
Sektion 5

Molekulare Phytomedizin / Virologie / Bakteriologie / Mykologie I

05-1 - Anpassung für Fortgeschrittene: wie das Maispathogen *Colletotrichum graminicola* widrigen Bedingungen ein Schnippchen schlägt

About how the maize pathogen Colletotrichum graminicola shapes its lifestyle

Daniela Nordzike¹, Anja Raschke², Holger B. Deising², Stefanie Pöggeler¹

¹Georg-August-Universität Göttingen, Institut für Mikrobiologie und Genetik, Lehrstuhl für Genetik Eukaryotischer Mikroorganismen, Göttingen

²Martin-Luther Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften, Halle

Für viele pflanzenpathogene Pilze ist bekannt, dass sie unterschiedliche asexuelle Sporen bilden. Dennoch wird normalerweise nur ein Sporentyp und sein Einfluss auf die Pathogenität untersucht. Während dies bei *Fusarium oxysporum* vornehmlich die Wurzelinfizierenden, kleinen Sporen sind, welche unter Laborbedingungen in Schüttelkulturen gebildet werden [1], basieren die meisten Studien bezüglich des Maispathogens *C. graminicola* auf der Untersuchung der größeren, stark pigmentierten Sporen, die an der Blattoberfläche infizierter Maisblätter zu finden sind. So ist es wenig verwunderlich, dass *Fusarium* die Deklaration ‚Wurzelpathogen‘ erhalten hat, während *C. graminicola* als klassisches Blattpathogen gilt.

Seit den späten 1980er Jahren ist bekannt, dass *C. graminicola*, neben den bereits erwähnten großen und stark pigmentierten Sichelkonidien, auch kleine, eiförmige, transparente Sporen bildet, welche in Schüttelkulturen im Labor erzeugt werden können. Obwohl sich beide Sporentypen in ihrer Morphologie und Bildung grundlegend unterscheiden, wurde den eiförmigen Konidien in dieser ersten Studie keine besondere Rolle im Pathogenitätszyklus des Pilzes zugeschlagen [2]. Im Gegensatz hierzu zeigen unsere Untersuchungen, dass in den Sporentypen grundlegende Prozesse sehr unterschiedlich reguliert sind: in Sichelkonidien ist die Bildung, Keimung und Appressorienausbildung stark von der Verfügbarkeit von Nährstoffen abhängig, während die eiförmigen Konidien unabhängig vom Nährstoffgehalt keimen und nur unter Hungerbedingungen Appressorien bilden. Desweiteren scheinen beide Sporentypen unterschiedliche Signale zu sekretieren: während die Sichelkonidien einen Keimungsinhibitor in ihre Umgebung abgeben, tauschen die eiförmigen Sporen Signale aus, welche zur Bildung der sogenannten „Conidial Anastomosis Tubes“ führen, ein bis zu unseren Untersuchungen unbekannter Prozess in *C. graminicola*. Bezüglich der Blattinfektion sind eiförmigen Sporen weniger effizient als Sichelkonidien, können dafür aber Wurzel-sekretierte Signale wahrnehmen und daraufhin ihre Wachstumsrichtung zur Pflanze ausrichten. Dies wurde vor kurzem für Konidien von *F. oxysporum* beschrieben und gilt als typische Eigenschaft von Wurzelpathogenen [3]. Zusammengefasst zeigen unsere Daten, dass *C. graminicola* sowohl Charakteristika eines Blatt- als auch Wurzelpathogens aufweist und deuten daher auf einen wesentlich komplexeren Lebens- und Pathogenitätszyklus hin, als bisher angenommen.

Literatur

[1] Okungbowa, F. I., H. O. Shittu, 2012: *Fusarium wilts: an overview*. Environmental Research Journal 6 (2), 83-102.

[2] Panaccione, D. G., L. J. Vaillancourt, R. M. Hanau, 1989: Conidial dimorphism in *Colletotrichum graminicola*. Mycologia 81 (6), 876-883.

[3] Turrà, D., M. El Ghalid, F. Rossi, A. Di Pietro, 2015: Fungal pathogen uses sex pheromone receptor for chemotropic sensing of host plant signals. *Nature* 527 (7579), 521-524.

05-2 - Handelt es sich bei CgSre1 und CgHap10 um eisenabhängige Regulatoren des hemibiotrophen Lebenszyklus von *Colletotrichum graminicola*?

From biotrophy to necrotrophy – Are CgSre1 and CgHap10 iron dependent regulators of lifestyle transition in Colletotrichum graminicola?

Anja Raschke, Jessica Heilmann, Holger B. Deising

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

In all kingdoms of life iron is an essential microelement. Due to poor solubility of iron in the aerobic biogeosphere, all organisms evolved strategies for an efficient iron uptake. However, the iron-dependent Fenton-Haber-Weiß reactions can produce highly reactive oxygen. Thus, a tight regulation of iron homeostasis is essential. Pathogenic fungi employ different strategies for high-affinity iron uptake from the host tissue, e.g. (I) reductive iron assimilation (RIA) and (II) siderophore-mediated Fe³⁺ acquisition (SIA). In saprophytic hyphae of the hemibiotrophic maize pathogen *Colletotrichum graminicola*, growth under iron starvation leads to an up-regulation of both pathways, RIA and SIA. However, during the biotrophic stage of the infection RIA is highly active, while SIA is specifically suppressed. In other fungal species (e.g. *Aspergillus* spp.) the tight regulation of the SIA und RIA pathways occurs on the transcriptional level and is mediated via the two contradictive transcription factors SreA and HapX, respectively. Homologues of these genes were identified in *C. graminicola* and exhibit an iron-dependent transcriptional regulation as described in other fungi. Mutant analyses revealed that these putative transcription factors are required for vegetative growth under conditions of iron-limitation and high excess as well as for ROS tolerance. In-detail functional characterization of these putative transcription factors during biotrophic and necrotrophic stages will allow understanding iron acquisition and regulation of iron homeostasis during fungal plant infection.

05-3 - DNA-basierte Detektion und Quantifizierung des Sporenflugs von *Cercospora beticola* in Zuckerrüben im Zusammenhang mit dem Auftreten von *Cercospora*-Blattflecken

DNA-based detection and quantification of Cercospora beticola spore flight in sugar beet in relation to symptom appearance as well as disease development

Frederike Imbusch¹, Tobias Erven², Mark Varrelmann¹

¹Institut für Zuckerrübenforschung, Göttingen

²BASF SE, Limburgerhof

Cercospora beticola ist der Erreger der bedeutendsten Blattfleckenkrankheit an Zuckerrüben in Deutschland. Die Ausbreitung der Krankheit erfolgt über dessen Sporen hauptsächlich durch Spritzwasser und Wind. Das Auftreten und die Intensität des Sporenflugs werden bei Bekämpfungsentscheidungen oder in Prognosemodellen nicht berücksichtigt. Vor dem Hintergrund der sich verschärfenden Problematik verringerter Wirksamkeit einiger fungizider Wirkstoffklassen gegen die *Cercospora*-Blattflecken bedarf es zukünftig einer nachhaltigeren Behandlungsstrategie. Ein schneller und kostengünstiger Nachweis von *C. beticola*-Sporen in der Luft könnte eine zeitspezifische und gezieltere Bekämpfung der Blattflecken ermöglichen. Zur Detektion und

Quantifizierung von *C. beticola*-Sporen aus Rotorod-Sporenfallen wurden eine DNA-Extraktion und TaqMan-qPCR entwickelt. Jeweils ein Freilandversuch wurde in 2016 und 2017 von Juni bis August bei Göttingen durchgeführt. Der Sporenflug von *C. beticola* sowie der Krankheitsverlauf wurden innerhalb einer inokulierten Fläche und in verschiedenen Distanzen windabwärts gerichtet zu dieser erfasst. In den Versuchsflächen erfolgten keine Fungizidapplikationen. Die erste Detektion von *C. beticola*-DNA erfolgte zwischen Anfang und Mitte Juli, nachdem die Behandlungsschwelle der Befallshäufigkeit bereits überschritten war. In der inokulierten Fläche und an deren Grenze konnte *C. beticola*-DNA in ähnlicher Konzentration nachgewiesen werden. Mit zunehmender Entfernung zur inokulierten Fläche zeigte sich eine Verzögerung des Befallsverlaufs. *C. beticola*-DNA wurde später und in geringerer Abundanz in 45 m Entfernung zur inokulierten Fläche als direkt in dieser oder an deren Grenze detektiert. Insgesamt variierte die Konzentration der nachgewiesenen DNA in beiden Umwelten über den Versuchszeitraum und erreichte hohe Werte im August.

Literatur

- CALDERON, C., E. WARD, J. FREEMAN, A. MCCARTNEY, 2002: Detection of airborne fungal spores sampled by rotating-arm and Hirst-type spore traps using polymerase chain reaction assays. *J Aerosol Sci.* **33** (2), 283-296.
- ERVEN, T., G. STAMMLER, F. IMBUSCH, M. VARRELMANN, 2017: Wirksamkeit der Fungizide zur Bekämpfung von *Cercospora beticola*. Zuckerrübe. **26** (3), 26-29.
- KLOSTERMAN, S. J., A. ANCHIETA, N. MCROBERTS, S. T. KOIKE, K. V. SUBBARAO, H. VOGLMAYR, Y.-J. CHOI, M. THINES, F. N. MARTIN, 2014: Coupling spore traps and quantitative PCR assays for detection of the downy mildew pathogens of spinach (*Peronospora effusa*) and beet (*P. schachtii*). *Phytopathol.* **104** (12), 1349-1359.
- TEDFORD, S. L., R. R. BURLAKOTI, A. W. SCHAAFSMA, C. L. TRUEMAN, 2018: Relationships among airborne *Cercospora beticola* conidia concentration, weather variables and cercospora leaf spot severity in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). *Can J Plant Pathol.* **40** (1), 1-10.
- WIECZOREK, T. M., L. N. JØRGENSEN, A. L. HANSEN, L. MUNK, A. F. JUSTESEN, 2014: Early detection of sugar beet pathogen *Ramularia beticola* in leaf and air samples using qPCR. *Eur J Plant Pathol.* **138** (4), 775-785.

05-4 - Populationsgenetische Studien des Gerstenpathogens *Ramularia collo-cygni* als Grundlage für das Verständnis der weltweiten Epidemie und Ausblick auf alternative Kontrollmöglichkeiten

A population genetic study of the barley pathogen Ramularia collo cygni explains the worldwide epidemic and gives an outlook on alternative control

Michael Heß, Remco Stam, Ralph Hückelhoven

Technische Universität München, Lehrstuhl für Phytopathologie

Die wachsende Bedeutung des weltweit verbreiteten, pilzlichen Pathogens *Ramularia collo cygni*, biotische Ursache der *Ramularia* Blattfleckenkrankheit, spiegelt sich unter anderem in dem hohen Anteil zur Kontrolle zugelassener Fungizide wieder. Zulassungsbeschränkungen, aber vor allem dramatische Resistenzbildung durch den Pilz in den letzten Jahren schränken die Bekämpfungsmöglichkeiten empfindlich ein, ohne dass die biologischen Grundlagen der Entwicklung bisher geklärt werden konnten. Bei den Untersuchungen setzen die unsichere visuelle Diagnostik, mangelnde Sporulation in vitro, langsames Wachstum in Kultur und das Fehlen von gut etablierten Systemen zu künstlichen Inokulation der Aufklärung mit klassischen Methoden der Epidemiologie Grenzen.

Durch die Erstellung eines Referenzgenoms und der Sequenzierung von 19 Isolaten aus einer Sammlung weltweiter Herkünfte und von verschiedenen Wirten wurde ein neuer Ansatz verfolgt. Die populationsgenetische Studie gibt Hinweise auf die Verbreitung über Wind, aber auch mit dem Saatgut über große Distanzen. Die errechnete, hohe effektive Populationsgröße kann das schnelle Auftreten von Phänotypen mit verminderter Fungizidsensitivität erklären.

Konsequenzen für ein nachhaltiges Wirkstoffmanagement und Ansätze für die Resistenzzüchtung werden diskutiert.

05-5 - Aktuelle Studien zu CYP51 Haplotypen von *Zymoseptoria tritici* in Europa

Current studies on CYP51 haplotypes of Zymoseptoria tritici in Europe

Anna Huf¹, Dieter Strobel¹, Rosie Bryson¹, Ralf T. Voegelé², Gerd Stammler¹

¹BASF SE, Agricultural Research Station, 67117 Limburgerhof, Germany

²University of Hohenheim, Faculty of Agricultural Sciences, Institute of Phytomedicine, Department of Phytopathology, 70599 Stuttgart, Germany

Zymoseptoria tritici causes Septoria tritici blotch (STB), the most important disease of wheat in Western-Europe. Efficient control of STB relies mainly on the application of fungicides with different modes of action. Four major groups of fungicides are most frequently applied: the quinone outside inhibitors (QoIs), succinate dehydrogenase inhibitors (SDHIs), demethylation inhibitors (DMIs) and fungicides with multi-site modes of action. DMIs were introduced to the market in the mid-1970s and have been the key component to control STB for many years. This long-lasting exposure has led to a constant shift towards a reduced sensitivity of *Z. tritici* to DMIs. The most common mechanism associated to a reduced DMI sensitivity is based on the accumulation of mutations in the *CYP51* target gene leading to amino acid alterations in the *CYP51* enzyme. In recent years, many different *CYP51* haplotypes have been described and it was shown that *CYP51* is still evolving. In 2016, 33 different *CYP51* haplotypes were identified in a collection of isolates (n=331) across Europe. Nine of these haplotypes were found to represent around 85% of all isolates. A heterogeneous frequency and distribution of these nine haplotypes was observed across different European countries. Haplotypes showing substitution S524T, that is associated with a decreased sensitivity of *Z. tritici* to all DMIs were only found at frequencies of around 5%. Haplotypes carrying substitution S524T were mostly detected in Ireland and the UK and in lower frequencies in Germany, the Netherlands, Poland and France. Two other mechanisms are known to influence DMI sensitivity, *CYP51* overexpression and an enhanced efflux activity of the cell. In 2016, around 11% of the investigated isolates (n=331) showed a 120 bp insert in the *CYP51* promoter region which is known to be responsible for an increased *CYP51* expression. Additionally, enhanced efflux activity was investigated in these isolates and put in context to *CYP51* haplotypes and DMI sensitivity.

Literatur

- COOLS, H. J., C. BAYON, S. ATKINS, J. A. LUCAS, B. A. FRAAIJE, 2012: Overexpression of the sterol 14 α -demethylase gene (*MgCYP51*) in *Mycosphaerella graminicola* isolates confers a novel azole fungicide sensitivity phenotype. *Pest Manag. Sci.* **68** (7), 1034-1040.
- COOLS, H. J., B. A. FRAAIJE, 2013: Update on mechanisms of azole resistance in *Mycosphaerella graminicola* and implications for future control. *Pest Manag. Sci.* **69** (2), 150-155.
- HUF, A., A. REHFUS, K. H. LORENZ, R. BRYSON, R. T. VOEGELE, G. STAMMLER, 2018: Proposal for a new nomenclature for *CYP51* haplotypes in *Zymoseptoria tritici* and analysis of their distribution in Europe. doi.org/10.1111/ppa.12891.
- OMRANE, S., H. SGHYER, C. AUDÉON, C. LANEN, C. DUPLAIX, A. S. WALKER, S. FILLINGER, 2015: Fungicide efflux and the MgMFS1 transporter contribute to the multidrug resistance phenotype in *Zymoseptoria tritici* field isolates. *Environ. Microbiol.* **17** (8), 2805-2823.
- STAMMLER, G., M. CARSTENSEN, A. KOCH, D. STROBEL, S. SCHLEHUBER, 2008: Frequency of different *CYP51*-haplotypes of *Mycosphaerella graminicola* and their impact on epoxiconazole-sensitivity and field efficacy. *Crop Prot.* **27** (11), 1448-1456.

05-6 - Verbreitung der Kohlhernie im Rapsanbau und Variation der Pathotypen von *Plasmodiophora brassicae* in Mitteleuropa

Oilseed rape clubroot distribution and variation in pathotypes of Plasmodiophora brassicae in central Europe

Nazanin Zamani-Noor¹, Ann-Charlotte Wallenhammar, Geoffrey Orgeur, Francois Dussart, Veronika Konradyová, Jedryczka Malgorzata

¹Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Kohlhernie, verursacht durch *Plasmodiophora brassicae*, gewinnt im europäischen Rapsanbau immer mehr an Bedeutung und mittlerweile werden stark kontaminierte Flächen in verschiedenen europäischen Ländern mit zunehmender Tendenz nachgewiesen. Die Krankheit wurde in Feldstudien in der Tschechischen Republik, Frankreich, England und Schottland, Deutschland, Polen und Schweden untersucht. Infizierte Pflanzen und Bodenproben wurden randomisiert von Kohlhernie-befallenen Feldern in verschiedenen Ländern gesammelt. Standort, Bodentyp, Pflanzengenotyp und Rotationsregime wurden für jedes Feld aufgezeichnet. Desweiteren wurde der pH-Wert jeder Bodenprobe separat gemessen und die Anwesenheit von *P. brassicae*-Dauersporen im Boden mittels eines Standard-Gewächshaus-Bioassays bewertet. Die gewonnenen Isolate wurden im Gewächshaus mit 2 oder 3 verschiedenen Differentialsortimenten [European Clubroot Differential Set (ECD), das Klassifizierungssystem von Williams (1966) und Differentialsortiment von Somé (INRA Set, 1996)] in der Tschechischen Republik, Frankreich, Deutschland und Polen charakterisiert. Um den Grad der Virulenz von *P. brassicae*-Isolaten zu bestimmen, wurde zusätzlich jedes Isolat auch auf die resistente Rapsorte cv Mendel inokuliert. Im Jahr 2017 trat Kohlhernie in verschiedenen Regionen aller genannten Länder besonderes stark auf. Neben günstigen Boden- und Klimabedingungen für den Erreger zeigten die Ergebnisse, dass Kohlhernie ein großes Problem war, wenn Rapspflanzen in enger Rapsfruchtfolge angebaut wurden. Dies führte zu einem schnellen Anstieg der Befallshäufigkeit und der Befallsstärke. Eine signifikant negative Korrelation wurde zwischen dem Boden-pH-Wert und der Krankheitshäufigkeit von befallenen Feldern gefunden. Variationen in der Pathotypenverteilung wurden in verschiedenen Ländern nachgewiesen. Desweiteren gab es in der Tschechischen Republik und in Polen nach dem Klassifizierungssystem von Williams neun Pathotypen, vier Pathotypen nach Somé und 15 Virulenzmuster auf dem ECD-Set. In Deutschland hingegen wurden fünf Pathotypen nach dem Differentialsortiment von Somé und 20 nach dem ECD-Set gefunden. In Frankreich konnte man sechs Pathotypen nach dem Differentialsortiment von Somé (1996) klassifizieren. In allen Ländern wurden *P. brassicae* Pathotypen gefunden, die die Sortenresistenz von Mendel überwunden haben. Diese virulenten Populationen waren nicht auf bestimmte Gebiete in den jeweiligen Ländern beschränkt.

05-7 - Neuer Wein aus alten Schläuchen? – Zystennematodeneier als Quelle neuer nematodenparasitärer Pilze und neuer Naturstoffe

New wine into old wineskins – Eggs of cyst nematodes as a source for new nematode-parasitic fungi and new natural compounds

Wolfgang Maier¹, Abdelfattah A. Dababat², Samad Ashrafi¹

¹Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

²CIMMYT-Türkei

Vor fast 150 Jahren wurde *Catenaria auxilaris* als erster pilzlicher Parasit des Rübenzystennematoden *Heterodera schachtii* von Julius Kühn entdeckt und die Nützlichkeit solcher Antagonisten von Pflanzenpathogenen für die natürliche Kontrolle der Pathogen-Populationen erkannt (Kühn 1874). Im Folge dieser Entdeckung wurden vor allem in den 1970er bis 1990er Jahren eine Vielzahl von Studien durchgeführt und eine substantielle Zahl weiterer mit Wurzelzystennematoden-assoziiierter Pilze isoliert und charakterisiert. Seit rund 25 Jahren wurden jedoch keine weiteren Pilzarten aus diesem Substrat mehr isoliert.

Mit einer neu entwickelten Isolationsmethode, die auf einzelne symptomatische Nematodeneier fokussiert, konnten einige bislang unbekannte Pilzarten aus Weizenzystennematoden (*Heterodera filipjevi*) isoliert und morphologisch und molekularphylogenetisch charakterisiert werden. Es handelte sich dabei ausschließlich um langsamwachsende Ascomyceten der Ordnungen Hypocreales, Helotiales und Pleosporales (Ashrafi et al. 2017a, 2017b, 2018).

Sämtliche isolierte Pilze konnten *in vitro* gesunde Nematodeneier infizieren und anschließend wieder aus den Nematodeneiern isoliert werden und erfüllten somit die Kochschen Postulate. Aus den pilzlichen Reinkulturen wurden mehrere neue Naturstoffe isoliert und ihre Struktur aufgeklärt (Helaly et al. 2018). Einige dieser Naturstoffe, die unter anderem zu den Cyclodepsipeptiden gehören, zeigen nematizide Wirkung bei *in vitro* Tests. Auch aus den Eiern von Rübenzystennematoden, der Quelle des ersten von Kühn entdeckten pilzlichen Zystennematodenparasiten konnte eine bislang unbeschriebene Pilzart isoliert werden. Nicht zuletzt dieser Fund demonstriert das Potential der neuen Isolationsmethode: Diese ermöglicht die Entdeckung neuer Pilze und neuer Naturstoffe aus einer schon sehr lange untersuchten Quelle, den Zystennematoden. Interessanterweise wurden einige der isolierten neuen Pilze in anderen Studien schon als Endopyhten nachgewiesen. Mögliche Implikationen dieser Ergebnisse für die Kontrolle von Nematoden werden diskutiert.

Literatur

- ASHRAFI, S., D.G. KNAPP, D. BLAUDEZ, M. CHALOT, J.G. MACIA-VICENTE, I. ZAGYVA, A.A. DABABAT, W. MAIER, G.M. KOVÁCS, 2018. Inhabiting plant roots, nematodes and truffles — *Polyphilus*, a new helotialean genus with two globally distributed species. *Mycologia*, doi: 10.1080/00275514.2018.1448167.
- ASHRAFI, S., M. STADLER, A.A. DABABAT, K.J. RICHERT-PÖGGELER, M.R. FINCKH, W. MAIER, 2017. *Monocillium gamsii* sp. nov. and *Monocillium bulbiliosum*: Two nematode-associated fungi parasitising the eggs of *Heterodera filipjevi*. *Myckeys* 27: 21-38.
- ASHRAFI, S., S.E. HELALY, H.-J. SCHROERS, M. STADLER, K.J. RICHERT-PÖGGELER, A.A. DABABAT, W. MAIER, 2017. *Ijuhya vitellina* sp. nov., a novel source for chaetoglobosin A, is a destructive parasite of the cereal cyst nematode *Heterodera filipjevi*. *PLoS ONE* 12, doi: 10.1371/journal.pone.0180032.
- HELALY, S.E., S. ASHRAFI, R. TEPONNO, S. BERNECKER, A.A. DABABAT, W. MAIER, M. STADLER, 2018. Nematicidal cyclic lipodepsipeptides and a xanthocillin derivative, from a pleosporalean fungus parasitizing eggs of the plant parasitic nematode *Heterodera filipjevi*. *J. Nat. Prod.* (submitted).
- KÜHN, J., 1877. Vorläufiger Bericht über die bisherigen Ergebnisse der seit dem Jahre 1875 im Auftrage des Vereins für Rübenzucker-Industrie ausgeführten Versuche zur Ermittlung der Ursache der Rübenmüdigkeit des Bodens und zur Erforschung der Natur der Nematoden. *Z. Ver. Rübenzucker-Ind.* 27: 452-457.

05-8 - Genetische und physiologische Reaktion der Kiefer (*Pinus sylvestris*) auf Befall mit *Sphaeropsis sapinea*, dem Erreger des Kiefertriebsterbens

Genetic and physiological response of scots pine to artificial inoculation with Sphaeropsis sapinea, the pathogen causing Diplodia tip blight

Franziska Peters¹, Barbara Vornam¹, Bin Hu¹, Heinz Rennenberg¹, Jörg Schumacher²

¹Universität Freiburg

²Hochschule für nachhaltige Entwicklung Eberswalde (HNEE)

Das Kiefertriebsterben, verursacht durch den thermophilen Ascomyzen *Sphaeropsis sapinea*, beeinträchtigt zunehmend das Wachstum und die Gesundheit der Waldkiefern in Deutschland. Eine unterschiedliche Anfälligkeit von verschiedenen deutschen Kiefernherkünften auf Befall von *S. sapinea* wurde beobachtet (Schumacher 2012). Im Rahmen des durch den Waldklimafond geförderten Projektes WAHYKLAS wurde diese Anfälligkeit von zwei Kiefernherkünften auf molekularer Ebene untersucht. In einem Gewächshausversuch wurde *P. sylvestris* mit *Sphaeropsis sapinea* inokuliert. Eine Woche nach Inokulation waren die Symptome der Infektion an Nadeln deutlich sichtbar. Die genetische und physiologische Reaktion der infizierten Kiefern wurde mit Kontroll- und Medium-behandelten Kiefern zu unterschiedlichen Zeitpunkten nach Inokulation verglichen.

Literatur

Schumacher, J. 2012. Auftreten und Ausbreitung neuartiger Baumkrankheiten in Mitteleuropa unter Berücksichtigung klimatischer Aspekte. Contributions to Forest Science. Habilitationsschrift, Ulmer Verlag, Stuttgart. 153 S.