple His residues. The identified polypeptide of ~6 kDa suggests that the potyviral 6K1 is efficiently processed from the polyprotein *in vivo*. Nevertheless, the role of the mature 6K1-polypeptide during viral life cycle still remains to be investigated.

Investigating the mechanism(s) of cross-protection between strains of *Cucumber mosaic virus*

H Ziebell^{1,2}, T Payne², JA Walsh² and JP Carr¹; ¹Department of Plant Sciences, University of Cambridge and ²Warwick HRI, Wellesbourne, Warwick

The type species of the genus *Cucumovirus*, *Cucumber mosaic virus* (CMV), infects more than 1,000 plant species, including many economically important cucurbit crops. Direct control of CMV infection or control of its aphid vectors in the field has been difficult or impossible to achieve. An alternative

control strategy may be the use of cross-protection, the phenomenon in which mild or attenuated strains of viruses protect plants against infection with severe strains of the same virus. It is thought that in most cases post-transcriptional gene silencing (PTGS) is the mechanism behind cross-protection. We have used an engineered mutant of Fny-CMV lacking the *2b* gene, a suppressor of gene-silencing (Fny-CMV Δ 2b) in cross-protection assays. This mutant successfully cross-protected against the parental wild-type strain Fny-CMV in tobacco and *N. benthamiana*. Using RT-PCR to distinguish between both strains, no Fny-CMV could be detected in systemic leaves in most cases of cross-protected plants. However, in one experiment the presence of Fny-CMV could be detected in systemic leaves arguing against the hypothesis that Fny-CMV Δ 2b induces gene-silencing and hence the degradation of viral RNA from the parental strain. Currently, work is underway to look for the presence of small interfering RNAs, markers for the induction of PTGS, in cross-protected tobacco plants. *m* species entering the EU. This legislation also applies to previously imported untested true-seed accessions present in EU gene-collections. In spring 2003 for one accession of *Solanum kurtzianum* virus symptoms appeared upon mechanical inoculation of test plants, indicating an infection by *Alfalfa mosaic virus* (AMV). The presence of this virus was confirmed by DAS-ELISA using AMV-specific antibodies. Testing of the remaining twenty-three plants of this accession revealed no further infections, thus demonstrating that the rate of seed transmission was low. The infected plant was destroyed, although AMV is not listed as a quarantine organism in the EU. However, since true potato seed is used in the initial stages of potato production, there is a high risk that viruses may become widely spread. Finally, this finding emphasizes the importance of test plants as a tool for post-entry quarantine testing, since this method enables the detection of viruses apart from those under specific testing.

***Alfalfa mosaic virus* detected in true seed of *Solanum kurtzianum* during post-entry quarantine testing**

AW Werkman, JThJ Verhoeven & JW Roenhorst; Plantenziektenkundige Dienst, P.O. Box 9102, 6700 HC Wageningen

Each year about sixty *Solanum* seed accessions from the Dutch-German gene-bank are tested for the presence of quarantine viruses as part of the annual seed reproduction programme. This testing is obliged by the legislation of the European Union (EU) for all *Solanum* species entering the EU. This legislation also applies to previously imported untested true-seed acces-

sions present in EU gene-collections. In spring 2003 for one accession of *Solanum kurtzianum* virus symptoms appeared upon mechanical inoculation of test plants, indicating an infection by *Alfalfa mosaic virus* (AMV). The presence of this virus was confirmed by DAS-ELISA using AMV-specific antibodies. Testing of the remaining twenty-three plants of this accession revealed no further infections, thus demonstrating that the rate of seed transmission was low. The infected plant was destroyed, although AMV is not listed as a quarantine organism in the EU. However, since true potato seed is used in the initial stages of potato production, there is a high risk that viruses may become widely spread. Finally, this finding emphasizes the importance of test plants as a tool for post-entry quarantine testing, since this method enables the detection of viruses apart from those under specific testing.

Arbeitskreis Phytomedizin im Gartenbau

Treffen der Projektgruppen „Gehölze“, „Gemüse“ und „Zierpflanzen“

Andreas Kofoet, Hartmut Balder

Die diesjährige Tagung des Arbeitskreis Phytomedizin im Gartenbau der DPG fand vom 26.-27.04.2005 in der Fachhochschule Weihenstephan in Freising statt. Die Veranstaltung wurde von den drei Projektgruppen: Gehölze, Gemüse und Zierpflanzen gemeinsam durchgeführt und vor Ort von Herrn Prof. Gerlach und seinen Mitarbeitern hervorragend organisiert. Das Schwerpunktthema: Nachweisverfahren für bodenbürtige Pathogene in Baumschulen und Öffentlichem Grün, Gemüse- und Zierpflanzenkulturen wurde in sieben einführenden Referaten dargestellt. In der anschließenden intensiven Diskussion wurden die Möglichkeiten und Grenzen der einzelnen Verfahren in den unterschiedlichen Pathosystemen aufgezeigt. Am Vormittag des zweiten Tages wurden aktuelle Themen aus den Projektgruppen in 10 Referaten vorgestellt. Anschließend konnten wir am Vortag der Eröffnung, unter fachkundiger Führung des verantwortlichen Gartengestalters, die BUGA in München besichtigen.

Als Tagungsort für das nächste Treffen des Arbeitskreises Phytomedizin im Gartenbau ist die Fachhochschule in Osnabrück festgelegt. Als Termin ist der 28.-29. März 2006 vorgesehen.

Nachweis von *Verticillium dahliae* im Boden als Grundlage der Flächenauswahl im Gartenbau

Neubauer, Chr.; Fachhochschule Osnabrück, Oldenburger Landstr. 24, 49090 Osnabrück; c.neubauer@fh-osnabrueck.de

Das zunehmende Auftreten von *Verticillium dahliae* in Erdbeerbeständen einerseits und die mangelnden Bekämpfungsmöglichkeiten andererseits waren Mitte der 90er Jahre der Grund ein Verfahren zu etablieren, das den quantitativen Nachweis des Erregers im Boden ermöglicht. Hierbei werden die zu untersuchenden Bodenproben mit Wasser aufgeschlämmt und anschließend nassgesiebt. Aliquote der gewonnenen Bodenfraktion 20 – 125 µm werden auf einem Selektivnährboden ausgeplattet. Auf der Basis der sich bildenden *Verticillium*-Kolonien wird der Verseuchungsgrad einer Bodenprobe in Anzahl Mikrosklerotien pro g trockener Boden ermittelt.

Die clusterförmige Verteilung der Mikrosklerotien im Boden bedingt einen Fehler, der bei der Beprobung der Fläche beginnt und sich im Labor fortsetzt. Die Genauigkeit des Nachweisverfahrens hängt darüber hinaus vom Verseuchungsgrad ab. In mehr-jährigen Erhebungsuntersuchungen konnte nachgewiesen werden, dass zwischen dem ermittelten Verseuchungsgrad einer Fläche und dem tatsächlich zu erwartenden Befallsauftreten in Erdbeeren eine Korrelation besteht. So ist es möglich, auf der Basis des Ergebnisses einer Bodenuntersuchung das Gefährdungspotential einer Fläche abschätzen und gezielt geeignete Flächen auswählen zu können.

Zu diesem Zweck werden die Proben bzw. Flächen in Abhängigkeit des Ergebnisses fünf verschiedenen Befallsklassen zugeordnet und jeweils die Befallsgefahr bewertet. Für die hochanfällige Erdbeersorte Elsanta liegt darüber hinaus eine Schadensschwelle vor: ein Befall von 5 % ist bei einer Verseuchung von 1- 2 Mikrosklerotien pro g trockener Boden zu erwarten. Die Aussagegenauigkeit des Verfahrens im Hinblick auf eine Gefährdung von Erdbeerbeständen ist insbesondere in jenen Regionen sehr hoch, in denen die Verseuchung der Flächen auf einen intensiven Anbau von Kartoffeln zurückzuführen ist, da jener *Verticillium*-Genotyp der Kartoffeln befällt auch eine hohe Aggressivität für Erdbeeren aufweist.

Seit sieben Jahren werden der gartenbaulichen Praxis Bodenuntersuchungen auf *Verticillium dahliae* angeboten. Die Nachfrage nach solchen Untersuchungen ist insbesondere im Erdbeeranbau anhaltend hoch. Im Rahmen eines Forschungsprojektes wird derzeit das Auftreten des Erregers in der Ziergehölzproduktion intensiv untersucht. Die Ergebnisse sollen die Grundlage für eine breite Anwendung des Verfahrens in der Baumschulpraxis bilden.

Nachweisverfahren für *Rhizoctonia solani* in Pflanze und Boden

Andreas Kofoet und Rita Grosch, Abteilung Pflanzengesundheit, Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau, Großbeeren

Die Analyse der Wirt-Pathogen-Interaktion *Rhizoctonia solani* – *Lactuca sativa* führte zu drei Thesen. **1. *Rhizoctonia solani* ist der dominierende Erreger im Salatfäule-Komplex.** Die Prüfung eines Kopfsalat-Sortiment in 4 Jahren (1997-2000) an 19 Standorten hat ergeben, daß *Rhizoctonia solani* in 84% der Flächen, *Sclerotinia*- Arten in 32% der Flächen und *Botrytis cinerea* in 16% der Flächen nachgewiesen wurde. Im geprüften Sortiment der Salatsorten wurden keine Unterschiede in der Anfälligkeit gegenüber *Rhizoctonia* beobachtet. Aber zwischen den Standorten wurden signifikante Unterschiede nachgewiesen (IRTG). **2. Die Bekämpfung der Salatfäule ist problematisch.** Rückstandsanalysen an Kopfsalat zeigen, dass die 5 häufig nachgewiesenen Wirkstoffe Fungizide sind, von denen 4 zur Bekämpfung der Salatfäule eingesetzt werden. **3. Die Kenntnisse zur Wirtsspezifität sind unzureichend.** Von den zahlreichen Anastomosegruppen und Untergruppen sind einige an Salat nachgewiesen worden. Ihre Bedeutung unter hiesigen Anbaubedingungen ist unbekannt.

Der konventionelle Nachweis der AG von *R. solani* erfolgt mikroskopisch mittels bekannter Testerisolaten. Mit diesem Verfahren können die Isolate nur auf der Ebene der AG differenziert werden, eine Charakterisierung der Untergruppen ist nicht möglich. Die Pectic Zymography erlaubt die Bestimmung der Anastomosegruppe und Untergruppe, aber das Verfahren setzt Erfahrung in der Auswertung der Gele voraus.

Die Ziele eines Forschungsprojektes am Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau zum Risikomanagement bodenbürtiger Pathogene sind (1) Monitoring von *R. solani* auf kommerziellen Produktionsstandorten, (2) Charakterisierung der Anastomosegruppe / Untergruppe des Erregers der Salatfäule, (3) Entwicklung von spezifischen Nachweisverfahren für *R. solani* AG 1-IB und (4) Risikoabschätzung des Krankheitsauftretens. Die Ergebnisse sollen zur Bewertung der Bodengesundheit und zur Erarbeitung von Bekämpfungsstrategien genutzt werden.

Das Monitoring von *R. solani* auf kommerziellen Produktionsstandorten und Versuchsflächen hat gezeigt, dass die AG 1-IB in deutschen Anbaugebieten für die Schwarzfäule an Salat verantwortlich ist. Zur Differenzierung der Untergruppen der AG 1 stehen verschiedene molekularbiologische Methoden zur Verfügung (Restriction-Fragment-Length-Polymorphism (RFLP); Random-Amplified-Polymorphic-DNA (RAPD)-PCR; Sequenzanalyse der ITS-Region). Aber die Bestimmung ist nur an Reinkulturen und im Vergleich zu

Testerisolaten möglich. Diese Verfahren erlauben keine direkte Diagnose an Pflanzen- und Bodenproben. Daher wurde ein spezifisches Nachweisverfahren, basierend auf einem SCAR Primer, für die AG 1-IB entwickelt. Mit diesem Primer treten keine Kreuzreaktionen mit anderen AGs oder mit *Pythium aphanidermatum*, *Botrytis cinerea* und *Fusarium oxysporum* auf. Nach der Prüfung an Reinkulturen verschiedener AGs und verschiedener Isolate von Salat mit Fäulesymptomen erfolgte der direkte Nachweis von *R. solani* AG1-IB an Pflanzenproben. Auch ein direkter Nachweis von *R. solani* AG1-IB an inokulierten Bodenproben von drei Bodentypen: Fahlerde-Braunerde, schwach schluffiger Sand; Gley-Vega, stark sandiger Lehm und lessierte Schwarzerde aus Löss, mitteltoniger Schluff ist möglich.

Fazit der bisherigen Untersuchungen ist, dass die Rhizoctonia Fäule an Salat von der AG 1-IB verursacht wird und der direkte Nachweis von *R. solani* AG 1-IB in Pflanzen- und Bodenproben mit diesem Primer in einer einfachen PCR möglich ist. In weiteren Arbeiten soll das bodenbürtige Inokulum quantifiziert werden, um die Bodengesundheit zu bewerten, das Infektionsrisikos abgeschätzt und die Wirtspflanzen der AG1-IB bestimmt werden, um ein Fruchtfolgemanagement zu ermöglichen und den Pflanzenschutzmitteleinsatz zu optimieren.

DNA Multiscan® Technik zur Diagnose von Pathogenen im Gartenbau

Wulf Menzel, DNA Scan GmbH, Rotwiese 3, D-37191 Gillersheim, Tel. 0049-(0)5556-995481, Fax 0049-(0)5556-995929, info@DNA-Scan.de

Ein frühzeitiger Nachweis von Pflanzen-Pathogenen ist der Schlüssel zum Aufbau und zur Erhaltung einer sicheren und nachhaltigen Produktion. Statt mit den bisher üblichen, teilweise langwierigen Einzelnachweisen (z.B. Kultur auf Medien, morphologische Charakterisierung, immunologische Verfahren) werden mit dem DNA Multiscan® Verfahren Proben innerhalb von 2 Tagen auf über 50 Organismen (Pilze, Oomyceten, Bakterien) parallel untersucht. Die Technik basiert auf der spezifischen Vermehrung und gleichzeitigen Markierung mit Digoxigenin (Dig-dUTPs) von Abschnitten ribosomaler DNA der Organismen durch die Polymerase Kettenreaktion (PCR). Dabei werden nach der DNA Extraktion 3 PCR Reaktionsansätze mit jeweils einem universellen Primerpaar für Pize, Oomyceten und Bakterien parallel eingesetzt. Nach Ablauf der PCR werden die 3 Reaktionsansätze wieder zusammengeführt und es erfolgt anschließend die Hybridisierung mit auf Membranen kovalent gebundenen, Organismen-spezifischen Sonden. Zur Erhöhung der Testsicherheit werden für jeden Organismus im Durchschnitt 3 verschiedene Sonden eingesetzt, die in den ITS Regionen der ribosomalen

Gene lokalisiert sind. Zur Vermeidung fehlerhafter Ergebnisse werden Positiv-, Negativ- und interne Probenkontrollen mitgeführt. Die Anwesenheit der erfolgreich amplifizierten und hybridisierten DNA eines Organismus wird durch die Bindung von Anti-Digoxigenin-Alkalische Phosphatase Konjugat und Umsetzung von CDP-Star Substrat, welche zu einem Chemilumineszenz-Signal an einer definierten Position auf der Membran führt, angezeigt. Die Chemilumineszenz-Signale werden über ein digitales Kamerasystem mittels spezieller Software ausgelesen.

Das DNA Multiscan® Verfahren ist eine semiquantitative Technik, damit sind auch Aussagen über die Stärke der Durchseuchung oder Infektion möglich.

Die Einsatzbereiche des DNA Multiscan® Verfahrens sind derzeit die Untersuchung von Pflanzenproben, Saatgut, Wasser und Boden-/Substratproben.

Quantitativer Nachweis von Oomyceten und *Fusarium* spp. im Gießwasser

Wohanka, W., Forschungsanstalt Geisenheim, E-Mail: wohanka@fa-gm.de

Für den quantitativen Nachweis von *Pythium* spp. und *Phytophthora* spp. in Gießwässern aus geschlossenen Kultursystemen hat sich eine Agarplatten-Membran-Technik unter Verwendung von Selektivmedien auf der Basis von V8-Agar bewährt. Die Nachweisgrenze liegt bei ca. 0,1 cfu/ml. Im rezirkulierenden Wasser aus geschlossenen Kultursystemen mit hohem Anteil kranker Pflanzen wurden meist nicht mehr als etwa 0,5 cfu/ml nachgewiesen.

Für den quantitativen Nachweis von *Fusarium* spp. erfolgte eine Einengung durch Zentrifugation und anschließendes Plattieren auf Selektivmedium nach Komada. Die Nachweisgrenze liegt bei ca. 1 cfu/ml. Im Gießwasser aus Ebbe/Flut-Systemen mit hohem Anteil kranker Pflanzen wurden Populationsdichten im Bereich von etwa 5 cfu/ml nachgewiesen. Wegen der oft beobachteten hohen Kontamination von Wässern aus geschlossenen Kultursystemen mit nicht pathogenen Fusarien ist die Erfassung pathogener Arten oder gar *formae specialis* schwierig.

Beide Verfahren erwiesen sich als gut geeignet für spezielle Untersuchungen mit bekanntem Pathogen (z.B. Untersuchungen zur Ausbreitung von Pathogenen im System oder zur Wirksamkeit von Wasserentkeimungsverfahren). Für eine generelles Monitoring in der Praxis erscheinen die Methoden jedoch weniger geeignet. Selbst die sehr niedrigen Nachweisgrenzen sind offensichtlich zu hoch, um eine Ausbreitung vor dem Auftreten sichtbar kranker Pflanzen sicher zu erkennen.

Kombiniertes System eines künstlichen Köders, verbunden mit PCR gestütztem Markernachweis, zur Detektion von *Phytophthora*-Arten im Boden

W.W.P. Gerlach, R. Schubert und H. Müller-Starck, Fachhochschule Weihenstephan, Freising; Hochschule Zittau, TU-München -Weihenstephan. e-mail: wolfgang.gerlach@fh-weihenstephan.de

Zum Nachweis von lebendem *Phytophthora*-Myzel (oder Sporen) im Boden werden häufig lebende Köder (Blätter oder Früchte) verwendet. Engpässe ergeben sich aber bei umfangreichen Untersuchungen, wenn eine große Zahl von lebenden Ködern zu einem bestimmten Zeitpunkt in genau definiertem Zustand verfügbar sein müssen. Um dies zu umgehen wurde ein künstlicher Köder entwickelt, der aus Streifen von Nucleopor-Filter oder aus normalem Zellulosefilterpapier bestand. Diese Streifen wurden mit einem Tropfen befeuchtet, der aus einer Mischung von Pektinsäure (zur Zoosporen-Anlockung) und dem Oomyceten-selektiven Medium PSM (incl. Agar-Agar) bestand. Nach einer Inkubation von 24 Stunden, schwimmend auf der Bodensuspension, wurden die Köder einem PCR gestützten Markernachweis unterzogen. In Tests konnten diese Köder, die auf der Oberfläche einer Zoosporen Suspension schwammen, bei *Phytophthora tropicalis* 10¹ Zoosporen/ml, und bei *P. citricola* 10³ Zoosporen/ml nachweisen, im Vergleich zu einer konventionellen Köderung mit Apfelfrüchten war nur ein Nachweis von 10⁵ Zoosporen/ml möglich. In weiteren Köderungen von unsterilen Bodensuspensionen waren die künstlichen Köder immer um 10¹ bis 10³ empfindlicher als natürliche Köder. Bei einem punktuellen Survey zur Verteilung von *P. citricola* in einer Apfelanlage zeigte sich aber das Dilemma von sehr empfindlichen Testverfahren. Wiederholte Beprobungen fast identischer Bodenstellen zu unterschiedlichen Terminen ergaben z.T. erheblich unterschiedliche *Phytophthora*-Nachweise. Bei der parallelen Testung der gleichen Bodenproben bei Verwendung von Apfelfrüchten als Köder, wurde deren deutlich geringere Empfindlichkeit bestätigt.

Übertragung und Verteilung des Pepino Mosaic Potexvirus in Tomatpflanzen

Kai, B.; Pascheck, U.; Bandte, M.; Schwarz, D.; Büttner, C.

Pepino mosaic virus (PepMV) wurde 1974 erstmals in Peru in Pepinopflanzen nachgewiesen (JONES et al. 1980). Diese südamerikanische Pflanze wird in Europa nur als Sonderkultur im Gewächshaus ohne große kommerzielle Bedeutung angebaut. Der Erreger ist in Europa beginnend im Winter 1999

zunächst nur an Gewächshaustomaten aufgetreten (JORDA et al., 2000, van de VLUGT et al., 2000). In Tomaten aus spanischem Freilandanbau erfolgte im Jahr 2000 der erste Nachweis. Das plötzliche Auftreten und die schnelle Ausbreitung des Virus in Gewächshaustomaten in Europa wirft Fragen nach den Übertragungswegen des Erregers auf.

Für die Untersuchungen wurden sowohl gesunde als auch PepMV-infizierte Tomatenpflanzen eingesetzt. Dabei wurden unterschiedliche Tomatensorten wie beispielsweise „Peto 86“, „Cal Ace“, „Hildares“ und „Goldene Königin“ verwendet. Die PepMV-infizierten Tomatenpflanzen wurden dazu durch mechanische Inokulation hergestellt und unter kontrollierten Bedingungen zur Samenreife gebracht. Zur Lokalisation des Erregers im/am Samen wurde dieser in Gallerte (Zylinderepithel und Placenta), Samenschale, Endosperm, Embryo und präpariert. Vom oberirdischen Aufwuchs von zehn Pflanzen wurden alle Internodien, Fiederblätter, Blüten und Früchte einzeln getestet. Der Nachweis des Erregers erfolgte im Biotest, elektronenoptisch und serologisch mit Hilfe des enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). Die dazu verwendeten spezifischen Antikörper wurden von der DSMZ (Deutsche Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig) und dem Plant Research International (Wageningen, Niederlande) bezogen.

Das PepMV ist in den Tomatenpflanzen systemisch. Das Virus lässt sich in den Wurzeln, Stängeln, Blättern unterschiedlichen Alters, Blüten und Früchten nachweisen. Mit Hilfe des ELISA ist die Detektion des Erregers am einzelnen Samen möglich. Alle untersuchten Samen sowie das Fruchtfleisch der PepMV-infizierten Tomatenpflanzen waren viruspositiv. Die Viruspartikeln sind in der Gallerte nachweisbar und haften an der Samenschale. Weder im Endosperm noch im Embryo ließ sich der Erreger nachweisen. PepMV wird ebenfalls mechanisch übertragen beispielsweise beim direkten Kontakt zwischen Pflanzen oder beim Kontakt von Pflanzen mit kontaminierten Händen, Kleidungsstücken und Werkzeugen. Der Erreger wird auch bei der vegetativen Vermehrung von den infizierten Mutterpflanzen auf die nachfolgende Generation übertragen. Möglichkeiten der Desinfektion von Werkzeugen und Stellflächen zur Unterbrechung dieser Übertragungswege wurden von BANDTE et al. (2003) vorgestellt.

Literatur: Bandte, M., S. Hahn, C. Obermeier, C. Büttner, 2003: Distribution of Pepino mosaic virus (PepMV) in tomato plants and possibilities of disinfection. In: International Congress of Plant Pathology 2003 (ISBN 086476 151-1), Vol. 2, 305; Jones RAC, Koenig R, Lesemann DE, 1980: Pepino mosaic virus, a new potyvirus from pepino. *Annals of Applied Biology* 94, 61-68; Jordá C, Lázaro A, Font I, Lacasa A, Guerrero, MM, Cano A, 2000: Nueva enfermedad en el tomate. *Phytoma-España* 119, 23-28; Van der Vlugt RAA, Stijer CCMM, Verhoeven J, Lesemann DE, 2000:

First report of Pepino mosaic virus on tomato. Plant Disease 84, 103.

Reaktion und Abwehrmechanismen der Tomate bei einer Mischinfektion von PepMV und dem pilzlichen Wuzelendophyten *Pythium aphanidermatum*

Fakhro, A., Paschek, U.1, von Barga, S.1, Schwarz, D.2, Bandte, M.1, Franken, P.2, Büttner, C.1 1 Humboldt-Universität zu Berlin, Institute für Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55-57, 2 14195 Berlin, Institute für Gemüse und Zierpflanzenbau, Großbeeren/ Erfurt e.V., Theodor-Echtermeyer Weg 1, D-14979 Großbeeren

Pepino mosaic virus trat erstmalig 1999 in Niederlanden und in Großbritannien an Tomatenpflanzen in Gewächshäusern auf. Der Erreger wurde in den folgenden Jahren in verschiedenen EU-Ländern in Gewächshäusern und in italienischen Freilandtomaten nachgewiesen. Die induzierten Symptome – Farbveränderungen an Blättern und Früchten – variieren mit dem Virusisolat und der Tomatensorte. Häufig bleiben Tomatenpflanzen auch nach der Infektion symptomfrei.

Erste Untersuchungen zur Reaktion von Tomatenpflanzen auf eine Mischinfektion mit PepMV und *Pythium aphanidermatum* zeigten, dass diese zu einer verzögerten Ausbreitung des viralen Krankheitserregers führt. Zunächst sollte nun geprüft werden, welche Tomatensorten empfindlich auf eine Infektion mit sowohl PepMV als auch *Pythium aphanidermatum* reagieren, um ein geeignetes System für Untersuchungen zur Reaktion und Abwehrmechanismen der Tomate gegenüber den ausgewählten Pathogenen zu finden.

In die Untersuchungen wurden sieben Tomatensorten (Hildares F1, Counter F1, Goldene Königin, Master F1, Frühzauber, Balkonstar, Gnom F1) einbezogen. Für die mechanische Inokulation der Pflanzen mit PepMV fanden ein französisches Isolat (E 397/1) sowie ein peruanisches Isolat (PV-0554, DSMZ, Braunschweig) Verwendung. Die *Pythium*-Infektion wurde mit dem Isolat 70414 (IGZ, Großbeeren) vorgenommen. Der Nachweis einer PepMV-Infektion erfolgte mit Hilfe des DAS-ELISA unter Verwendung eines spezifischen Antikörpers (AS-0554) sowie elektronenoptisch nach Herstellung von Adsorptionspräparaten; eine *Pythium*-Infektion konnte durch einen Möhrenagartest bestätigt werden.

Die Versuche zeigten, dass sich die Sorten Hildares, Goldene Königin und Gnom F1 für die angestrebten Untersuchungen zu Abwehrmechanismen der Tomate bei Mischinfektion mit dem pilzlichen Erreger und PepMV eignen. Diese drei Sorten waren am empfindlichsten für eine Infektion mit PepMV und *Pythium aphanidermatum*.

Untersuchungen zur Sortenanfälligkeit von *Daucus carota* für die Möhrenschrwärze, verursacht durch *Alternaria dauci*

U. Gärber und E. Idczak

Im Freiland wurden 2002 und 2003 jeweils 23 Sorten am Standort Berlin-Dahlem und 2004 21 Sorten in Berlin-Dahlem und 15 Sorten am Standort Braunschweig auf ihre Anfälligkeit für die Möhrenschrwärze geprüft. Als resistenter Standard wurde die Sorte 'Bolero' und als anfälliger Standard die Sorte 'Napoli' verwendet. Die Pflanzen wurden 100 Tage nach der Aussaat nach einer Methode von BRUNO (1993) mit dem Erreger inokuliert. Pro Sorte stand jeweils eine nichtinokulierte Vergleichsvariante zur Verfügung. Je nach Witterungsbedingungen wurden die Versuchspartzen beregnet, um die Krankheit zu fördern. Die Auswertung der Versuche erfolgte in Abhängigkeit vom Befallsverlauf, zwei bis sechs Wochen nach Inokulation der Pflanzen. Neben der visuellen Schätzung des Blattbefalls einer gesamten Parzelle mit den Boniturnoten 1 bis 9, wurden Einzelpflanzenbonituren nach einem Befallsschema nach NOTHNAGEL (2001) durchgeführt. In den Versuchen 2004 wurde in der Einzelpflanzenbonitur der prozentuale Blattbefall der Gesamtpflanze geschätzt. Der Verlauf der Krankheit ist stark witterungs- und standortabhängig. Die Befallsergebnisse wurden durch andere Pathogene wie *Cercospora carotae*, *Erysiphe heraclei*, *Alternaria radicina* und Viren stark beeinflusst, die je nach Versuchsjahr und Standort unterschiedlich stark auftraten. Die durch *Cercospora* hervorgerufenen Symptome ähneln denen bei Befall durch *Alternaria dauci*, so dass in der Bonitur auf Blattbefall nicht nach diesen Erregern unterschieden werden kann. In den Versuchen 2002 bis 2004 waren alle getesteten Sorten für die Möhrenschrwärze anfällig. Allein die Sorte 'Bolero' erwies sich über alle drei Versuchsjahre als gering anfällig. Die Mehrzahl der Sorten war als mittel bis stark anfällig zu beurteilen. Unterschiede in der Anfälligkeit der Möhrensorten wurden zwar festgestellt, die Rangfolge der Sorten bezüglich ihrer Anfälligkeit in den einzelnen Prüfungsjahren und an den verschiedenen Standorten ist jedoch nicht gesichert.

Uebersicht der Chalara-Situation in der Schweiz 2005

Heller, W., Agroscope, Wädenswil

Thielaviopsis basicola; *Chalaropsis thielavioides*:

Chalara-Update 2005: Bisher sind uns 100 Schadenfälle bekannt. Die Karotte ist die empfindlichste Kultur für beide Pathogene.

Infektionen durch *Chalara sp.* auf Karotten: Optisch unschön, anscheinend nur oberflächlich, verursachen Bitterkeit durch Induktion von Isocou-

marin (> 15 mg/kg nach 10 d Inkubation)

Nachweis von *Chalara sp.* in Böden: „Karotten-Falle“: Aufwändig: pathogenfreie Karotten; Erfasst nur das Inokulum an der Oberfläche. Fangpflanzen: Erbsen, Bohnen, Linsen, Mungbohne: Fangpflanzenmethode erschliesst die 3. Dimension

Wirtspflanzen: Einjährige Kulturen: Karotten, Bohnen, viele Leguminosen, Salat, Nüsslisalat, Senf, Tomaten, Paprika, Tabak, Baumwolle, Erdnuss, Weihnachtsstern, Viola. Mehrjährige Kulturen: Stachelbeeren, Johannisbeeren, Aprikosen, Kirschen, Zwetschgen. Wildkräuter: Klee, Platterbse, Esparsette. *Nicht*-Wirtspflanzen: Sonnenblume, Getreide, Raps, Broccoli, Zottelwicke, Tagetes, Gerste, Roggen.

Oekologie: *Chalara sp.* bevorzugen kalkhaltige, mittelschwere bis schwere Böden und Bodentemperaturen von unter 20°C, Die Dauersporen (Chlamydosporen) der Pilze überdauern während mehrerer Jahre im Boden. Durch Wurzelauflösungen von Wirtspflanzen werden sie zu Keimung und Infektion angeregt. Kurz nach Infektion werden Chlamydosporen gebildet, die das weitere Überleben des Pilzes im Boden ermöglichen. Die Pilze sind auf lebende Wirtspflanzen angewiesen, um sich zu vermehren.

Verbreitung innerhalb von Betrieben: Die Pilze werden mit verseuchtem Substraten und Bodenkrümel, die an Schuhen, Fahrzeugreifen und Maschinen kleben, innerhalb von Flächen und von Parzelle zu Parzelle weiterverbreitet. Hohes Risiko der Verbreitung zwischen Betrieben. Beim überbetrieblichen Einsatz von Dammfräsen und Erntemaschinen. Bei Flächenkompostierung von Rüstabfällen und Waschrückstände von Karotten und anderen Gemüsen. > Desinfektion notwendig, weil die weitere Verschleppung des Pilzes unterbrochen werden muss.

Robustheit der Chlamydosporen: Desinfektion mit Chlorit-Lösung (Javelle-Wasser) ist wenig effizient. Verhalten im Kompost: Die Pilze widerstanden dem Abbau im Wurmkompost während mehr als 18 Monaten

Lösungsansätze: Resistenzen: Keine resistenten Karottensorten bekannt. Chemische Bekämpfung: Im Freiland nicht sinnvoll und auch kaum möglich. Gründüngung: Bei der Einarbeitung von Zottelwicken-Gründüngung entsteht im Boden Ammoniak-Gas, welches für *Chalara*-Pilze toxisch wirkt.

Was tun bei *Chalara*-Verseuchung: Kein Anbau von Lagerkarotten, Weiterverbreitung stoppen, keine Wirtspflanzen (Leguminosen!) in die FF einbauen, N physiologisch sauer Düngen (org., NH₄)

Ausblick: Bio-Abbau der *Chalara*-Chlamydosporen in Rüstabfällen: Gärung? Sanierungsmöglichkeiten: resistente Kulturen? Gründüngung mit Zottelwicke, Chitin-haltige N-Dünger, Induktion von NH₃ im Boden: Harnstoff?

Untersuchungsmethodik zum Nachweis von bodenbürtigen Fusarium-Arten in Stängel- und Wurzelteilen bzw. Früchten von Pflanzen

Goßmann, M., Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55-57, 14195 Berlin

Pilzarten der Gattung *Fusarium* gehören weltweit zu den bedeutendsten pilzlichen Krankheitserregern unserer Kulturpflanzen. Neben den quantitativen Ertragsverlusten, die diese durch Wurzel-, Stängel- und Fruchtfäulen bzw. Welkekrankheiten verursachen, können einige von ihnen auch durch ihr potentiell Mykotoxinbildungsvermögen die Qualität von Ernteprodukten negativ beeinflussen. Das sichere Ansprechen der erkrankten Pflanzen bzw. Ernteprodukte kontaminierenden *Fusarium*-Arten ist deshalb ein wichtiger Bestandteil der Diagnose. Die Determinierung der meist im erkrankten Pflanzengewebe endophytisch wachsenden *Fusarium*-Arten erfolgt mittels mikroskopischer Bonitur nach Inkubation der zerkleinerten und mit NaOCl oberflächlich desinfizierten, auf ein nährstoffarmes Nährmedium ausgelegten Pflanzenteilstücke. Wichtig bei der Beurteilung der mikroskopischen Boniturmerkmale ist die Einschätzung der spezifischen Ausprägung der primären und sekundären Konidienträger, der Mikro- und Makrokonidien bzw. der Chlamydosporen u.a. morphologischer Parameter. Nach Abisolierung des sich entwickelnden Pilzwachstums auf ein nährstoffreiches Nährmedium kann auch die Erfassung der makroskopischen Boniturmerkmale erfolgen, darunter die der Farbe des Luftmyzels bzw. der Pigmentierung des Agars, die Ausbildung von Sporodochien u.a.m. Am Beispiel einer Fruchtfäule an Melone und Kürbis von geschädigten Proben aus Österreich bzw. der Wurzel- und Kronenfäule an Spargelpflanzen von deutschen und österreichischen Standorten erfolgte mit erprobten Nachweismethoden die Untersuchung des endophytischen Pilzwachstums pathogenrelevanter *Fusarium*-Arten. Es wurden folgende *Fusarium*-Arten bei den an Fruchtfäule erkrankten Melonen einzeln oder im Mix nachgewiesen: *F. acuminatum*, *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. sporotrichioides* und *F. poae*. Bei Kürbis wurde *F. solani* f.sp. *cucurbitae* als samenübertragbare Fruchtfäuleerreger bestimmt.

Wichtige nachgewiesene *Fusarium*-Arten, die sowohl in den Wurzeln und Trieben von Spargelpflanzen aus Jung- und Ertragsanlagen, als auch zur Hauptstechzeit in den Stangen vorkommen, sind: *F. oxysporum*, *F. proliferatum*, *F. culmorum*, *F. sambucinum*, *F. avenaceum* u.a.m. Standortfaktoren wie Boden, Witterungsverhältnisse, Fruchtfolge, Anbau- und Erntemaßnahmen bzw. Alter der Anlagen haben auf die Befallshäufigkeit bzw. das Artenspektrum eine herausragende Bedeutung.

www.arbofux.de - Eine online-Diagnosedatenbank für Gehölze

Lohrer, Th., Sieweke, Ch., Ohmayer, G., Gerlach, W.W.P. Forschungsanstalt für Gartenbau Weihenstephan (FGW), 85350 Freising, Am Staudengarten 14

Unter www.arbofux.de ist eine online Diagnose-Datenbank in Verbindung mit einem Informationssystem über Krankheiten und Schädlinge im Bereich Gehölze abrufbar (Bäume, Sträucher, Bodendecker). Die Freischaltung von www.arbofux.de erfolgte am 01. März 2005, wobei die Datenbank im Laufe des Jahres 2005 und 2006 in Inhalt und Umfang weiter ausgebaut wird. Die Nutzung der Datenbank steht jedem Internetnutzer gebührenfrei offen, erforderlich ist nur eine einmalige kostenlose Anmeldung. Erstellt und gepflegt wird die Datenbank seitens der Forschungsanstalt für Gartenbau Weihenstephan (FGW). Informationen zu Baumpilzen werden durch die Bayerische Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF) bereitgestellt. Arbofux richtet sich vor allem an alle Beschäftigten und Interessierten in den Bereichen Öffentliches Grün, Privatgärten, dem GaLaBau sowie dem gärtnerischen Produktions- und Servicebereich. Arbofux bietet Diagnosevorschläge nach einer Vorauswahl, Erläuterungen zum Schaderreger (Aussehen, Biologie, Symptomatik), Bilder zur Diagnosehilfe, Hinweise zur Vorbeugung, Lebensbereiche der Wirtspflanzen (nach Prof. Dr. Kiermeier) sowie Hinweise zur chemischen Bekämpfung im HuK-Bereich (Produkte der Firmen Bayer, Neudorff, Scotts und Stähler). Durch die im Rahmen der Diagnosevorauswahl möglichen Kombination von Wirtspflanze und Schadursache bietet sich die Datenbank nicht nur für die Auswahl in konkreten Schadensfällen an sondern im Bereich der Lehre und Fortbildung auch als virtueller Lehrpfad.

Aktuelle Arbeiten zu Virose an Forstgehölzen

Bandte, M., Hahn, S., Rebertorf, K., Essing, M., Tarasevich, A., Büttner, C. , Institut für Gartenbauwissenschaften der Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

Die Forschungsarbeiten zu Virose an Forstgehölzen konzentrieren sich am Fachgebiet Phytomedizin derzeit auf die nachfolgenden drei Komplexe: Untersuchungen zur Epidemiologie des Cherry leaf roll virus (CLRV) an Laubgehölzen und Stauden und Identifizierung beteiligter Genomabschnitte. Es wurden Untersuchungen zum Einfluss der Wirtspflanzenart und der geographischen auf die genetische Struktur des Cherry leaf roll virus (CLRV) durchgeführt. Das CLRV ist ein weltweit verbreitetes Virus, das eine Vielzahl an Laubgehölzen und Stauden infiziert. CLRV ist bislang das einzige

Pflanzenvirus, das solch einen weiten Wirtspflanzenkreis an Gehölzen aufweist. In phylogenetische Analysen wurde gezeigt, dass sich ein Teilbereich der 3'UTR an die Wirtspflanze zu adaptieren scheint. So können 73 verschiedene CLRV-Isolate in 7 phylogenetische Gruppen unterschieden werden. Obgleich weitere experimentelle Arbeit offenbar erforderlich ist, diese Hypothesen völlig zu validieren, stellen die Ergebnisse dieser Arbeit zum ersten Mal einen starken Beweis für eine wirtsbasierende Selektion der Viruspopulation für ein samen- und pollenbürtiges Virus dar. Sie zeigen auch, dass die serologischen und molekularen Werkzeuge, die für diese Studie entwickelt werden, die nützliche Analyse der CLRV-Isolate in Kulturpflanzen und wilden Wirtspflanzenarten erlauben.

Untersuchungen an Stieleichen mit virusverdächtigen Symptomen

Virusverdächtige Blattsymptome wie Mosaik, Scheckung und chlorotische Ringflecken werden seit Mitte der 60er Jahre an Stieleichen (*Quercus robur* L.) beobachtet. Die Symptomausprägung und Pflanzübertragbarkeit deuten auf eine Virusinfektion hin. Da es bisher noch nicht gelungen ist das putative Agens nachzuweisen, konzentrieren sich die aktuellen Arbeiten an Stieleichen auf die Isolierung und anschließende nähere Charakterisierung des Erregers.

Aus zwei Stieleichenblattproben mit chlorotischen Ringflecken gelang es, stäbchenförmige Viruspartikeln zu isolieren und auf die krautigen Indikatorpflanzen *Chenopodium quinoa* (Willd.), *Nicotiana benthamiana* (L.) und *Nicotiana clevelandii* (L.) zu übertragen. Mit Hilfe einer RT-PCR ('Reverse Transcriptase-Polymerase Chain Reaction') und anschließender Klonierung und Sequenzierung des PCR Produktes konnte nachgewiesen werden, dass es sich dabei um ein TMV und ein ToMV-Isolat handelt.

Aus Blättern, Rinde und Knospen virusinfizierter und symptomloser Stieleichen wurde Doppelstrang (ds)RNA mit Doppelbanden der Größen 2,0/1,8 kb sowie 1,5/1,4 kb isoliert. Das Vorkommen dieser dsRNA unabhängig von der Symptomausprägung in allen untersuchten Pflanzen sowie die Größe der Fragmente der Strukturen und ihr Auftreten als Doppelbanden deuten auf eine Infektion mit kryptischen Viren hin. Mit Hilfe der DOP-PCR und cDNA-Synthese gelang es, die Fragmente der 1,5/1,4 kb dsRNA partiell zu charakterisieren. Im Vergleich mit veröffentlichten Sequenzen in Internet Nukleinsäure Datenbanken (NCBI, Clustal W) zeigten drei klonierte dsRNA-Fragmente unterschiedlicher Stieleichenblattproben Übereinstimmungen von 61-67 % mit dem hochkonservierten Bereich einer RNA abhängigen RNA Polymerase (RdRp) des Beet cryptic virus 3 (BCV 3) (XIE ET AL., 1993). Dieses Ergebnis bestätigt die Vermutung, dass es sich bei der isolierten

dsRNA, die als Doppelbande auftritt, um genomische dsRNA kryptischer Viren handeln könnte. Aus der Sequenz eines Klons sind spezifische Primer abgeleitet worden, die nun in einer RT-PCR mit gesamt RNA aus symptomlosen und erkrankten Stieleichen getestet werden.

Untersuchungen an erkrankten Flatterulmen (*Ulmus laevis* Pall.)

Visuelle Bonituren, zunächst durchgeführt in einer Parkanlage im Nordwesten Brandenburgs, ließen an Flatterulmen virusverdächtige Symptome wie Scheckung, chlorotische Ringflecken und Läsionen, Nekrosen sowie Chlorosen entlang der Blattadern erkennen. Diese charakteristischen Symptome wurden nachfolgend an unterschiedlichsten Standorten im öffentlichen Grün in Berlin und Brandenburg beobachtet.

Eine Übertragung des Krankheitserregers war mit Hilfe der mechanischen Inokulation möglich auf Gänsefußgewächse -*Chenopodium amaranticolor* (Coste & Reyn.), *Chenopodium album* (L.) und *Chenopodium foetidum* (Lam.) - sowie Tabakpflanzen -*Nicotiana clevelandii* (Gray.) und *Nicotiana benthamiana* (Domin). Flexible Viruspartikeln mit einer Länge von etwa 800 nm ließen sich sowohl in teilgereinigtem Pflanzenpresssaft aus Blattmaterial erkrankter Ulmen als auch aus Blättern der Indikatorpflanze *Chenopodium quinoa* mit chlorotischen Lokalläsionen elektronenoptisch darstellen.

In dem Gesamtkomplex der Untersuchungen an den erkrankten Flatterulmen sollen zunächst die Kochschen Postulate erfüllt und der Krankheitserreger identifiziert und ggf. charakterisiert werden. Angestrebt wird darüber hinaus die Etablierung und Optimierung eines geeigneten Nachweisverfahrens für die Diagnose der Erkrankung. Studien zur Epidemiologie werden die Arbeiten weiterhin begleiten, um mit der Kenntnis zu den natürlichen Übertragungswegen das Infektionsrisiko für vergesellschaftete Pflanzenarten abschätzen zu können.

Erfahrungen mit Blattnematoden an Stauden

Westermeier; G., Gerlach, W.W.P., Forschungsanstalt für Gartenbau Weihenstephan, Fachhochschule Weihenstephan, Am Hofgarten 8, 85350 Freising, gise-la.westermeier@fh-weihenstephan.de

Im Rahmen eines Projektes zu Krankheiten und Schädlingen an Stauden konnten an zahlreichen Staudenarten Schäden durch Blattnematoden (*Aphelenchoides* sp.) ermittelt werden. Für die Bekämpfung sind derzeit keine Mittel ausgewiesen. In Versuchen sollte daher geklärt werden, ob Präparate, die gegen andere Indikationen zugelassen sind eine Nebenwirkung gegen Blattnematoden haben. Im Vorfeld verglich man unterschiedliche Inokulationsmethoden und Testpflanzen auf ihre Tauglichkeit für die Mittelprüfung.

Es zeigte sich, dass Zinnien für die Bekämpfungsversuche gut geeignet sind, da sie schnell und deutlich Schadsymptome zeigen und sich zudem kostengünstig produzieren lassen. Für die Vermehrung der Nematoden wurden Begonien ausgewählt. Die Nematoden wurden mit einer Sprühflasche auf das Blatt ausgebracht, anschließend stellte man die Pflanzen für 48 Stunden in eine Feuchtekammer. In einem ersten Versuch verglich man die Wirkung eines Neem-Präparates (Wirkstoff Azadirachtin) und Mesurol flüssig (Wirkstoff Methiocarb). Im Vergleich zur der unbehandelten Kontrolle fand man in der Variante mit Mesurol flüssig drei Wochen nach der Behandlung eine signifikant geringere Anzahl Nematoden. Neem reduzierte die Nematodenanzahl nur geringfügig. Weitere Versuche zur Ermittlung der geeigneten Anwendungszeitpunkte und Spritzabstände bei Mesurol flüssig sind geplant. Zudem sollen in nächster Zeit Präparate mit den Wirkstoffen Spinosad und Tebufenpyrad auf ihre Wirkung gegen Blattnematoden geprüft werden.

Trauermücken (*Bradysia paupera*) – Neue Daten zu Biologie und biologischer Bekämpfung

W.W.P. Gerlach, M. Thesing, Forschungsanstalt für Gartenbau Weihenstephan, FH-Weihenstephan, Am Hofgarten 8, 85350 Freising, wolfgang.gerlach@fh-weihenstephan

Besonders im biologischen Anbau von Topfkräutern, in dem Substrate mit erheblichem Kompostanteil verwendet werden müssen, stellen Trauermücken (*Bradysia paupera*, Sciaridae) ein erhebliches Problem dar. Trauermückenlarven können das Pflanzenwachstum durch Wurzelfraß in der Anzucht stark beeinträchtigen. Andererseits treten sie bei den Topfkräutern in der Küche als wichtige Lästlinge auf. In zahlreichen Versuchen wurden wichtige Faktoren, die das Auftreten von Trauermücken beeinflussen geprüft, mit dem Ziel den Befall in der Anzucht unterdrücken zu können. Zur besseren Steuerung der Versuchsabläufe wurde die Abhängigkeit der Lebenszykluslänge von der Temperatur *in vitro* untersucht. In Petrischalen, in welchen *Colletotrichum* sp. oder *Pythium* sp. auf PDA wuchsen, wurde festgestellt, dass der Lebenszyklus (Ei bis Adult) bei *Colletotrichum*-Ernährung bei 15 °C, 20 °C und 25 °C jeweils 42, 26 und 18 Tage und bei *Pythium*-Ernährung 47, 34 und 25 Tage betrug. In einer Serie von Versuchen ergab sich, dass grobe Substrate zu stärkerem Befall führten als feine Substrate. Materialien zur Abdeckung des Substrats um Eiablage zu verhindern waren sehr unterschiedlich geeignet. Gute Eignung: einzelne Torfherkünfte, Quarzsand, Perlit; nicht geeignet: Flusssand, trockene Kräuter, Vermiculit, Chitin, Kokosfasern, Toresa Holzfasern, Flachsfasern und div. Torfherkünfte. Die Wirksamkeit von *Bacillus*

thuringiensis var. *israelensis* war abhängig von der angewendeten Konzentration, der Häufigkeit der Anwendung, dem Anwendungsintervall und nicht zuletzt von der Zusammensetzung des Kultursubstrats. Meist, aber nicht immer verlässlich, wirksam war eine mindestens dreimalige Anwendung im Abstand von ca. 7 Tagen von 3 g /Liter Wasser, 60 ml/Topf gegossen. Die Zumischung von Neempreskuchen oder von scheinbar Trauermückenabweisenden Kräutern zum Kultursubstrat hat wiederholt den Trauermückenbefall erheblich gesteigert und nicht verringert. Trauermückeneier werden nicht nur an der Topfoberfläche abgelegt, sondern auch in erheblichem Maß an den Topflöchern, eine Tatsache die bei der Bekämpfung bedacht werden muss.

Differenzierter Winterdienst als moderne Entwicklung der Streusalzanwendung zur Reduktion der Belastung von Stadtbäumen

Hartmut Balder, Technische Fachhochschule Berlin

Der unkontrollierte Einsatz von Auftaumitteln im inner- und außerstädtischen Winterdienst hat in den 70er Jahren zu nachhaltigen Schäden am Straßenbegleitgrün geführt. Rechtliche Einschränkungen und technische Verbesserungen haben nachfolgend einen umweltschonenderen Winterdienst ermöglicht. Als neueste Entwicklung bietet ein sog. differenzierter Winterdienst eine weitere Reduktion der Salzmengen an. Dieser versteht sich als bestmöglicher Kompromiss zwischen Verkehrssicherheit, Umweltschutz und Wirtschaftlichkeit. Differenzierung heißt dabei, dass nicht auf allen Straßen und bei jeder Wetterlage die gleiche Strategie angewendet wird, sondern entsprechend den Erfordernissen örtlich begrenzte und angepasste Maßnahmen durchgeführt werden. Der differenzierte Winterdienst beinhaltet auch die Möglichkeit der Einleitung von Präventivmaßnahmen bei besonderen witterungsbedingten Voraussetzungen. Diese vorab ausgebrachten geringen Feuchtsalzmengen haften auf der Fahrbahn und helfen bei Eintritt des glättebildenden Ereignisses das Entstehen von Glätte zu vermeiden. In einem dreijährigen Modellprojekt wurde im realen Winterdienst in einer Zusammenarbeit des Pflanzenschutzamtes Berlin, den Berliner Stadtreinigungsbetrieben (BSR) und der Berliner Senatsverwaltung für Stadtentwicklung den ökologischen Folgen dieser Winterdiensttechnik nachgegangen. Es konnte gezeigt werden, dass die Anzahl der Einsatzfahrten im Vergleich zum herkömmlichen Winterdienst zwar höher war, die erforderliche Streusalzmenge jedoch deutlich gesenkt werden konnte. Hiermit liegt ein Beispiel eines Schadstoffmanagements vor, bei dem eine moderne Technik nachhaltig zur Umweltentlastung eines seit langer Zeit bekannten Schadstoffes beiträgt.

Projektgruppe „Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen“

Ute Gärber und Wilhelm Dercks

Am 22. Februar 2005 fand am ersten Tag des 15. Bernburger Winterseminars zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion nach der Vortragsreihe die 7. Sitzung der Projektgruppe „Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen“ des Arbeitskreises „Phytomedizin im Gartenbau“ der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft statt. 23 Interessenten aus Wissenschaft und Praxis nahmen an der diesjährigen Veranstaltung teil.

Im Mittelpunkt der Projektgruppensitzung stand die biologische Bekämpfung tierischer Schaderreger in Topfkräutern. Schädlinge im Kräuteranbau unter Glas sind in der Praxis zunehmend ein Problem. Im Rahmen eines Forschungs- und Entwicklungsvorhabens zum Einsatz von Nützlingen (FuE-Projekt „Nützlinge II“) fand diese Problematik verstärkt Berücksichtigung. Herr Dr. Dercks von der Fachhochschule Erfurt, Fachbereich Gartenbau gab einleitend einige Hintergrundinformationen zur Entstehung, zur Organisation und zu inhaltlichen Fragen des FuE – Projektes „Nützlinge II“. In den Jahren 2000 bis 2003 wurde vom Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) ein Forschungs- und Entwicklungsvorhaben zur Optimierung des biologischen Pflanzenschutzes mit Nützlingen (Verbundvorhaben „Nützlinge“) mit Schwerpunkt des Nützlingseinsatzes in Zierpflanzen gefördert. Aufgrund der positiven Ergebnisse fördert das BMVEL nun ein Folgeprojekt, das Verbundvorhaben „Nützlinge II“ mit einer dreijährigen Laufzeit bis 2006. Das Projekt wurde hinsichtlich der Standorte als auch der Anzahl der zu betreuenden Betriebe erweitert. Es besteht aus insgesamt 30 Betrieben, die regional zu sechs Projekten (Hamburg, Hannover, Bonn, Rostock, Neustadt an der Weinstraße und Erfurt) zusammengefasst wurden. Den Betrieben einer Region steht eine wissenschaftliche Betreuung zur Seite, die Hilfestellung bei betrieblichen Fragen und Entscheidungen leistet. Die verschiedenen Projekte werden überregional von Frau Dr. Ellen Richter aus dem Institut für Pflanzenschutz im Gartenbau der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft koordiniert.

Erste Ergebnisse wurden von Herrn Dr. Dercks in Vertretung für Frau Immik zum Einsatz von Nützlingen in Arznei- und Gewürzpflanzen, speziell in Topfkräutern vorgestellt, die in dem Teilprojekt Rheinpfalz des FuE-Projektes „Nützlinge II“ am Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum Rheinpfalz in Neustadt an der Weinstraße erarbeitet wurden. Ziel dieses Teilprojektes ist es, ein gesichertes Konzept zur biologischen Bekämpfung der bedeutenden Schädlinge in der Topfkräuterproduktion zu erstellen. Es finden Praxisversuche auf 1500 m² Gewächshausfläche und in einer 800 m²

großen Schattenhalle im Betrieb Lützel in Hanhofen statt. Bei den zu bekämpfenden Schädlingen handelt es sich hauptsächlich um Weiße Fliegen, Thripse, Blattläuse und Spinnmilben. Minierfliegen und Raupen treten in diesem Betrieb eher sporadisch auf. Besonderer Untersuchungsbedarf besteht bei der Thripsbekämpfung in der Hauptkultur Basilikum. Eine permanente Freilassung von Raubmilben der Gattung *Amblyseius* als Streuware ist problematisch, da die Kleie auf den Blättern verbleibt und die Gefahr einer Infektion mit dem pilzlichen Erreger *Botrytis cinerea* deutlich erhöht. Deshalb wurden zwei Vorgehensweisen untersucht. Zum Einen die einmalige Freilassung großer Mengen an *Amblyseius* - Raubmilben direkt nach dem Keimen und zum Anderen der Einsatz von Tütenware. Es zeigte sich, dass der einmalige Einsatz von *Amblyseius cucumeris* und *A. barkeri* als Streuware mit einer Ausbringungsmenge von 100 Tieren pro m² kurz nach der Aussaat zu einer ausreichenden Bekämpfung führt. Der Einsatz von Tütenware ergab in Bezug auf den Thripsbefall und auf die Thripsschäden schlechtere Ergebnisse, zudem war das Streuverfahren für den Betrieb praktikabler. Aufgrund der kurzen Kulturzeit vieler Topfkräuter gestaltet sich der regelmäßige Einsatz von Nützlingen direkt in die Kultur schwierig. Deshalb wurde im Projekt zur Bekämpfung des Problemschädling Weiße Fliege eine frühzeitige Etablierung verschiedener Nützlinge angestrebt. Es wurden *Encarsia formosa* Schlupfwespen an verschiedenen Kräutern als Basispflanzen und *Macrolophus pygmaeus* Raubwanzen an Tabakpflanzen eingesetzt. Die Etablierung der *Encarsia* – Schlupfwespen war nicht zufrieden stellend. Ein Problem stellte auch der zusätzliche Pflegeaufwand für die Basispflanzen dar. Da die Pflanzen oftmals Trockenstress hatten, waren sie sehr anfällig für weitere Schädlinge wie beispielsweise Spinnmilben und Blattläuse. Im Jahr 2005 wird die Ausbringung an Stäben, die in Töpfen mit Sand stecken, also als reine Halterung dienen, stattfinden. Sehr viel versprechend zeigte sich der Einsatz von *Macrolophus pygmaeus* in Topfkräutern. Die polyphage Raubwanze wandert in den Bestand über. Im Jahr 2004 wurde beobachtet, dass sich der Nützlich in Salbei gut vermehrt. Deshalb soll im Folgejahr die Offene Zucht von *Macrolophus* direkt an Salbei getestet werden. Der Pflegeaufwand ist deutlich geringer als bei Tabakpflanzen und man muss den Salbei nicht zurückschneiden. Durch das Einkürzen der Tabakpflanzen wird immer ein gewisser Anteil an Eiern, welche ins Pflanzengewebe abgelegt werden, entfernt. Zur Bekämpfung der Blattläuse wurden im Frühjahr 2004 (KW 16) Schlupfwespen (*Aphidius ervi*, *A. colemani*) und Räuberische Gallmücken (*Aphidoletes aphidimyza*) an Sommertriticale mit Getreideblattläusen freigelassen. Obwohl sich zunächst die Blattläuse rasant vermehrten, holten die Nützlinge

schnell auf und konnten den Befall regulieren. An Spinnmilben traten neben der Gemeinen Spinnmilbe *Tetranychus urticae* noch weitere Spinnmilbenarten auf (*Tetranychus cinnabarinus*, *Brevipalpus sp.*). Diese ließen sich nicht ausreichend mit der Raubmilbe *Phytoseiulus persimilis* bekämpfen. Häufig trat ein natürlicher Zuflug der Räuberischen Gallmücke *Feltiella acarisuga* auf. In der Schattenhalle kam bisher die einheimische und polyphage Raubwanze *Orius* zum Einsatz, eine Wirkung auf die verschiedenen Schädlinge war nicht eindeutig festzustellen. Deshalb soll im Folgejahr auch hier die Raubwanze *Macrolophus pygmaeus* in offener Zucht an Salbei freigelassen werden. Ein großes Problem stellt in diesem Betrieb wie auch in vielen anderen Kräuterbetrieben der zunehmende Befall mit Zikaden dar. Hieran wird im weiteren Projektverlauf gearbeitet.

Frau Dehe vom Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum Rheinpfalz aus Bad Neuenahr-Ahrweiler stellte erste Untersuchungsergebnisse zur Bekämpfung von Zikaden an Topfkräutern am Beispiel des Kubanischen Basilikums und des Dalmatinischen Salbeis vor. Zikaden sind ein für die Praxis großes Problem. Durch Zikaden wird an den Kräutern Weißfleckigkeit verursacht, wodurch die Ware nicht mehr verkaufsfähig ist. Über die Zikaden und deren Lebenszyklus ist wenig bekannt. Derzeit gibt es keine einsetzbaren Nützlinge. In den Gewächshausversuchen des DLR Rheinpfalz konnte bei einer Behandlung mit NeemAzal-T/S (0,5%) und Spruzit flüssig + Neudosan (0,1% + 0,1%) bei Netzabdeckung der Befall mit Zikaden deutlich reduziert werden. Mit NeemAzal-T/S wurde ein höherer Wirkungsgrad erreicht als mit Spruzit flüssig+Neudosan, wobei zu berücksichtigen ist, dass NeemAzal-T/S zweimal, Spruzit flüssig + Neudosan dagegen nur einmal appliziert wurde. Phytotoxische Schäden wurden nicht beobachtet. Die Versuche sollen fortgeführt werden, um praxisreife Lösungen zu erarbeiten. NeemAzal-T/S ist in diesem Anwendungsgebiet nicht zugelassen und deshalb nur in Versuchen zu verwenden.

In der Diskussion wurde das Problem mit Zikaden im Kräuteranbau bestätigt. In Thüringen sind starke Schäden durch Zikaden an Zitronenmelisse aufgetreten. Die vorkommenden Zikadenarten sind nicht bekannt. Einsendungen bei Zikadenbefall können in begrenztem Umfang zur Artbestimmung an Herrn Dr. Hommes vom Institut für Pflanzenschutz im Gartenbau der Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft geschickt werden. Dringend erforderlich ist die Erforschung der Biologie und Epidemiologie der Zikaden. Bei der Anfrage zur Zulassung von Pflanzenschutzmitteln im Ökologischen Anbau in den Bundesländern verwies Herr Dercks auf die einheitliche Regelung der Zulassung über die Lückenindikation, auf die Mittel,

welche im Ökologischen Anbau eingesetzt werden dürfen und auf die Substanzen, welche zur Herstellung von Pflanzenschutzmitteln im eigenen Betrieb verwendet werden dürfen (www.bba.de). Eine Einschränkung zur Anwendung über die Verbände ist damit jedoch nicht ausgeschlossen. Zum Einsatz von Nützlingen in Topfkrautern liegen in den Niederlanden seit Jahren breite Erfahrungen vor. Ein Erfahrungsaustausch für eine erfolgreiche Anwendung wurde in der Diskussion angeregt.

Herr Dr. Dercks informierte kurz über den Stand der Arbeiten zum Kapitel Pflanzenschutz des Standardwerkes Arznei- und Gewürzpflanzen, das bis zum Herbst 2005 fertig zu stellen ist und dankte allen Mitwirkenden für ihre Zuarbeit. Das Forschungsprojekt "Empirische Erhebungen zum Auftreten von Schadorganismen an Arznei- und Gewürzpflanzen" wird nach zweifacher erfolgloser Antragsstellung aufgegeben. Ziel war es, vorhandene Kenntnisse zum Schaderregerauftreten und Schadensausmaß in wichtigen Kulturen der Arznei- und Gewürzpflanzen zu bündeln, durch eine bundesweite Fragebogenaktion detailliertere Informationen zu den Anbaubedingungen, zum Befallsauftreten und zur Befallsentwicklung, zu den Sorten und zu weiteren Faktoren zu erhalten, um gezielt Rückschlüsse auf eine Regulierung der Krankheiten und Schädlingen ziehen zu können. Bei unklarer Diagnose sollte in ausgewählten Fällen Untersuchungen im Labor und Pathogenitätstests durchgeführt werden.

Das nächste Treffen der Projektgruppe wird am ersten Tagungstag des Bernburger Winterseminars 2006 stattfinden (21. Februar 2006). Alle Mitglieder der Projektgruppe und Interessenten sind herzlich eingeladen. Anregungen zur Projektgruppenarbeit und Beiträge für die Sitzung der Projektgruppe in 2006 sind jederzeit willkommen.

Arbeitskreis Integrierte Pflanzenproduktion-Projektgruppe Kartoffel
(die Tagung fand vom 2.-3.3.2005 in der BBA Braunschweig statt)

„Methodik und Durchführung von Phytophthora-Infektionsversuchen in Kartoffeln“

Herbert Pralle:

In Zusammenarbeit mit der Spiess-Urania Chemicals GmbH wurden in den Jahren 2002 bis 2004 an der Fachhochschule Osnabrück Phytophthora-Infektionsversuche an Kartoffeln durchgeführt. Ziel dieser Versuche war es, die Regenfestigkeit ausgewählter Fungizide zu vergleichen. Die Fungizidapplikationen erfolgten in für diese Zwecke üblichen Freiland-Feldversuchen. Aus diesen wurden pro Variante ca. 30 etwa gleich entwickelte und weitest-

gehend frei exponierte Fiederblätter entnommen, um sie unter Laborbedingungen zu inokulieren und anschließend zu inkubieren. Hierzu wurden mehrere 6 Blätter einer Variante in mit angefeuchtetem Fliess ausgelegte Aluminiumschalen gelegt und gleichmäßig mit einer Sporangiensuspension (100.000 Sporangien/ml) besprüht. Nach dem Aufsprühen der Suspension erfolgte ein Wenden der Fiederblätter, so dass sie nun mit ihren Oberseiten nach unten auf dem feuchten Fliess lagen. Durchsichtige Kunststoffbeutel, welche anschließend über die Schalen gezogen und deren Öffnungen umgeschlagen wurden, verhinderten ein Entweichen der enthaltenen Feuchtigkeit. Auf diese Weise konnte in den Beuteln eine relative Luftfeuchtigkeit von annähernd 100% erreicht werden.

Die Inkubation erfolgte in einer Klimakammer bei einer Temperatur von ca. 18°C. Per Beleuchtung wurde ein Tag-Nachtrhythmus simuliert, welcher sich positiv auf die Lebensdauer der Blätter auswirkte. Es konnten Inkubationszeiten von 8 - 10 Tagen realisiert werden, ehe die Blätter schließlich - auch ohne Phytophthorabefall - verfaulten.

Die Ermittlung des Befalls erfolgte anhand visueller Bonituren. Es wurden die 5 bis 7 vorhandenen großen Einzelblättchen eines jeden Fiederblattes separat bonitiert. Eine differenzierte Einschätzung des Befallsgrades war in Stufen von 10% möglich. Anhand der getrennten Bonitur der Einzelblättchen ergaben sich rund 40 Einzelwerte pro Schale, so dass bei 2 Schalen pro Variante mindestens 80 Einzelwerte für statistische Berechnungen zur Verfügung standen. Die Bonituren erfolgten zeitlich gestaffelt nach 4, 6 und 8 Tagen und folgten immer einem gleichbleibenden Schema, um auch die Befallsentwicklung eines jeden Einzelblattes fest zu halten.

Die Beurteilung der geprüften Fungizide bzw. Regenstufen erfolgte anhand der arithmetischen Mittelwertbildung aus den Einzelwerten oder des Take All Indexes (TAI). Dieser errechnet sich aus Eingruppierung der jeweiligen Einzelwerte in Befallsklassen (in 10%-Schritten) und Gewichtung dieser Einzelklassen nach folgender Formel:

$$(n_{10} * 10) + (n_{20} * 20) + (n_{30} * 30) + \dots + (n_{100} * 100) / 100$$

Dabei bedeuten n_{10} Anteil in % der jeweiligen Einzelblättchen einer Variante mit einem Befallsgrad von 0 – 10%, n_{20} Anteil der Einzelblättchen mit einem Befallsgrad von 11 – 20 % usw.

Bewertung dieser Methodik: Die Vorteile dieser kombinierten Freiland-Laborversuche nach der „Ganzblatt-Methode“ sind:

Ein weitestgehend praxisnaher Ablauf von Pflanzenwachstum und Fungizidapplikation, die sehr hohe Anzahl von ermittelbaren Einzelwerten bei gerin-

ger Feldversuchsgröße und die einfache Durchführbarkeit bei recht sicherer Etablierung des Phytophthorabefalls auf den infizierten Blättern.

Als Nachteil ist insbesondere der erhebliche Platzbedarf von ca. 0,4 m² beleuchtbarer und temperaturgeregelter Fläche pro Schale während der Inkubationsphase zu nennen. Kritisch kann auch ein latent vorhandener Ausgangsbefall der Blätter vor der Infektion sein. Dieses Risiko kann durch eine möglichst frühzeitige Entnahme der Blätter aus dem Versuch minimiert werden. Zur Überprüfung eines etwaigen Vorbefalls empfiehlt es sich auch, nicht künstlich infizierte Blätter mit zu inkubieren und auf Befehl zu bonitieren.

Versuchsergebnisse zur Drahtwurmbekämpfung in Kartoffeln

Zellner, M. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz, Lange Point 10, 85354 Freising – Weißenstephan,; E-mail: Michael.Zellner@Lfl.bayern.de

Drahtwürmer, wie die Larven des Saatschnellkäfers genannt werden, sind sowohl in konventionell als auch in ökologisch bewirtschafteten Flächen auf dem Vormarsch. In Kartoffeln frisst der Schädling Bohrgänge in die Knollen. Betroffene Partien sind in der Qualität stark gemindert und häufig nicht mehr als Speise-, Veredelungs- oder Pflanzkartoffeln vermarktungsfähig. Die zunehmenden Schäden durch den Drahtwurm haben nach unseren Erfahrungen folgende Ursachen:

- verstärkter Zwischenfruchtanbau beziehungsweise Feldfutterbau
- Flächenstilllegungen
- Zunahme der Verunkrautung insbesondere des Queckenbesatzes auf Ackerflächen
- Verbleib des Getreidestrohs auf den Feldern.

Da sich an diesen befallsfördernden Faktoren in der landwirtschaftlichen Praxis kaum etwas ändern lässt, wurden von uns in den letzten zehn Jahren zahlreiche Feldversuche zur Bekämpfung des Drahtwurms im Kartoffelbau durchgeführt. Im einzelnen waren dies:

- Kalkstickstoff (Aufwandmenge 400 kg/ha); In einer Prüfvariante wurde der Dünger unmittelbar vor der Pflanzung der Kartoffeln ganzflächig ausgebracht und flach in den Boden eingearbeitet und in einem zweiten Versuchsansatz zum Häufeln gestreut.
- Knollenbehandlung mit Gaucho 600 FS (Wirkstoff: Imidacloprid) mit 0,35 l/ha und 0,7 l/ha. Das Insektizid ist inzwischen als Beize gegen Blattläuse als Virusvektoren in Kartoffeln zugelassen, aller-

dings mit 0,3 l/ha in einer niedrigeren Aufwandmenge als von uns vor dieser Zulassung in den Drahtwurmbekämpfungsversuchen eingesetzt!

- Flächenbehandlung mit Insektizidgranulaten. Dazu wurden unmittelbar vor der Pflanzung zum einen das Nematizid „Nemathorin“ (Wirkstoff: Fosthiazate) und zum anderen das in Deutschland jetzt nicht mehr zugelassene Mocap 20 GS unmittelbar vor der Pflanzung ganzflächig ausgebracht und flach in den Boden eingearbeitet.

Tabelle 1: Wirkung verschiedenen Bekämpfungsstrategien gegen Drahtwürmer in Kartoffeln

Variante	Aufwand-Menge	n	BH Kontrolle	BH Variante	Ø WG in % (von...bis)
Kalkstickstoff					
Kalkstickstoff (VSE)	400 kg/ha	15	22	17	21 (0 - 90)
Kalkstickstoff (Häufeln)	400 kg/ha	2	6	4	34 (32 - 70)
Beizung der Pflanzknollen					
Gaucht 600 FS	0,35 l/ha*	4	16	14	11 (0 - 42)
Gaucht 600 FS	0,7 l/ha*	3	20	16	21 (9 - 94)
Flächenbehandlung mit Insektiziden					
Nemathorin (VSE)	30 kg/ha	11	27	18	34 (14 - 73)
Mocap 20 GS (VSE)	60 kg/ha	2	7	3	57 (26 - 64)

BH = Befallshäufigkeit; WG = Wirkungsgrad gegenüber der Kontrolle; VSE = Vor-saat-Einarbeitung; n= Anzahl der Versuche; * zugelassene Aufwandmenge von Gaucht 600 FS ist 0,3 l/ha

Zur Kartoffelernte wurden die Knollen auf Fraßstellen bonitiert und daraus die Befallshäufigkeit ermittelt. Wie aus der Tabelle 1 ersichtlich ist, konnte in den Versuchen keine der geprüften Variante überzeugen. Dies vor allem auch unter dem Gesichtspunkt, dass der Bekämpfungserfolg von Jahr zu Jahr stark schwankte. Beispielsweise konnte durch Kalkstickstoff und Gaucho 600 FS im Versuchsjahr 2000 keinerlei Befallsreduzierung erreicht werden. Vermutlich hat die Frühjahrswitterung einen entscheidenden Einfluss auf den Bekämpfungserfolg. Unter trockenen Bedingungen hält sich der Drahtwurm in tieferen Bodenschichten auf. Damit ist er außerhalb des Wirkungsbereichs der eingesetzten Bekämpfungsmittel.

Ein zweiter Bekämpfungsansatz bestand darin, den Drahtwurm nicht nur in Kartoffeln, sondern am selben Standort über die Dauer einer dreigliedrigen Fruchtfolge hinweg in allen Kulturen zu bekämpfen. Dazu wurde das Saatbeziehungsweise Pflanzgut der einzelnen Fruchtfolgeglieder auf einem Teil des Schlages mit dem Wirkstoff Imidacloprid inkrustiert. Für Mais war dies „Gaucho“, für Getreide „Manta Plus“ und für Kartoffeln „Monceren G“ mit den in den Kulturen dafür zugelassenen Aufwandmengen. Im dritten Versuchsjahr wurde dann zur Ernte der Drahtwurmbesatz in Kartoffeln bonitiert.

Tabelle 2: Ergebnisse der Drahtwurmbonitur im Fruchtfolgeglied „Kartoffeln“

Standort:	Deiselkühn ¹⁾		Lindenlohe ¹⁾		Feldkirchen ²⁾		Ø
	BH	WG	BH	WG	BH	WG	
Vorvorfrucht:	Winterweizen		Winterweizen		Kartoffeln		
Vorfrucht:	Sommergerste		Silomais		Winterweizen		
	BH	WG	BH	WG	BH	WG	WG
Variante	in %						
ohne Saatgutbehandlung	87	-	18	-	53	-	-
mit Saatgutbehandlung	80	8	18	0	27	49	19

BH = Befallshäufigkeit geschädigter Knollen; WG = Wirkungsgrad;
 1) Versuchsansteller LwA Regensburg; 2) Versuchsansteller LwA Ingolstadt

Wie aus der Tabelle 2 hervorgeht, konnte durch den Einsatz von Imidacloprid in allen Fruchtfolgegliedern der Drahtwurmbefall an Kartoffeln im Mittel über die drei Versuchsorte gegenüber der Variante „ohne Saatgutbehand-

lung“ lediglich um 19 % reduziert werden. Der unbefriedigende Wirkungsgrad ist vermutlich darauf zurückzuführen, dass Imidacloprid die Drahtwürmer nicht abtötet, sondern lediglich eine repellente Wirkung ausübt. Dadurch kann zwar das Saatgut und der Keimling geschützt werden, die Anzahl der Drahtwürmer im Boden wird jedoch nicht vermindert.

Zusammengefasst lässt sich aus den Versuchsergebnissen ableiten, dass die von uns geprüften Behandlungsstrategien zur Drahtwurmbekämpfung bestenfalls Teilerfolge ermöglichen. Auf Flächen mit hohem Ausgangsbesatz an Drahtwürmern ist für den Kartoffelanbauer derzeit keine praxistaugliche Lösung vorhanden.

Validierung des Prognosemodells SIMLEP 3 in fünf Mitgliedsstaaten der Europäischen Union (EU)

Preiß, U. ¹⁾; Butturini, A. ²⁾; Jörg, E. ³⁾; Kleinhenz, B. ¹⁾; Schmiedl, J. ⁴⁾; Wójtowicz, A. ⁵⁾; Zemljic-Urbancic, M. ⁶⁾; ¹⁾ ZEPP, Rüdesheimerstrasse 60-68, 55455 Bad Kreuznach, Deutschland, E-Mail: info@zepp.info; ²⁾ Servizio Fitosanitario Regiona, Emilia-Romagna, Via Corticella, 133, I-40129 Bologna, Italien; ³⁾ DLR R-N-H, Rüdesheimerstrasse 60-68, 55455 Bad Kreuznach, Deutschland; ⁴⁾ Landwirtschaftskammer Niederösterreich, Pflanzenschutzreferat, Wienerstrasse 64, A-3100 St. Pölten, Österreich; ⁵⁾ Instytut Ochrony Roslin, ul. Miczurina 20, PL-60318 Poznan, Polen; ⁶⁾ Agricultural Institute of Slovenia, Hacquetova 17, 1001 Ljubljana, Slowenien

In gemeinsamen Untersuchungen der o.g. Institutionen wurde das Prognosemodell SIMLEP validiert. Das Modell dient zur Prognose des Erscheinens der Individuen, der Ermittlung der Entwicklungsstadien und der Anzahl der Individuen des Kartoffelkäfers (*Leptinotarsa decemlineata* SAY). Es wird zur Bestimmung des Zeitraums der Überschreitung von Bekämpfungsrichtwerten genutzt. Die Prognose erfolgt mit Hilfe von zwei Modellen. Dabei wird das SIMLEP1 für die Bestimmung des Erstauftretens von Eigelegen herangezogen. Die Anzahl Eigelege zu diesem Termin wird als Eingangsparmeter für das SIMLEP3-Modell benötigt. Mit dem Modell SIMLEP3 erfolgt dann die Berechnung der Erstauftreten der Larvalstadien und die Prognose der Zeiträume für das Massenaufreten von Eigelegen und Larven. Innerhalb dieser Zeiträume werden die Entscheidungsbonituren für einen Insektizideinsatz durchgeführt. Ziel der Untersuchungen war es, festzustellen ob das SIMLEP-Modell unter den verschiedenen Anbaubedingungen der untersuchten Regionen einsetzbar ist. Für die Untersuchungen wurden wöchentliche Bonituren in Deutschland, Polen, Österreich und Italien durchgeführt. Für Slowenien konnte eine erste Auswertung mit Archivdaten

vorgenommen werden (Tabelle 1). Für die Modellrechnung ist die Temperatur in 2 Meter Höhe in stündlicher Auflösung erforderlich. Bei der Anwendung des Computerprogramms war besonders bei den neuen Mitgliedsstaaten der EU erheblicher Aufwand für die Konvertierung und Plausibilitätsprüfungen der Wetterdaten erforderlich. Zur Validierung des SIMLEP3-Modells wurden die prognostizierten Termine für das Erstaufreten und die Zeiträume für das Massenaufreten mit den bonitierten Daten verglichen.

Die Mehrheit der Erstaufretenstermine der Larvenstadien wurden mit geringer Abweichungen von einer Woche getroffen. Die maxi-

Tabelle 1: Verfügbare Datensätze für SIMLEP

Land	1999	2000	2001	2002	2003	2004	Gesamt
Deutschland	11	20	12	3	7	4	57
Italien	----	----	2	2	2	----	6
Österreich	----	----	----	2	2	3	7
Polen	----	----	----	----	1	1	2
Slowenien	----	----	----	1	1	1	3

male Abweichung der Prognosen lag bei 18 Tage früher und bis maximal 10 Tagen verspätet. Die Auswertung zeigte, dass das Massenaufreten der Eigelege für 51 geprüfte Datensätze zu 90% richtige Prognosen enthielt. Das zentrale Ziel der Modellnutzung ist es, dass Massenaufreten der Junglarven (L1/2) zu prognostizieren, da diese Stadien für eine optimale Kartoffelkäferbekämpfung getroffen werden müssen (PREIB et al. 2004). Das Massenaufreten der Junglarven wurde für 56 Datensätze geprüft und zu 86% korrekt berechnet. Somit zeichnet sich das SIMLEP-Modell durch eine hohe Zuverlässigkeit und Treffsicherheit aus. Deutschlandweit war das Modell in allen Prüffahren erfolgreich. In Italien wurden sowohl bei der Erstaufretensprognose als auch bei der Massenaufretensprognose der verschiedenen Stadien optimale Ergebnisse erzielt. In Österreich waren standortbedingt leichte Abweichungen zwischen Prognosewerten und Boniturwerten zu erkennen. Eine eingehende Prüfung ergab, dass dies auf zu späten Boniturbeginn zurückzuführen war. Die erste Prüfung des Modells für die slowenischen Archivdaten zeigte, dass SIMLEP3 bis zu zwei Wochen zu frühe Prognosen berechnete. Die Daten wurden jedoch nicht nach der ZEPP – Standardmethode erhoben. Daher sind ab 2005 bis 2008 weitere Validierungen geplant.

Das SIMLEP-Modell konnte nahezu in allen Ländern erfolgreich validiert werden. Durch die optimale Bestimmung des Bekämpfungszeitpunktes trägt es zur Optimierung des Resistenzmanagements und zur Reduzierung des Insektizideintrages in die Umwelt bei. Das SIMLEP-Modell wird der Offizialberatung in allen fünf Mitgliedsländern unter der PASO-Oberfläche bereitgestellt. Und in Deutschland und Österreich in Kombination mit Beraterhinweisen und regionalen Bonituren unter www.isip.de verfügbar.

Landwirte und Berater können individuelle, schlagspezifische Prognosen berechnen.

Literatur: Preiß, U.; Racca, P.; Jörg, E.; Wegorek, P.:(2004) Insektizidresistenzwirkung beim Kartoffelkäfer. 54. Pflanzenschutztagung Hamburg, Hrsg. Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Heft 396, 188, Berlin und Braunschweig

Versuche zur Bekämpfung von Schnellkäferlarven (Drahtwurm) in Kartoffeln

Fritz Brendler, LWK NRW, Pflanzenschutzdienst Bonn

2004 wurde im Rahmen einer gemeinschaftlichen Versuchsanstellung der Arbeitsgruppe Kartoffeln ein Versuch zur Bekämpfung von Drahtwurm in Kartoffeln im Köderverfahren angelegt.

Der Versuch wurde auf einer ehemaligen Stilllegungsfläche in Hersel (Rheinland) in der Sorte Cilena durchgeführt. Pflanztermin: 16. April 2004, Ernte: 24. August 2004.

Als Köder wurden mit verschiedenen Insektiziden (alpha Cypermethrin, Tefluthrin) behandelte Weizenkörner sowie ein Fertigmöder (Fipronil) verwendet. Die Unkrautbekämpfung wurde mit 2,5 kg/ha Artist durchgeführt, was eine Keimung der Weizenkörner ermöglichte.

Zur Auswertung wurden insgesamt 400 Knollen aus 4 Wiederholungen ausgewertet.

In der Kontrolle wiesen lediglich 4,75% der bonitierten Knollen keinen Befall auf. In beiden Fastac-Varianten waren jeweils 7,75%, in Force 500ml 5,75%, in Force 200ml 4,5% ohne Befall. Am besten präsentierten sich die Fipronil Fertigmöder mit 46,75% (bei 7,5 kg/ha) bzw. 75,75% (bei 10 kg/ha) unbefallene Knollen.

1 Kontrolle
2 Fastac 800 ml/100kg 100 Kö/m²
3 Fastac 800 ml/100kg 50 Kö/m²
4 Force 500 ml/100kg 100 Kö/m²
5 Force 200 ml/100 kg 100 Kö/m²
6 PM 7,5 kg/ha
7 PM 10 kg/ha

Der Befallsindex betrug in der Kontrolle 2,88 und sank in der Variante 7 (Fipronil) auf 1,51.

Verwendung der SNP-Analyse zur Differenzierung von fungizid-insensitiven *Phytophthora infestans*-Isolaten aus dem Jahr 2004

Frank Niepold; Biologische Bundesanstalt; Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland; Messeweg 11-12; 38104 Braunschweig

Die molekulare Technik Einzel Nukleotid Polymorphismus (SNP) wird in denjenigen Fällen verwendet, bei denen andere biologische Methoden keine ausreichende Differenzierung mehr leisten können. Das gilt in zunehmendem Maße für *Phytophthora infestans*, bei der mittlerweile Biotests, wie die Pathotypen-Differenzierung mit dem Kartoffel-Tester-Sortiment (1-11), kaum mehr Unterschiede bei einzelnen *P. infestans* -Isolaten aufzeigen können. Die SNP-Analyse wurde deshalb zur Klärung der Frage verwendet, ob sich bei den einzelnen *P. infestans* -Isolaten eine genetische Veränderung in Form einer Punktmutation aufspüren lässt. Objekte der SNP-Analyse waren fungizid insensitive *P. infestans* -Isolate aus dem Jahr 2004, deren genetische Veränderung untersucht werden sollten. Dazu wurden die *P. infestans* -Isolate verschiedenen Stressfaktoren ausgesetzt, indem sie sich abwechselnd an fungizidfreiem und fungizidhaltigem Nährboden adaptieren mussten. Parallel dazu wurden die gleichen Isolate von ihrer Wirtspflanze (Kartoffelblättern) auf den „Nichtwirten“ Schwarzer Nachtschatten (*Solanum nigrum*) überimpft und der stattgefundenen Adaptionsprozess ebenfalls mit der SNP -Analyse untersucht. Als Ergebnis konnte eine Veränderung des DNA-Polymorphismus bei einigen *P. infestans* -Isolaten aufgezeigt werden: Immer dann, wenn fungizid insensitive *P. infestans* -Isolate Stressfaktoren (Fungizide, Schwarzer Nachtschatten) ausgesetzt wurden, war als Folge eine Veränderung (Mutation) bei der SNP-Analyse in Form des Wegfalls von zuvor vorhandenen DNA Fragmenten sichtbar. Da aber eine so schnelle Mutation eines einzelnen Isolates kaum vorstellbar ist, wird vermutet, dass es sich bei den untersuchten Fällen um Populationsgemische von *P. infestans* handeln muss. Es scheint so zu sein, dass je nach Veränderung der „Umweltbedingung“, entweder die eine oder andere *P. infestans* -Population aus einem Populationsgemisch bevorzugt wird. Da diese fungizid-insensitiven *P. infestans* -Isolate von jeweils einer Läsion an Blättern oder Stängeln aus Feldversuchen stammten, scheint es sich bei diesen „Feldisolaten“ wohl um genetische Mischpopulationen zu handeln.

Eine Überprüfung der im Rahmen der Kartoffelarbeiten „Fungizidresistenz“ gesammelten und untersuchten fungizid-insensitiven *P. infestans* -

Isolate ergab in einigen der getesteten Fällen eine erhöhte Fungizid-Insensitivität, die aber bei Verwendung höherer Fungizidkonzentrationen verschwand. Interessanterweise konnten auch bei einigen der parallel gezogenen *P. infestans*-Isolatproben von unbehandelten Flächen ebenfalls fungizid - insensitive *P. infestans* - Isolate gefunden werden, obwohl diese nicht direkt mit Fungiziden in Kontakt gekommen waren. Dieses Ergebnis kann bedeuten, dass bereits natürlicherweise fungizid-insensitive *P. infestans* - Isolate auch an Standorten ohne Fungizidbehandlung vorhanden sind, die dann bei Fungiziddruck selektiert und angereichert werden können. Um zu vermeiden, daß sich solche *P. infestans* -Isolate im Rahmen eines Shiftings an zu geringe Fungizidkonzentrationen anpassen können, sollte von vornherein auf ausreichend ausgebrachte Fungizidmengen geachtet werden. Eine Ausnahme stellt dabei allerdings die genetisch kodierte Metalaxylresistenz bei *P. infestans* dar, die Konzentrations-unabhängig wirkt.

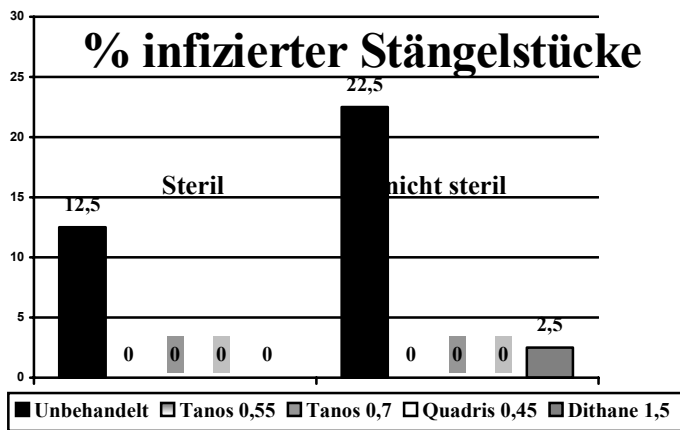
Einfluß von Fungiziden auf die Verbreitung von *Colletotrichum coccodes* (blackdot)

Ketterer. N. ;DuPont de Nemours (Deutschland) GmbH, DuPontstr.1: 61352 Bad Homburg

Der Erreger der *Colletotrichum* -Welkekrankheit ist in allen Kartoffelanbaugebieten nachzuweisen. Die Welke wird meist in Verbindung mit trocken heißer Sommerwitterung festgestellt und oft auch in seiner Bedeutung unterschätzt. Sie hat sowohl Einfluß auf den Ertrag als auch auf die Qualität der Knolle. Eine Bekämpfung ist bis heute nicht möglich.

An der Oregon State University wurden 2004 Versuche durchgeführt, um die weitere

Verbreitung dieses Pilzes durch den Einsatz von Fungiziden zu beeinflussen. Hierzu wurden Kartoffelknollen



der Sorte Russet in Stücke geschnitten und zu je 5 Stücke pro Topf im Gewächshaus randomisiert ausgepflanzt. Die Applikation mit Fungiziden erfolgte 6 Wochen nach der Pflanzung. Nach 24 Stunden erfolgte die Inokulation mit *Colletotrichum coccodes* (200.000 Sporen / ml). Anschließend wurden die Pflanzen 24 Stunden mit Plastiktüten abgedeckt. 6 Wochen nach der Inokulation wurden die Stängel am Boden abgeschnitten, von den Blättern getrennt, und in 3 Teile geschnitten. Danach wurde der obere und untere Stängelteil jeweils 3 Minuten in Clorox (10%) sterilisiert und anschließend nochmals durchgeschnitten (10 Stücke) und auf NP 10 plattiert. Der mittlere, nicht sterile Teil, wurde ebenfalls in 10 Teile geschnitten und auf NP 10 plattiert. Nach 10 tägiger Inkubation bei Dunkelheit erfolgte die Auswertung mittels Mikroskop.

Durch Tanos und Quadris konnte der Befall bei sterilen und nicht sterilen Stängelstücken durch *Colletotrichum* deutlich reduziert werden. Lediglich die Wirkung von Dithane fiel bei nicht sterilen Stängelstücken mit einem Restbefall von 2,5% etwas ab. Diesen ersten positiven Ansätzen zu einer möglichen Bekämpfung dieses Pathogens werden weitere Versuche folgen.

Versuchsergebnisse zum Thema P. infestans – Fungizide und Zusätze: Gibt es Effekte?

Harry Jansing, Syngenta Agro GmbH

Vielfach wird der Zusatz von Additiven zu Pflanzenschutzmitteln empfohlen, womit man sich bestimmte Vorteile erhofft. Ob diese Vorgehensweise auch bei dem Einsatz des Fungizides Shirlan im Kartoffelbau sinnvoll ist, sollte an Hand von Versuchsergebnissen aus 2 Jahren und auf verschiedenen Standorten untersucht werden.

Folgende Vorteile verspricht man sich durch den Einsatz von Additiven: Bessere Verteilung (Spreitung) der Spritzbrühe auf der Zielfläche und intensivere Benetzung der Pflanzenoberfläche; bessere Haftung von Pflanzenschutz -Wirkstoffen auf Pflanzenoberflächen; bessere Penetration, schnelleres Eindringen in das Blatt. In der Folge sollen z.B. möglichst geringe Wirkstoffverluste und/oder eine höhere Regenfestigkeit erreicht werden.

Additive werden eingeteilt in Netzmittel, Haftmittel und Penetrationsmittel. Darüber hinaus werden auch besondere Eigenschaften wie pH-Wert-Absenkung oder -neutralisation, Schnelligkeit der Wirkstoffaufnahme oder Reduzierung der Driftverluste beschrieben. In den dargestellten Versuchen kamen Additive zum Einsatz, die aus verschiedenen Gründen und von verschiedenen Institutionen für diesen Zweck empfohlen worden waren: Silwet

Gold, Agrocer 10, Break Thru, Li 700, sowie ein mit dem Produkt Ranman vertriebener Formulierungshilfsstoff.

Es wurden zwei Versuche vom Standort Rupenest (Landwirtschaftsamt Weser – Ems, Meppen) aus den Jahren 2003 und 2004 sowie ein Versuch vom Standort Bostel (Bezirksstelle Uelzen der LK Hannover) aus dem Jahr 2004, vorgestellt. In allen Versuchen wurden Spritzungen mit dem Fungizid Shirlan solo (0,4 l/ha, durchgängig) und Shirlan + Additiv (0,4 l/ha + empfohlene Menge des Additivs, ebenfalls durchgängig) verglichen.

In die Auswertung wurden die Stängel- und Blattbonituren zu verschiedenen Zeitpunkten, die Erträge in dt/ha und die Stärkeerträge in dt/ha einbezogen.

Keines der zugefügten Additive konnte bei einem der bewerteten Parameter ein gesichert besseres Ergebnis erzielen als die Variante „Shirlan solo“. Es muss also aus diesen Versuchen das Fazit gezogen werden, dass das Produkt Shirlan mit seiner Formulierung für die Indikation „Bekämpfung von *P. infestans*“ schon so weit optimiert ist, dass der Zusatz eines Additives keinen Mehrwert bringt.

Es wurde betont, dass diese Ergebnisse nicht gleichermaßen auf alle anderen Einsätze von Additiven übertragen werden können. So ist z.B. unbestritten, dass bei der Applikation eines blattaktiven Gräserherbizides im Getreide, besonderes bei geringer Luftfeuchtigkeit, mit Hilfe eines Additives wie einem Öl sehr wohl ein besserer Wirkungsgrad erreicht werden kann.

Es müssen aber auch je nach Einsatzzweck Faktoren berücksichtigt werden, die sich möglicherweise nachteilig auswirken können: Überwirkungen und Unverträglichkeiten bei Stresssituationen; negative Beeinflussung von Produktcharakteristika; Kombinationen mit bestimmten Produkten, z.B. bestimmten Kontaktherbiziden oder AHL, können hinsichtlich der Kulturverträglichkeit kritisch sein.

Vor- und Nachteile des Additiveinsatzes müssen also dem Bestimmungszweck entsprechend beurteilt werden. Additive sollten nur entsprechend der Empfehlung des jeweiligen Pflanzenschutzmittel -Vertreibers oder – Herstellers eingesetzt werden. Im Falle des Produktes Shirlan konnten keine Vorteile gefunden werden.

Alternaria und Phytophthora infestans an Kartoffeln - aktuelle Untersuchungsergebnisse -

Hans Hausladen, TU München, Lehrstuhl für Phytopathologie

Populationsstudien *Phytophthora infestans*

Die Untersuchungen zur Populationsstruktur in Deutschland wurden im Jahr 2001 durchgeführt. Insgesamt wurden 86 *Phytophthora*-Isolate von verschie-

denen Anbauregionen gewonnen. Die Bestimmung des mitochondrialen DNA-Haplotyps basiert auf der Methode von Griffith und Shaw (1998). Lediglich 3 der 86 Isolate waren dem Haplotyp Ib (alte Population) zuzuordnen.

Weiterführende Untersuchungen von *Phytophthora*-Isolaten zeigen, dass der Erreger sich angepasst hat und vitaler geworden ist (siehe auch Mitzubuti & Fry, 1998). Die Ergebnisse manifestieren vor allem eine kürzere Latenzzeit. Bisher betrug die Zeitspanne von der Infektion bis zur Symptomausprägung etwa eine Woche. Aktuelle Untersuchungen zeigen, dass im Freiland *Phytophthora*-Populationen vorhanden sind, die bereits 3 bis 5 Tage nach der Infektion Symptome zeigen.

Die kürzere Latenzzeit hat wesentliche Auswirkungen auf die Möglichkeit den Erreger kurativ zu bekämpfen. Es kann sowohl mit systemischen Fungiziden aber auch mit Mischungen von systemischen und Kontaktfungiziden die Infektion durch eine Fungizidmaßnahme 12 Stunden nach der Infektion nicht mehr verhindert werden. Für die Praxis ergibt sich daher die Forderung die erforderlichen Fungizidmaßnahmen protektiv durchzuführen.

Neue Erkenntnisse zum Befallsauftreten von *Phytophthora infestans*

Die Bodenfeuchte spielt bei der Biologie des Erregers eine zentrale Rolle. Untersuchungen an der TU zeigen, dass die latente Ausbreitung von *Phytophthora infestans*, ausgehend von einer infizierten Knolle im Boden, von der Bodenart und Bodenfeuchte abhängig ist (Bässler et al., 2004). Auch die Anzahl von Primärherden im Bestand ist abhängig von der Bodenfeuchte (Van de Zaag, 1958).

In einem 5-jährigen Monitoringkonzept wurden in den Jahren 2000 bis 2004 an mehr als 1200 Standorten das Befallsauftreten am Blatt und Stängel, die Niederschlagsmenge, die Bodenart und die Bodenbefahrbarkeit bewertet.

Die Auswertung der Ergebnisse zeigen, dass nach einer Periode von 5 bis 7 Tagen mit hoher Bodenfeuchte 7 bis 10 Tage später die ersten Symptome am Stängel zu beobachten sind. Die Parameter Entwicklungsstadium, Auflauftermin, und Sortenresistenz haben für das Befallsauftreten eine untergeordnete Bedeutung. Es gilt daher schlagspezifisch eine Bodenfeuchtebewertung durchzuführen und bei einem entsprechenden Intervall von mehreren Tagen hoher Bodenfeuchte die erste Fungizidapplikation durchzuführen.

Eine zweite wichtige Inokulumquelle stellt der Zuflug von Sporangien aus bereits sporulierenden Beständen dar. Das bedeutet, dass von befallenen Pflanzen auf Abfallhaufen oder Folienkartoffeln der Erreger in die Bestände mit dem Wind eingetragen werden kann. Es ist folglich eine geoepidemiologische Erfassung des Erregers in Form eines überregionalen Monitorings

sinnvoll. Ein funktionales Entscheidungskonzept zur Bekämpfung der Kraut- und Knollenfäule in der Praxis besteht aus einer Kombination von einem Monitoring und einer Witterungsbewertung (Hausladen, 2002).

Alternaria alternata und Alternaria solani als Ursache der Dürffleckenkrankheit

In Zusammenhang mit der Ursache der Dürffleckenkrankheit werden die beiden Erreger *Alternaria solani* und *Alternaria alternata* diskutiert. Eine Differenzierung beider Erreger ist anhand der Konidienform möglich. Die Konidien von *Alternaria solani* haben eine Länge von 150-300 µm und eine Breite von 15-19 µm. Die Konidien von *Alternaria alternata* sind kürzer (20-60 µm) und haben eine Breite von 9-18 µm. Anhand der Symptome im Feld ist eine Differenzierung der beiden Erreger nicht möglich. Eine eindeutige Zuordnung der Ursache der Symptomausprägung ist nur durch die PCR-Technik möglich. Mit Hilfe der PCR besteht die Möglichkeit beide Erreger eindeutig zu differenzieren.

Bislang ist man davon ausgegangen, dass die Blätter zunächst von *Alternaria solani* befallen werden. Auf den nekrotisierten Blattgewebe kann sich später *Alternaria alternata* als Saprophyt etablieren.

Umfangreiche Untersuchungen im Jahr 2003 am Standort Weihenstephan dokumentieren, dass zunächst ausschließlich *Alternaria alternata* im Bestand nachzuweisen ist. Erst Ende Juli war neben *Alternaria alternata* auch *Alternaria solani* im Bestand vorzufinden. Mykologische Arbeiten haben gezeigt, dass an diesem Standort keine Welkepathogene wie *Colletotrium*, *Fusarium* und *Verticillium* vorzufinden waren. *Alternaria alternata* kann somit die gesunde Kartoffelpflanze ohne Vorschädigung durch andere Pathogene besiedeln („real pathogen“).

Alternaria-Auftreten in Deutschland

Die Ergebnisse einer deutschlandweiten Erhebung in den Jahren 2000 bis 2004 zum Auftreten der Dürffleckenkrankheit zeigen, dass in diesen Jahren bereits Anfang Juli in nahezu allen Anbauregionen der Erreger vorzufinden war. In den 5-jährigen Untersuchungen ist zu diesem Zeitpunkt eine Verdichtung der Befallmeldungen im Süden zu erkennen. Das überregionale Monitoring zeigt, dass Anfang Juli geringer (untere Blätter zeigen Symptome) und vereinzelt mittlerer Befall (mittlere Blattetagen zeigen deutliche Symptome, häufig mit konzentrischen Kreisen) vorzufinden war. Ab Ende Juli hat der Befall weiter zugenommen.

Erregerprogression und Ertragsrelevanz von Alternaria

Nach bisherigen Erkenntnissen ist die Biologie beider Erreger (*A. solani* und

A. alternata) sehr ähnlich (ROTEM, 1994), ferner ist eine Differenzierung im Feld visuell nicht möglich, so dass im folgenden Absatz beide Pathogene gemeinsam betrachtet werden. Auf der Basis mehrjähriger Versuche lassen sich folgende Aussagen zur Epidemiologie von *Alternaria ssp.* ableiten.

Nach dem Auftreten der ersten Symptome etwa drei Wochen nach dem Auflaufen verbleibt der Erreger über mehrere Wochen auf den untersten Blättern. Eine Zunahme der Befallsstärke war in den meisten Jahren Mitte bis Ende Juli zu beobachten. Zu diesem Zeitpunkt herrschten für den Erreger günstige Witterungsbedingungen (hohe Temperaturen und taufeuchte Blätter in der Nacht) vor. Ferner sind zu diesem Zeitpunkt die Pflanzen physiologisch älter, ein weiterer Parameter, der für eine Erregerausbreitung förderlich ist. Die Besiedelung der Blätter mit *Alternaria ssp.* verlief sehr rasch. Am 25. Juli 2003 war 5% Blattverlust festzustellen. Drei Wochen später betrug der Blattverlust bereits über 80%. Eine vergleichbare Epidemiegeschwindigkeit ist in den anderen Versuchsjahren festzustellen. Durch die Verringerung der Assimilationsfläche wird die Ertragsbildung und die Stärkebildung vermindert. Die zeitliche Verzögerung des Blattverlustes in den Mancozeb-behandelten Varianten führte zu einer Erhöhung des Stärkeertrags um bis zu 25%. Der Stärkeertragszuwachs setzt sich zusammen aus einer Erhöhung des Ernteertrags und einer etwa 10%igen Erhöhung des Stärkegehalt. Durch die Anwendung von *Alternaria*-spezifischen Fungiziden konnten Ertragssteigerungen gegenüber der Kontrolle von mehr als 40% erreicht werden. Die Erfassung der Ertragsbedeutung der Dürffleckenkrankheit in weiteren Kartoffelanbaugebieten erscheint sinnvoll, wobei ein spezielles Versuchsdesign (Grundspritzungen gegen *Phytophthora infestans*) Grundlage für die Bewertung hinsichtlich *Alternaria ssp.* sein muss.

Literatur: BÄSSLER, R.; MADEL, C. und ZINKERNAGEL, V., 2004: Primärbefall durch *Phytophthora infestans* im Kartoffelbau – Einfluss von Bodenart und Bodenfeuchte; Mitt. a. d. Biol. Bundesanstalt. Land-Forstwirtschaft 396, 98. GRIFFITH, W. und SHAW, D.S., 1998: Polymorphism in four mitochondrial Haplotypes are detected after PCR-amplification of DNA from pure cultivars or from host lesions. Appl. Environ. Microbiol., 4007-4014. HAUSLADEN, H., 2002: Grundlagen für ein Entscheidungskonzept zur Bekämpfung der Kraut- und Knollenfäule an Kartoffeln und seine Einführung in die Praxis. Dissertation TU München/Weihenstephan. MITZUBUTI, E.S.G. und FRY, W.E., 1998: Temperature Effects on Developmental Stages of Isolates from Three Clonal Lineages of *Phytophthora infestans*. Phytopathology 88, 837-843. ROTEM, J., 1994: The Genus *Alternaria*. Biology, Epidemiology and Pathogenicity. American Phytopathological Society, St Paul, MN. VAN DE ZAAG, D.E., 1956: Overwintering van *Phytophthora infestans*, tvens einige nieuwe bestrijdingsmogelijkheden. Tijdschrift over Plantenziekten 62, 89-156.

Abschätzung der Regenfestigkeit protektiver Krautfäulefungizide

Hans Glattkowski, Spiess-Urania Chemicals GmbH

In den Jahren 2002-2004 wurden in Zusammenarbeit der Fa. Spiess-Urania Chemicals GmbH mit der Fachhochschule Osnabrück, Fakultät Agrarwissenschaften und Landschaftsarchitektur, kombinierte Freiland-/Laborversuche zur Bestimmung der Regenfestigkeit von protektiven Krautfäulefungiziden durchgeführt. Dabei stand der Aspekt des Wirkungsverlustes durch Beregnung nach ausreichender Antrocknungszeit der Fungizide im Vordergrund.

Die zweifaktoriellen Versuche umfaßten die Faktoren Fungizid (unbehandelte Kontrolle, Dithane NeoTec, Vondac DG, Trimangol und Shirlan) und Beregnungsmenge (0 mm, 20 mm, 40 mm). Knollen der Sorte Linda wurden im Feld in praxisüblicher Weise ausgepflanzt und gepflegt. Nachdem ausreichend Blattmasse entwickelt worden war – vor Auftreten des Erstbefalls – wurden die Kartoffeln je nach Versuchsmitglied mit den oben genannten Fungiziden behandelt. Eine unbehandelte Kontrolle diente sowohl der Berechnung der Wirksamkeit der Fungizidbehandlung, als auch des Wirkungsverlustes aufgrund der Beregnung. Mit einem Rechteckregner wurden nach ausreichender Antrocknungszeit der Fungizide etwa 20 mm beregnet, die Beregnung wurde nach ausreichender Abtrocknung des Blattapparates wiederholt. Die erzielten Beregnungsintensitäten schwankten je nach Jahr und Behandlung zwischen 5 und 10 mm/h. Vor, zwischen und nach den Beregnungsgängen wurden Blattproben je Fungizidvariante geerntet. Diese wurden im Labor mit einer Sporangiensuspension der Krautfäule inokuliert und unter günstigen Bedingungen inkubiert. 4, 6, 8, (10) Tage nach Inokulation wurden die Kartoffelblätter auf den Befallsgrad mit Krautfäule bonitiert. Im Mittel über alle Versuchsjahre unterschieden sich die Fungizide ohne Niederschlag und auch nach 20 mm Niederschlag nicht in ihrer fungiziden Leistung. Nach 40 mm Niederschlag war die Wirksamkeit von Shirlan signifikant höher als die der anderen getesteten Krautfäule-fungizide. In den einzelnen Versuchsjahren ergaben sich deutlichere, signifikante Differenzierungen zwischen den Fungiziden, die jedoch über alle Versuchsjahre hinweg nicht konsistent waren.

Der Wirkungsverlust der Fungizide durch Beregnung im Vergleich zu Wirksamkeit ohne Beregnung war linear und betrug bei Vondac DG/ Trimangol ca. 11,6 % / 10 mm -, bei Dithane NeoTec ca. 8% /10 mm - und bei Shirlan ca. 4 % /10 mm Niederschlag. Die Ergebnisse können dazu dienen, eine Folgespritzung nach Niederschlägen sicherer zu terminieren.

Aus den Mitgliedsverbänden und assoziierten Vereinen

Mitteilungen des VBBM

J. Maxton-Küchenmeister; BIOSpektrum · 4/05 · 11. Jahrgang

Sehr geehrte vbbm-Mitglieder,

Seit der Drucklegung der vbbm-Seiten im Heft 4/05 der Zeitschrift BIOSpektrum (s. www.vbbm.org) hat der vbbm drei Stellungnahmen publiziert:

- Damit die Allerbesten kommen: Fachverbände fordern Stipendien- Programm;

Gemeinsame Erklärung des vbbm, der Deutschen Physikalischen Gesellschaft, der Gesellschaft Deutscher Chemiker und der Gesellschaft Deutscher Naturforscher und Ärzte (GDNÄ) zur Hochschulausbildung ausländischer Studierender in Deutschland.

- Stellungnahme zu Fragen tierexperimenteller Forschung im Europäischen 7. Forschungs-Rahmenprogramm (FP7);

In einer *Contribution* zur Diskussion um die Ausgestaltung des 7. Europäischen Forschungs-Rahmenprogramms unterstützt der vbbm Vorschläge, neben Fragen des *replacement* auch die Aspekte *refinement* und *reduction* zu fördern.

- Aufruf zur Unterstützung eines *European Research Council*; Schreiben an Frau Bundesministerin Bulmahn zur Unterstützung der Pläne zur Einrichtung des *ERC* im Rahmen des europäischen *Framework Programme FP7*.

Die drei Texte können Sie auf der Homepage des vbbm unter www.vbbm.org oder www.bio-bund.de im Volltext nachlesen. Die „contribution“ zu Fragen der Tierversuche beruhte auf einer Initiative der Gesellschaft für Tierversuchskunde. Hiermit möchte ich Sie alle noch einmal motivieren, sich an uns zu wenden, wenn es Anregungen oder auch konkrete Aktivitäten aus den Reihen ihrer Gesellschaften gibt, die eventuell unter dem Dach des vbbm weiter behandelt werden sollten.

Ebenfalls auf der Homepage finden Sie einen Hinweis auf die Online- Umfrage von vbbm, vdbiol und GDCh zu Zeitvertragsregelungen und W- Besoldung. Die Umfrage ist noch bis Ende Juli online. Falls Sie sie noch nicht ausgefüllt haben sollten, bitten wir noch einmal um Beachtung und geeignete Hinweise an die Kolleginnen und Kollegen Ihrer Fachdisziplin.

In den letzten Wochen wurden eine Reihe Vorstellungsgespräche für die Position zur Leitung der vbbm-Geschäftsstelle in Berlin geführt. Wir hoffen Ihnen zeitnah die Besetzung der Stelle verkünden zu können.

Mitteilungen der Gesellschaft

Promotionen

"Evaluierung gentechnischer Ansätze zur Reduktion des Befalls von Kartoffeln (*S. tuberosum*) durch den Oomyceten *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary"

Frau Dr. Silke Rohde, Universität Hannover, Fachbereich Gartenbau, Fachgebiet: Kartoffelneuzüchtung, Gentechnik, Serologischer Pathogennachweis (ELISA); Beginn: 1998, Prüfung: 2003

"Räumliche und zeitliche Verteilung von Unkräutern in Mais".

Herr Dr. Jörg Mehrrens, Institut für Phytomedizin, Fachgebiet Herbologie, durchgeführt bei Herrn Prof. Dr. K. Hurle, Hohenheim.

Neue Mitglieder

Beran, Franziska, Humboldt-Universität, Institut für Gartenbauwissenschaften, Berlin, franzi.beran@gmx.de

Gröber, Heike, Dipl.Ing. agr. , Uni Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung u. Pflanzenschutz, Halle, heikegroeber@hotmail.com

Masur, Clarissa, Dipl. Biol. , Institut für Biologie III, RWTH Aachen, Aachen, masur@bio3.rwth-aachen.de

Meierhofer, Brigitte, Dr. med. vet. , Desinfecta Dienstleistung AG, Dällikonm, Schweiz, info@desinfecta.ch

Wirsal, Stefan G. R., Dr. , Martin-Luther-Universität Halle, Institut für Pflanzenzüchtung u. Pflanzenschutz, Halle, stefan.wirsal@landw.uni-halle.de

Geburtstage

Wir gratulieren unseren Kolleginnen und Kollegen ganz herzlich:

Frau Dr. Dora Godan, Berlin, 29.10.1909

Herrn Friedrich Maul, Bad Homburg, 08.12.1913

Herrn Prof. Dr. Rolf Diercks, München, 17.12.1915

Herrn Karl-Heinz Müller, Kassel, 19.10.1919

Herrn Hans Alarich Feldhus, Oldenburg, 28.10.1919

Herrn Dr. Hans Hornig, Lübeck, 01.12.1920

Frau Dr. Alice Hein, Roth, 15.11.1925

Herrn Prof. Dr. Zoltan Kiraly, Budapest, Ungarn, 15.11.1925

Herrn Dr. Walter Pinsdorf, Nottuln, 28.11.1925

Herrn Ernst Imhof, Taunusstein, 14.12.1925

Herrn Dr. Gottfried Partsch, Linden-Leihgestern, 16.12.1925
Herrn Prof. Klaus Naumann, Aschersleben, 05.10.1930
Herrn Dr. Winfried Kennel, Ravensburg, 08.12.1930
Herrn Dr. Heinrich Lehmann-Danzinger, Göttingen, 11.11.1935
Herrn Dr. Winfried Huth, Braunschweig, 10.12.1935
Herrn Dr. Werner Ludwig Gassert, Frankfurt am Main, 08.11.1940
Herrn Prof. Dr. Radosav Sekulic, Novi Sad, 12.11.1940
Herrn Dr. Friedrich Bischof, Pfinztal-Berghausen, 25.11.1940
Herrn Prof. Dr. Sami El-Dessouki, Heliopolis, Cairo, 28.11.1940
Herrn Dr. Eckhard Lange, Überlingen, 30.11.1940
Herrn Prof. Dr. Jürgen Ebel, München, 29.12.1940

Termine

International Symposium: Integrated Pest Management in Oilseed Rape Date: 3 - 5 April 2006

Place: Pauliner Kirche, Göttingen, Germany (world-renowned historical library in the heart of the old town of Göttingen)

The Symposium will be held at the end of the EU-project MASTER, entitled 'Integrated pest management strategies incorporating bio-control for European oilseed rape pests' (QLK5-CT-2001-01447) (<http://www.rothamsted.bbsrc.ac.uk/pie/master/master.htm>).

<http://www.symposium-ipm-oilseed-rape.de/>

Dr. Bernd Ulber (Local Organizer, University Göttingen, Germany),

Dr. David V. Alford (Chairman of Programme Committee, BCPC, Cambridge, UK)

Fortschritte in der Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung bei Kulturpflanzen

Gemeinsame Tagung der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ) – AG Resistenzzüchtung, AG Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung in Getreide, Hülsenfrüchten und Raps und der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft

Ort und Zeit: 05. bis 06. Dezember 2005 im Kolpinghaus in Fulda

Wir möchten wieder den derzeitigen Stand der Resistenzforschung und Resistenzzüchtung aus phytomedizinischer und züchterischer Sicht beleuchten. Die Themen sollen sich über die ganze Breite von Resistenzscreening und Selektionsmethodik über die Analyse einzelner Pathosysteme bis hin zu Markeranwendung und Gentechnik erstrecken.

Wir laden alle Interessenten herzlich zur aktiven Mitwirkung ein und bitten Sie, sich möglichst umgehend zur Tagung anzumelden

Info: PD Dr. Thomas Miedaner; Universität Hohenheim (720); Landessaatzuchtanstalt; 70593 Stuttgart. E-mail: miedaner@uni-hohenheim.de

Einladung zu einer Veranstaltung der Landesgruppe Hessen: Optik und Pflanzenschutz in Wetzlar am 04.10.2005

Liebe Mitglieder,

Ohne Optische Geräte wäre Pflanzenschutz nicht denkbar. Deshalb und um möglichst viele von Ihnen persönlich kennen zu lernen, möchte ich Sie in diesem Jahr zu einem Treffen, das beide Bereiche verbindet nach Wetzlar in die (ehemalige) Stadt der Optik einladen.

Vorgesehen ist der Besuch von zwei in Wetzlar ansässigen Mikroskopherstellern einschließlich einer Besichtigung ihrer Produktionsbetriebe.

Leica ist der gemeinsame Name dreier Unternehmen, die unabhängig voneinander optische Geräte bauen. Eines davon ist Leica Microsystems, das mit Hauptsitz in Wetzlar weltweit Hochpräzisionsoptik herstellt. Im Jahr 1850 gegründet, avancierte die Firma von Ernst Leitz bereits bis zum Ende des 19. Jh. zum weltweit führenden Unternehmen in der Mikroskopherstellung.

Eine weitaus jüngere Firma zur Herstellung optischer Geräte ist die ebenfalls in Wetzlar ansässige Firma Helmut Hund GmbH, die 1967 vom damals 17-jährigen Helmut Hund gegründet wurde. Firmenschwerpunkte sind u. a. Optik (Mikroskopie) und Glasfasertechnik. Auch diese Firma ist weltweit aktiv.

Als Abschluss ist nach einem gemeinsamen Mittagessen die Besichtigung des Pflanzenschutzdienstes in Wetzlar und seines neu errichteten Gewächshauses geplant.

Da die Führungen in den beiden Betrieben jeweils nur mit einer begrenzten Anzahl von Besuchern möglich ist, geben Sie bitte bei der Anmeldung Ihren Besichtigungswunsch an. Ich werde versuchen ihn so weit wie möglich zu berücksichtigen.

Wir werden uns voraussichtlich gegen 10:00 Uhr direkt bei den Betrieben treffen

Das Ende der Veranstaltung ist für ca. 17:00 Uhr vorgesehen

Den genauen Verlauf der Veranstaltung und den Anfahrtsweg werde ich Ihnen nach Ihrer Anmeldung rechtzeitig bekannt geben.

Informationen und Ihre umgehende **schriftliche Anmeldung** bitte an:

Dr. Monica Frosch, RP - Gießen – Pflanzenschutzdienst – Hessen; Tel.: 0641-303-5215, Fax0641-303-5104, E.- mail: froschm@ulf.hessen.de

Arbeitskreistreffen

Einladung zum Treffen der Arbeitskreise Populationsdynamik und Epidemiologie und Epigäische Raubarthropoden

Volkmar, Christa; Basedow, Thies

Termin: 15. 03. 2006 bis 16. 03. 2006

Ort: Interdisziplinäres Forschungszentrum; Heinrich-Buff-Ring 26 – 32, 35392 Gießen, 3. Stock

Wir laden herzlich zum nächsten Treffen der DPG und DGaaE Arbeitskreise ein. Die Tagung beginnt Mittwochnachmittag (15. 03. 06) und endet Donnerstag am frühen Nachmittag (16. 03. 06). Insbesondere sollen sich Diplomanden und Doktoranden angesprochen fühlen ihre Daten zu präsentieren. Übernachtungsmöglichkeiten besorgt sich bitte jeder selbst.

Information und Anmeldung: Prof. Christa Volkmar, Tel.: 0345 55 22 663, Fax: 0345 55 27 120, e-mail: christa.volkmar@landw.uni-halle.de

Einladung zur Tagung der Arbeitskreise Wirbeltiere und Vorratsschutz vom 19. bis 22. Oktober 2005 in Grainau

Liebe Kolleginnen und Kollegen,

in diesem Jahr werden die Arbeitskreise Wirbeltiere und Vorratsschutz der DPG gemeinsam tagen. Zu dieser Veranstaltung lade ich Sie hiermit ein für den **19. (ab 14:00 Uhr) - 22. Oktober 2005** nach Grainau bei Garmisch-Partenkirchen. Bei Herrn Stefan Biebl, der diese Tagung in reizvoller Landschaft durch seine Organisation ermöglicht, möchte ich mich schon jetzt herzlich bedanken.

Themenschwerpunkte bei den Wirbeltieren sind **Microtinae** in Ackerbau und Forst sowie **kommensale Nager** in Landwirtschaft, Lebensmittelproduktion und Vorratsschutz. Daneben sind Beitragsanmeldungen aus dem gesamten Bereich der Wirbeltierkunde erwünscht, wobei ein Bezug zur landwirtschaftlichen Praxis oder Epidemiologie erkennbar sein sollte. Der erste Themenschwerpunkt wird am Mittwoch, d. 19.10. ab 14:00 behandelt, mit den Wirbeltieren im Vorratsschutz beginnen wir am 20.10., 10:30. Danach folgen weitere Schwerpunkte aus dem Vorratsschutz. Ihre verbindliche Anmeldung senden Sie mir bitte per e-mail umgehend nach Erscheinen dieser Mitteilungen zu. Beiträge für den Bereich Vorratsschutz sind bei Herrn Dr. Cornel Adler, Leiter des AK Vorratsschutz anzumelden (Dr. C. Adler, BBA Institut für Vorratsschutz, Königin-Luise-Str. 19, D-14195 Berlin; c.adler@bba.de).

Übernachtung: Individuell buchen, unter Verweis auf die Tagung, Hotel am Badersee, Am Badersee 1–5, D-82491 Grainau (Tel. 08821-8210, Fax. - 821292; info@hotelambadersee.de; www.hotelambadersee.de).

Tagungsstätte: Hotel am Badersee, Am Badersee 1 - 5, D-82491 Grainau.

Programm: Ein vollständiges Tagungsprogramm mit den Zusammenfassungen der Beiträge erhalten die Tagungsteilnehmer kurz vor der Tagung. Ein halber Tag (vormittags) wird für eine Fachexkursion am Freitag, 21.10.2005 genutzt werden.

Info: Dr. Stefan Endepols, Bayer CropScience AG, Environmental Science, Alfred-Nobel-Str. 50, Gebäude 6220, 40789 Monheim; e-mail: Stefan.Endepols.SE@bayercropscience.com

Einladung des Arbeitskreises „Nutzarthropoden und Entomopathogene Nematoden“ der Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V. und der Deutschen Gesellschaft für allgemeine und angewandte Entomologie e.V. zur gemeinsamen, 24. Tagung des Arbeitskreises

Sehr geehrte Damen und Herren,

die 24. Tagung des DPG & DGaaE Arbeitskreises „Nutzarthropoden und Entomopathogene Nematoden“ findet am **15. und 16. November 2005** im Schloss Salzau bei Kiel statt.

Gastgeber ist Herr Prof. Dr. Ralf-Udo Ehlers, Institut für Phytopathologie, Christian-Albrechts-Universität Kiel, Klausdorfer Str. 28-36, D-24223 Raisdorf,

Ansprechpartnerin ist Frau Miriam Döring (Sekretariat Prof. Dr. Ralf-Udo Ehlers), Tel.: 04307/8398-33, e-mail: m.doering@e-nema.de

Die Tagung beginnt am 15.11. um 13 Uhr und endet am 16.11.2004 gegen 14 Uhr. Für die Verpflegung (Kaffeepausen, Abendessen, Frühstück, Mittag am 16.11.) und eine Übernachtung werden pauschal 85,-€ pro Person bei der Registrierung erhoben.

Diskussionsthemen: Biologie, Verhalten und Erfassung von Nützlingspopulationen im Feld, Verfahren zur Schonung, Förderung, Produktion und Anwendung von Nützlingen, Entomopathogene Nematoden, Nützlinge im integrierten Pflanzenschutz. Für die Vorträge sind 15 Minuten (inkl. 5 Minuten Diskussion) vorgesehen, sie werden zu Schwerpunktthemen mit einer abschließenden Diskussion zusammengefasst.

Sie finden das Anmeldeformular und nähere Informationen zur Tagung auf den Homepages der DPG <http://dpg.phytomedizin.org/ak> und der DGaaE: <http://www.dgaae.de>.

Arbeitskreistreffen im Überblick:

2005

- 01.09.-02.09. **AK Phytobakteriologie**; Ort: Stuttgart/Weinsberg; Info: Dr. M. Ullrich, E-mail: m.ullrich@iu-bremen.de
- 11.10.-13.10. **AK Phytomedizin in den Tropen und Subtropen**; Ort: Stuttgart-Hohenheim Info: Dr. H. Hindorf, Inst. für Pflanzenkrankheiten, E-Mail: h.hindorf@uni-bonn.de
- 19.10.-22.10. **AK Vorratsschutz**, gemeinsam mit dem **AK Wirbeltiere.**; Ort: Grainau bei Garmisch-Patenkirchen; Info: Dr. C. Adler, BBA, Institut für Vorratsschutz, Königin-Luise-Str. 19, 14195 Berlin, Tel: 030 / 8304-2502, Fax: 030 / 8304-2503, E-Mail: c.adler@bba.de
- 15.11.-16.11. **AK Nutzarthropoden und Entomopathogene Nematoden**; Ort: Schloss Salzau bei Kiel; Info: Frau Miriam Döring (Sekretariat Prof. Dr. Ralf-Udo Ehlers), Tel.: 04307/8398-33, e-mail: m.doering@e-nema.de

2006

- 01.03.-02.03. **AK Integrierter Pflanzenschutz, Projektgruppe Kartoffel**, Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Sitzungssaal, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig; Info: Dr. Karsten Osmers, LA Emsland, Fachgruppe Pflanzenbau/Pflanzenschutz, Mühlenstr. 41, 49716 Meppen, Tel.: 05931 / 403-50, Fax: 05931 / 403-58, E-mail: k.osmers@lwk-we.de
- 07.03.-08.03. **AK Nematologie**, Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Braunschweig; Info: Dr. J. Hallmann, E-Mail: j.hallmann@bba.de
15. 03.- 16.03. **AK Populationsdynamik und Epidemiologie und Epigäische Raubarthropoden**; Interdisziplinäres Forschungszentrum; Heinrich-Buff-Ring 26 – 32, 35392 Gießen, 3. Stock; Info: Prof. Christa Volkmar, Tel.: 0345 55 22 663, Fax: 0345 55 27 120, e-mail: christa.volkmar@landw.uni-halle.de
- 15.03.-16.03. **AK Applikationstechnik**; Ort: Tollenseheim bei Neubrandenburg Info: E-Mail veronika.braun@bayercropscience.com
- 16.03.-17.03. **AK Mykologie**, gemeinsam mit dem Arbeitskreis **Wirt-Parasit-Beziehungen** Ort: Berlin; Info: Dr. M. Heupel, E-mail: monika.heupel@lwk.nrw.de; Prof. Dr. H. Deising, E-mail: deising@landw.uni-halle.de
29. 03.-30.03. **AK Biologische Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten**, Ort: Geisenheim; Info: wohanka@fa-gm.de

augenblicklich ohne Termin:

AK Agrar – Biotechnologie; AK Biometrie; AK Herbologie; AK Phytomedizin im Gartenbau; AK Phytopharmakologie

Tagungen/Workshops



Gartenbauwissenschaftliche Tagung



22.-24. Februar 2006

„Gartenbauwissen-schaf(f)t eine grüne Stadt“

lautet das Thema der Plenarveranstaltung anlässlich der 43. Jahrestagung der Deutschen Gartenbauwissenschaftlichen Gesellschaft (DGG) und des Bundesverbandes der Hochschulabsolventen/Ingenieure Gartenbau und Landschaftsarchitektur (BHGL). Hierzu lädt das Leibniz Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim und das Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt alle in Gartenbauwissenschaft und -forschung, gartenbaulicher Beratung und in der Landschaftsarchitektur Tätige sowie Studierende beider Fachgebiete an die Universität nach Potsdam ein.

In rund 200 Beiträgen werden im Rahmen von Vortragsveranstaltungen, Posterpräsentationen und Workshops aktuelle Untersuchungs- und Forschungsergebnisse aus allen Bereichen des Gartenbaues und der Landespflege vorgestellt und diskutiert. Neben dem wissenschaftlichen Informationsaustausch sollen vor allem auch die Bedeutung und der Anwendungsbezug der Ergebnisse für die Gartenbaupraxis herausgestellt werden. Knapp 300 Teilnehmer aus dem In- und benachbarten Ausland nutzen alljährlich die Plattform zum Informationsaustausch und für die Kontaktaufnahme zu Kolleginnen und Kollegen. Die Tagung endet mit einem interessanten Angebot an fachlichen und kulturellen Exkursionen.

Potsdam bietet dabei in zweierlei Hinsicht beste Voraussetzungen für die Ausrichtung einer Gartenbauwissenschaftlichen Tagung: Zum einen ist Potsdam Standort mit der größten Wissenschaftsdichte Deutschlands, zum anderen wurde es wegen seiner einzigartigen Park- und Gartenlandschaft 1990 zum UNESCO Weltkulturerbe erklärt. Die unter preußischem Einfluss gewachsene Kulturlandschaft gilt dabei als eine der schönsten und bildet zusammen mit Berlin die größte unter den deutschen Welterbestätten. Von besonderer Attraktivität ist die Ensemblewirkung der Parkanlagen, deren prominentestes Herzstück Park und Schloss Sanssouci sind, gefolgt von Schloss Babelsberg u.a. das Gesamtkunstwerk prägende Gärten und Bauwerke. Potsdam gewährt damit eine ideale Kulisse für die 43. Gartenbau-wissenschaftliche Tagung, deren Schwerpunktthema „Gartenbauwissen-schaf(f)t eine grüne Stadt“ nicht nur für Spezialisten des Urbanen Gartenbaues, sondern auch von einem allgemeinen aktuellen Interesse ist.

Entsprechend eingeleitet wird das Thema mit einem Vortrag zur Historie der urbanen Gartenkultur unter Einbeziehung der Garten- und Schlossanlagen Potsdams. In einem nachfolgenden Beitrag werden die wissenschaftlichen Anforderungen und Leistungen des Gartenbaues für die Schaffung grüner Metropolen herausgestellt. Direkt im Anschluss findet ein thematisch naher Workshop statt und bietet die Möglichkeit des weiterführenden und vertiefenden Informationsaustausches.

Für die Tagung in Potsdam vom 22.-24.02.2006 wird um Anmeldung von Vorträgen oder Postern aus allen Bereichen des Gartenbaues und der Landespflege gebeten. Die Beiträge können auf Deutsch oder Englisch präsentiert werden. Formulare zur Anmeldung von Beiträgen oder zur Tagungsteilnahme erhalten Sie bei der DGG-Geschäftsstelle oder auf der DGG-Webseite unter www.gartenbauwissenschaft.org „Tagung 2006“.

Meldeschluss für die Anmeldung von Beiträgen ist der 1. September.

DGG Herrenhäuser Str. 2 30419 Hannover dgg.schulpin@online.de Tel.: +49 (0)511-1690955

2005

- 22.8.-27.08. 3rd INTERNATIONAL CONFERENCE ON SUSTAINABLE, AGRICULTURE FOR FOOD, ENERGY AND INDUSTRY, St. Catharines, Canada; Info: www.icsagr-fei.org/conference/
- 05.09.-09.09. Jahrestagung der Dt. Bodenkundlichen Gesellschaft; Ort: Marburg; Info: www.uni-giessen.de/bodenkunde/dgb2005/index.php
- 19.09.-22.09. 5. Symposium Phytomedizin und Pflanzenschutz im Gartenbau; Ort: Wien (Universität für Bodenkultur, Muthgasse 18, 1190 Wien) Info: Univ.-Doz. Dr. Gerhard Bedlan, Österr. Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH, Institut für Phytomedizin, Spargelfeldstraße 191, A-1220 Wien, email: symposium@bedlan.at
- 26.09.-30.09. 60. Agrarrechtsseminar im Tagungszentrum „Der Achtermann“ in Goslar; Informationen: www.dgar.de
- 27.09.-30.09. 117. VDLUFA-KONGRESS „Kreislaufwirtschaft mit der Landwirtschaft – quo vadis?“ Veranstalter: VdLUFA und DGP; Ort: Bonn; Informationen/Anmeldungen: www.vdlufa.de
- 27.09.-28.09. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Pflanzenernährung; Ort: Bonn; Infos und Anmeldungen: ipe@uni-bonn.de
- 27.09.-29.09. 48. Jahrestagung der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften; Ort: Wien; Infos: <http://ipp.boku.ac.at/pbt2005>
- 05.10.-07.10. Jahrestagung der GEWISOLA; Unternehmen im Agrarbereich vor neuen Herausforderungen; Ort: Göttingen; Information: Dr. Fratzscher, Breite Heide 23, 53619 Rheinbreitbach, Tel. 02224-6973
- 05.10.-07.10. Neue Chancen für die integrierte ländliche Entwicklung durch die EU-Verordnung ELER? Ort: Aula der Georg-August-Universität Göttingen, Wilhelmsplatz 1, 37073 Göttingen; Veranstalter: DLKG; Infos: vkannemann@zalf.de; 033432/82382; www.dlkg.org
- 11.10.-13.10. Deutscher Tropentag, University of Hohenheim, Stuttgart, 'The Global Food & Product Chain: Dynamics, Innovations, Conflicts, Strategies' Info: <http://www.tropentag.de>
- 23.10.-26.10. 1st International Symposium on Biological Control of Bacterial Plant Diseases, Darmstadt, Germany; Info: e-mail: symposium2005@bba.de; Tel.: 0049 6151407242; Fax: 0049 6151407290.
- 24.10.-25.10. 2nd International Conference on Mites in Crops, Montpellier, Info: www.afpp.net
- 26.10.-27.10. 7th International Conference on Pests in Agriculture, Montpellier, Info: www.afpp.net
- 26.10.-27.10. Züchtungsforschung zwischen Wettbewerb, Ressourcenschutz und Verbrauchererwartungen - Jahrestagung des DAF; Ort: FORUM der FAL in Braunschweig; Info: L.Hoevelmann@DLG.org

- 01.11.-03.11. "Implementation of biocontrol in practice in temperate regions - present and near future" Location: Research Centre Flakkebjerg, Danish Institute of Agricultural Sciences (DIAS). Info: John Larsen Senior scientist; Department of Integrated Pest Management; Danish Institute of Agricultural Sciences; Research Centre Flakkebjerg; DK-4200 Slagelse; Denmark
- 03.11.-04.11. GFP-Jahrestagung; Ort: Bonn, Hotel Königshof; Informationen: www.bdp-online.de
- 06.11.-12.11. AGRITECHNICA 2005, Hannover; www1.agritechnica.de/
- 30.11. DLG-Kolloquium: Nachhaltige und effiziente Stickstoffdüngung; Ort: Gustav-Stresemann-Institut, Bonn; Kontakt: Dr. Lothar Hövelmann; L.Hoevelmann@DLG.org
- 01.12.-05.12. "International Congress on Fungal Biotechnology", Location: Amity Campus, India. Info: Prof. Dr. Ajit Varma, Director, Amity Institute of Herbal & Microbial Studies; Campus Office: Sector 125, New Super Express Highway, Noida 201303, UP, India; E-mail: ajitvarma@aihmr.amity.edu; Website : www.amity.edu
- 05.12.-07.12. Vortragsveranstaltung: „Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung“ Veranstalter: GPZ und AG Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung (BBA), und DPG; Informationen: PD Dr. T. Miedaner, Hohenheim, miedaner@uni-hohenheim.de

2006

- 10.01.-12..01. DLG-Wintertagung; Ort: Berlin; Informationen: www.dlg.org/wintertagung
- 14.03.-16.03., 8. GPZ-Tagung: Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel“ und Kurt-von-Rümker-Vorträge; Mitgliederversammlung Veranstalter: GPZ; Ort: Freising/Weihenstephan; Kontakt: Prof. G. Wenzel, Freising: gwenzel@wzw.tum.de
- 21.03.-23.03. 60. Jahrestagung der GfE; Ort: Göttingen; Informationen: W.Staudacher@DLG.org
- 03.04.-05.04. Integrated Pest Management in Oilseed Rape, University of Göttingen, Germany; Info: www.bcpc.org/Oilseed_Rape/Oilseed_Rape2006.htm; bulber@gwdg.de
- 20.06.-22.06. DLG Feldtage; Ort: Staatsdomäne Baiersröderhof (63546 Hammersbach), Hessen; Informationen: www.dlg-feldtage.de
- 23.09-26.09. Genetik von Pflanzen und Pilzen: 4. Konferenz der Gesellschaft für Genetik gemeinsam mit der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung; Ort: Kiel; Informationen: Prof. Dr. F. Kempken, Kiel: kempken@bot.uni-kiel.de
- 25.09.-28.09. 55. Deutsche Pflanzenschutztagung, Universität Göttingen; Info: www.pflanzenschutztagung.de/; email: pflanzenschutztagung@bba.de

04.10.-06.10. Jahrestagung der GEWISOLA; Good-Governance in der Agrar- und Ernährungswirtschaft; Ort: Gießen; Info: Dr. Fratzscher, 02224/6973

2008

24.08.–29.08. 9th International Congress of Plant Pathology (ICPP 2008 Conference), Turin, Italy; www.icpp2008.org

Aufruf zur Nennung von Kandidaten zur Verleihung der Anton-de-Bary-Medaille 2006

Die Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V. (DPG) stiftete aus Anlass des 100. Todestages von Anton de Bary mit genereller Zustimmung der Mitgliederversammlung vom 4. Oktober 1988 die "Anton-de-Bary-Medaille". Der Vorstand der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft e.V. hat auf der 87. Sitzung vom 27. April 1989 in Gießen die Satzung für die von der DPG zu verleihende Anton-de-Bary-Medaille aufgestellt.



Diese wurde mit folgendem Wortlaut von der Mitgliederversammlung am 10.11.1989 verabschiedet:

1. Die Medaille, die nach dem großen Mykologen und Mitbegründer der Phytopathologie benannt ist, wird vom Vorstand der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft e.V. an Personen mit herausragenden wissenschaftlichen Leistungen auf dem Gebiet der Phytomedizin verliehen.
2. Die Auszeichnung besteht aus einer Medaille, die den Namen Anton de Bary auf der einen und den Namen der Ausgezeichneten auf der Rückseite trägt, und einer Urkunde, die den Anlaß der Verleihung kurzgefaßt enthält.
3. Die Medaille kann einmal jährlich durch den Vorstand der DPG verliehen werden. Vorschlagsberechtigt sind die Mitglieder der DPG.

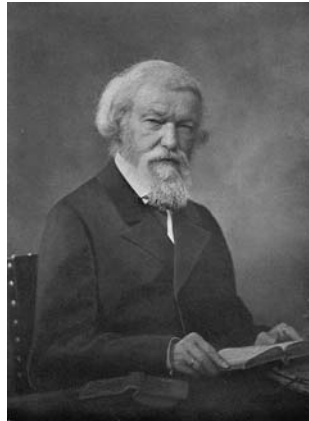
Wir bitten unsere Mitglieder um Benennung von Kandidaten.

Ausschreibung des Julius Kühn Preises 2006

Die Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft schreibt den Julius Kühn-Preis 2006 aus.

Der Preis wird verliehen, um im Sinne der richtungweisenden wissenschaftlichen und praktischen Vorstellungen von **Julius Kühn** zur Entwicklung eines ökologisch und ökonomisch ausgerichteten Pflanzenschutzes beizutragen und durch Förderung der Forschung auf dem Gesamtgebiet der Phytomedizin die wissenschaftlichen Grundlagen dafür zu verbessern.

Der Preis wird im Abstand von zwei Jahren für hervorragende Arbeiten an Wissenschaftler unter 40 Jahren verliehen.



Die wissenschaftliche Auszeichnung ist mit einem Geldpreis von 2.000,- Euro verbunden. Die Verleihung erfolgt jeweils anlässlich der Deutschen Pflanzenschutztagung. In der Regel hält der Preisträger einen Plenarvortrag.

Jedes ordentliche Mitglied der DPG ist berechtigt, Kandidaten für die Verleihung des Preises vorzuschlagen. Grundlage für die Benennung von Kandidaten sind Arbeiten, die innerhalb der vergangenen drei Jahre in einer wissenschaftlichen Zeitschrift veröffentlicht worden sind oder zur Veröffentlichung angenommen wurden. Die Benennungen sind zusammen mit den Publikationen der Geschäftsstelle der DPG jeweils zum 1. März des Jahres einzureichen, in dem die Pflanzenschutztagung stattfindet. Es können auch mehrere zusammenhängende Veröffentlichungen eingereicht werden. Der Preis kann auch einer Gruppe von Autoren verliehen werden.

Die Ausschreibung des Preises erfolgt jeweils im Vorjahr der Verleihung in den Mitteilungen der DPG und dem Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes und durch Aushang in den einschlägigen Institutionen. Die Finanzierung des Julius-Kühn-Preises erfolgt aus Mitteln der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft. Der Rechtsweg ist ausgeschlossen.

Wir bitten unsere Mitglieder um Einreichung von Vorschlägen

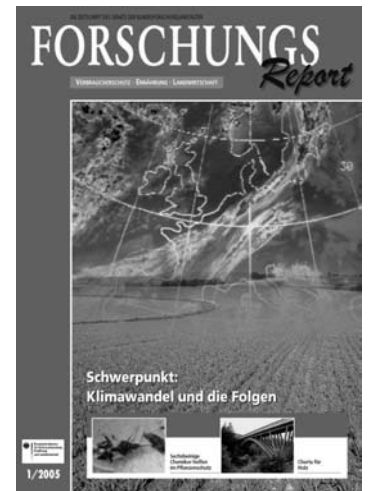
Landbewirtschaftung im Zeichen des Klimawandels

Neben einem allgemeinen Temperaturanstieg prophezeien Klimaforscher, dass solche extremen Wetterbedingungen in den kommenden Jahrzehnten in Mitteleuropa zunehmen werden. Die Land- und Forstwirtschaft bekommt die Folgen des veränderten Klimas aufgrund ihrer Abhängigkeit von den natürlichen Umweltbedingungen ganz besonders zu spüren. Was kommt auf die Bauern und Forstleute zu? Die neue Ausgabe des Wissenschaftsmagazins ForschungsReport geht dieser Frage nach.

Ist es möglich, Kulturpflanzen zu züchten, die Trockenheit tolerieren und gleichzeitig hohe, stabile Erträge liefern? Dr. Christiane Balko von der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) erläutert, dass bei Ackerbohnen unter Trockenstress die Ertragsstabilität leidet. Bei Kartoffeln hingegen scheint es eher möglich, Sorten zu züchten, die bei Trockenheit nicht nur hohe, sondern auch stabile Erträge liefern. Der Grund dafür: Die Pflanzenarten haben unterschiedliche Strategien, mit dem vorhandenen Wasser umzugehen.

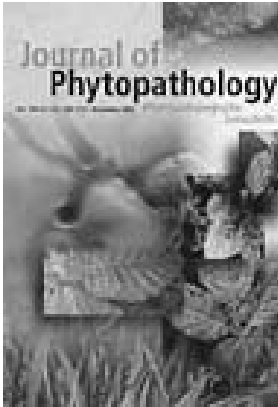
Das Team um Professor Hans-Joachim Weigel von der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) hat untersucht, wie Pflanzen auf eine erhöhte CO₂-Konzentration in der Atmosphäre reagieren. Mit einer aufwändigen Versuchsanordnung setzten sie im Freiland ganze Bereiche eines Ackers den Bedingungen einer veränderten Atmosphäre aus. Die Ergebnisse waren überraschend: Konnte man theoretisch davon ausgehen, dass der erhöhte CO₂-Anteil in der Luft die Photosynthese und damit das Wachstum der Pflanzen beflügeln würde, so zeigte sich in der Praxis ein differenziertes Bild: Die Biomasseproduktion legte bei Getreide und Zuckerrüben nur um relativ geringe 6-14 % zu. Zudem sank bei den untersuchten Pflanzen der Proteingehalt. Das heißt: Die Qualität des Ernteguts verändert sich – mit Auswirkungen nicht nur für den Landwirt und die weiterverarbeitenden Betriebe, sondern möglicherweise auch für Schädlinge und die Erreger von Pflanzenkrankheiten.

Die neu erschienene Ausgabe 1/2005 des ForschungsReports mit dem Themenschwerpunkt „Klimawandel und die Folgen“ ist kostenlos zu beziehen über die Geschäftsstelle des Senats der Bundesforschungsanstalten, Bundesallee 50, 38116 Braunschweig. E-mail: michael.welling@fal.de, Tel.: 0531 / 596-1016.



Journal of Phytopathology

Für DPG-Mitglieder zum halben Preis!



Herausgegeben von: Alan A Brunt, John A Laurence, Brigitte Mauch-Mani und Andreas von Tiedemann

Das *Journal of Phytopathology* veröffentlicht wissenschaftliche Originalarbeiten und Short communications aus allen Bereichen der Phytopathologie, sowohl auf Populations- und Organismenebene, als auch hinsichtlich physiologischer, biochemischer und molekulargenetischer Aspekte. Das Journal richtet sich an Dozenten und Wissenschaftler im universitären Bereich, in Forschungseinrichtungen und der Industrie sowie an Doktoranden und Studenten der Bereiche Phytopathologie, Pflanzenschutz oder verwandter Fachgebiete. Publikationssprache ist Englisch.

Mitglieder der *Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft e.V.* können dieses internationale Journal jetzt zu einem Sonderpreis von nur € 120 abonnieren. Sie erhalten dafür 12 gedruckte Ausgaben pro Jahr sowie einen kostenfreien Zugang zur Online-Version über Blackwell *Synergy*. Das entspricht einer Einsparung von über 50% gegenüber dem Abonnementpreis von € 245 für Privatbezieher.

www.blackwellpublishing.com/jph

Ermächtigung zum Einzug von Forderungen mittels Lastschriften

Hiermit ermächtige ich die Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V., Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, widerruflich, die von mir zu entrichtenden Zahlungen bei Fälligkeit zu Lasten meines Kontos mittels Lastschrift einzuziehen. Wenn mein Konto die erforderliche Deckung nicht aufweist, besteht seitens des Konto-führenden Kreditinstitutes keine Verpflichtung zur Einlösung. Teileinlösung werden im Lastschriftverfahren nicht vorgenommen.

Name und genaue Anschrift des Zahlungspflichtigen		
Konto Nr.	Kreditinstitut	Bankleitzahl
Zahlung wegen (Verpflichtungsgrund, evtl. Beitragsbegrenzung)		
Ort, Datum	Unterschrift	

Impressum

PHYTOMEDIZIN

Mitteilungen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft

Herausgeber: Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V.

1. Vorsitzender Präs. u. Prof. Dr. Georg Friedrich Backhaus
Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft
Messeweg 11/12
D-38104 Braunschweig
Tel. 0531/299-3200, Fax 0531/299-3001
E-Mail: g.f.backhaus@bba.de

Redaktion: Dr. Falko Feldmann (Geschäftsführer)
c/o BBA Messeweg 11/12
D-38104 Braunschweig
Tel. 0531/299-3213, Fax 0531/299-3019
E-Mail: geschaeftsstelle@dpg.phytomedizin.org

Die „Phytomedizin“ erscheint mit 4 Heften pro Jahr. Der Redaktionsschluss liegt jeweils am **15. Februar, 15. Mai, 15. August und 15. November**, der Erscheinungstermin zum Ende des Quartals.

Der Zeitpunkt des Erscheinens eines Beitrages ist abhängig vom Zeitpunkt des Einganges und dem redaktionellen Aufwand bei der Nachbearbeitung.

Konto-Nummer der DPG

Deutsche Bank, Filiale Hoechst, BLZ 500 700 10, Konto-Nr. 3518487

IBAN: DE84500700240351848700

ID Code (SWIFT): DEUTDEDB536

(IBAN und ID Code bitte bei Überweisungen aus dem Ausland angeben).

ISSN-Nr. 0944-0933

Druckerei:

Haus der Lebenshilfe Braunschweig gGmbH, Werkstatt Rautheim
wfB@lebenshilfe-braunschweig.de

LEBENSILFE
BRAUNSCHWEIG

Gedruckt auf umweltfreundlichem, sauerstoffgebleichtem Papier.

Abs.: Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e.V. c/o BBA Messeweg 11/12
D-38104 Braunschweig

Postvertriebsstück – "Entgelt bezahlt" 14327

**www.phytomedizin.org
geschaeftsstelle@dpg.phytomedizin.org**