

---

## Sektion 45

### Virologie / Bakteriologie / Mykologie / Molekulare Phytomedizin II

---

#### 45-1 - Charakterisierung der Wirkung der primären Infektionsstelle an Ähren und der Umweltbedingungen auf die Partielle Taubährigkeit durch IR- Thermographie

*Characterising the effect of the primary infection site on ears and environmental conditions on Fusarium head blight by IR-thermography*

**Al Masri, A., Oerke, E.-C., Dehne, H.-W.**

University of Bonn, Institute of Crop Science and Resource Conservation (INRES), Department of Phytomedicine - Plant Pathology and Plant Protection, Meckenheimer Allee 166a, 53115 Bonn, Germany, almasri@uni-bonn.de

The essential growth factors like temperature, water and nutrient availability are influencing the vegetative development of plants and can be estimated by thermography. The important effect of primary infection site of *Fusarium graminearum* and *F. culmorum* of wheat ears on the subsequent Fusarium head blight (FHB) development was studied under different environmental conditions. The impact of FHB on the transpiration rate of infected ears was analysed using thermography as indicator of plant health and can be used for characterising plant disease development.

Disease incidence increased significantly for FHB developing under moist conditions. Vegetative development of ears was extended under lower temperatures (24/12 °C compared to 18/12 °C). This affected the shape of the disease progress curves. The disorder of plant water status due to FHB was detectable by thermographic methods. The temperature difference between environment and ear was negatively correlated to FHB severity and enabled disease detection from flowering to ripening. The primary infection sites of *Fusarium* species on wheat ears showed significant interactions with FHB – depending on environmental conditions and vegetative plant development. Thermography provides an objective estimation of FHB development and can be a useful tool for cereal phenotyping as well as early disease detection.

#### 45-2 - Monitoring von pilzlichen Schaderregern an Sojabohne in Österreich

*Monitoring of fungal pathogens on soybean in Austria*

**Kim Hissek<sup>1</sup>, Astrid Plenk<sup>2</sup>, Gerhard Bedlan<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Universität für Bodenkultur, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Pflanzenschutz, Gregor-Mendel-Straße 33, 1180 Wien, Österreich, kim\_hissek@gmx.at

<sup>2</sup>AGES GmbH, Institut für Nachhaltige Pflanzenproduktion, Spargelfeldstraße 191, 1220 Wien, Österreich

Im Zuge einer Diplomarbeit wurde 2015 ein umfassendes Monitoring von pilzlichen Schaderregern an *Glycine max* in Österreich durchgeführt. In den Hauptanbaubereichen der Sojabohne in Österreich wurden zwischen dem 15.6. und dem 17.9.2015 von 67 Flächen an 59 Standorten Pflanzen untersucht. Pro Fläche wurden zwei- bis dreimal Proben entnommen. Anhand von Fruchtkörpern, Sporen und Mycel wurden pathogene Pilze an

erkrankten Blättern, Stängeln, Hülsen und Bohnen diagnostiziert. Dies erfolgte hauptsächlich anhand morphologischer Eigenschaften von Fruchtkörpern, Sporen und Myzel. Zwei Arten mussten mittels PCR bestimmt werden.

Neben bereits bekannten pathogenen Pilze an der Sojabohne in Österreich, konnten auch zwei Erstnachweise erbracht werden (siehe Tabelle) (HISSEK et al., 2015, HISSEK und BEDLAN, 2016).

Häufigkeit pathogener Pilze an der Sojabohne in Österreich an 59 untersuchten Standorten, 2015

Pathogen	Anzahl der Standorte N=59
<i>Septoria glycines</i>	47
<i>Ascochyta soja</i>	34
<i>Colletotrichum destructivum</i>	15
<i>Peronospora manshurica</i>	15
<i>Phyllosticta glycines</i>	14
<i>Phoma longicolla</i>	13
<i>Colletotrichum truncatum</i>	10
<i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	6
<i>Phoma sojicola</i> (Syn. <i>Ascochyta sojicola</i> ) (Erstnachweis in Ö)	5
<i>Diaporthe phaseolorum</i> var. <i>caulivora</i>	1
<i>Rhizoctonia solani</i> , <i>Rhizoctonia</i> -Blattfäule (Erstnachweis in Ö)	1

Literatur

Hissek K.; A. Plenk; G. Bedlan, 2015: Erstnachweis der Rhizoctonia-Blattfäule an Sojabohne in Österreich. Journal für Kulturpflanzen. 67 (11). S. 377-378  
 Hissek K.; G. Bedlan, 2016: Erstnachweis von Phoma sojicola (Syn. Ascochyta sojicola) an Glycine max in Österreich. Journal für Kulturpflanzen. 68 (3). S.72-74

#### 45-4 - Symbiose-gesteuerte Überwindung des Abwehr-Wachstum Antagonismus in Pflanzen

*Symbiosis-directed elimination of the immunity-growth crosstalk in plants*

**Ruth Eichmann, Marco Reitz, Charlotte Rich, Frances Burton, Silke Lehmann, Sascha Ott, Patrick Schäfer**

University of Warwick, School of Life Sciences, CV4 7AL Coventry, UK, p.schafer@warwick.ac.uk

Durch die Interaktion mit mutualistischen Mikroorganismen erhöhen Pflanzen ihre Widerstandskraft gegenüber verschiedenen Umwelteinflüssen. Der mutualistische Pilz *Serendipita* (syn. *Piriformospora indica*) gehört der Ordnung Sebaciniales an, welche ein breites Spektrum an Mykorrhizen und Endophyten beheimatet. Neben einer verbesserten Toleranz gegenüber Trocken- und Salzstress, erhöht *S. indica* die Resistenz gegenüber Blatt- und Wurzelpathogenen. Zudem führt die Besiedlung durch *P. indica* zu einer Steigerung der Biomasse und des Ertrags in Wirtspflanzen. Das breite Wirtsspektrum des Pilzes innerhalb mono- und dikotyledoner Pflanzen unterstreicht die Möglichkeit, das nutzbringende Potenzial von *P. indica* für eine Vielzahl von Kulturpflanzen zu nutzen.

In molekularen und zellbiologischen Untersuchungen, konnten wir die Fähigkeit des Pilzes nachweisen, den negativen Effekt von Pflanzenabwehr auf das Pflanzenwachstum zu eliminieren. Diese Beeinträchtigung des Wachstums durch die Abwehrsignalgebung kann Ertragsrückgänge in Kulturpflanzen bewirken, wie wir sie unter Krankheitsbefall beobachten. Unsere Studien belegen eine Störung des Zellzyklus, und somit Wachstums, durch Abwehrsignalwege. Basierend auf Zelltyp-spezifischen Wurzelanalysen und Analyse der *S. indica*-Wurzel-Interaktion präsentieren wir Mechanismen, mit welchen wir den Wachstum-Abwehr Antagonismus enkoppeln können.

#### 45-5 - Phytoalexine und Bifunktionale Fusionsproteine für den Pflanzenschutz

##### *Phytoalexins and Bifunctional Fusion Proteins for Plant Protection*

Caspar Langenbach<sup>1</sup>, Sebastian Beyer<sup>2</sup>, Patrick Schwinges<sup>2</sup>, Felix Jakob<sup>2</sup>, Mehran Rahimi<sup>3</sup>, Ulrich Schwaneberg<sup>3</sup>, Holger Schultheiss<sup>4</sup>, Ruth Campe<sup>4</sup>, Christian Schwarz<sup>5</sup>, Lutz Schmitt<sup>5</sup>, Mauricio Hunsche<sup>6</sup>, Shyam Pariyar<sup>6</sup>, Georg Noga<sup>6</sup>, Uwe Conrath<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen, Plant Physiology Department (Bio III) / BioSC, c/o Forschungszentrum Jülich, langenbach@bio3.rwth-aachen.de

<sup>2</sup>Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen, Plant Physiology Department (Bio III)

<sup>3</sup>Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen, Biotechnology Department

<sup>4</sup>BASF Plant Science GmbH, Agrarzentrum-Limburgerhof

<sup>5</sup>Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf, Biochemistry Department

<sup>6</sup>Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Horticultural Science Department

*Phakopsora pachyrhizi* is a biotrophic fungus that provokes Asian soybean rust (SBR). Since soybean varieties with resistance to all isolates of *P. pachyrhizi* are lacking, fungicide application is the most effective and preferred means for controlling SBR at the moment. However, emergence of fungicide insensitive pathogen strains and wash-off of active compounds by rain reduce the efficacy of fungicides. Hence, there is an urgent need to identify novel fungicides, increase persistence time of active compounds on plants surfaces and generate *P. pachyrhizi* resistant soybean genotypes.

We identified POSTINVASION-INDUCED NONHOST RESISTANCE GENE 11 (PING11) which expression correlates with the accumulation of a phytoalexin during *Arabidopsis* postinvasion NHR. The phytoalexin inhibited germination of *P. pachyrhizi* spores and countered rust symptom development. Consistent with its role in phytoalexin biosynthesis, overexpression of PING11 in soybean lead to constitutive accumulation of the foreign metabolite and reduced SBR symptoms. In another approach we developed a novel technology platform for disease management based on bifunctional fusion proteins (BiFuProts) composed of a plant leaf anchoring peptide fused to an antimicrobial peptide (AMP). In proof of principle experiments anchoring peptides enabled immobilization of eGFP reporter proteins on leaf surfaces of soybean and other crops and significantly increased their rainfastness. BiFuProts' capacity to provide improved protection of crops against different economically relevant fungal diseases is currently being analyzed.

#### **45-6 - Untersuchung der Wirtsantwort im Pathosystem *Solanum tuberosum* L. / *Rhizoctonia solani* Kühn AG-3**

*Investigation of host response in the pathosystem *Solanum tuberosum* L. / *Rhizoctonia solani* Kühn AG-3*

**Franziska Genzel<sup>1</sup>, Philipp Franken<sup>2</sup>, Rita Grosch<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e.V., genzel@igzev.de

<sup>2</sup>Humboldt-Universität zu Berlin

Durch *R. solani* hervorgerufene Qualitätsmängel an Kartoffel führen weltweit zu starken ökonomischen Verlusten in der Kartoffelproduktion. Dieser bodenbürtige Schaderreger kann durch derzeit verfügbare Maßnahmen nur unzureichend bekämpft werden. Der Einsatz von Kartoffelsorten mit einem hohen Grad an Resistenz gegenüber *Rhizoctonia solani* stellt eine umweltfreundliche Alternative zu konventionellen Pflanzenschutzmaßnahmen dar. Unterschiede im Grad der Anfälligkeit der Kartoffelsorten gegenüber diesem nekrotrophen, bodenbürtigen Pathogen wurden häufig beschrieben, jedoch ist der molekulare Hintergrund bislang nicht geklärt. Es ist lediglich bekannt, dass Anfälligkeitsunterschiede auf quantitativer Resistenz basieren und eine Vielzahl von Stoffwechselprozessen involviert sind. Um einen Einblick in die Abwehrmechanismen der Kartoffel zu erhalten, wurde die Genexpression bekannter pflanzlicher Abwehrgene infolge einer Inokulation mit *R. solani* AG-3 PT im zeitlichen Verlauf mittels RT-qPCR untersucht. Drei und sechs Tage nach der Inokulation mit dem Pathogen wurde eine signifikant erhöhte Expression verschiedener abwehrrelevanter PR-Gene sowie eines Gens für eine Phenylalanin-Ammonium-Lyase (PAL) in Sprossen und Wurzeln festgestellt. Weiterhin zeigten die Genexpressionsanalysen, dass die erhöhte Expression in inokulierten Pflanzen bereits 13 Tage nach Inokulation wieder auf das Niveau der Expression nicht inokulierter Pflanzen abfiel. In einem Folgeexperiment wurden vergleichende Genexpressionsanalysen mit einer stärker anfälligen und einer geringer anfälligen Sorte durchgeführt. Die geringer anfällige Sorte wies im Vergleich zur stärker anfälligen Sorte sowohl in inokulierten als auch nicht inokulierten Sprossen eine höhere Expression der Gene für PAL, 1,3- $\beta$ -Glucanase (PR-2) und Chitinase (PR-3) auf. Das lässt vermuten, dass PAL, PR-2 und PR-3 mit einer geringeren Anfälligkeit gegenüber *R. solani* AG-3 assoziiert sind.

#### **45-7 - Ein Gencluster für sekretierte Proteine in *Colletotrichum graminicola* enthält zwei wichtige Gene für die appressoriale Penetration und die Virulenz in Mais**

*Two genes of a gene cluster encoding secreted proteins are important in *Colletotrichum graminicola* for appressorial penetration and virulence in maize*

**Fabian Weihmann, Iris Eisermann, Jorrit-Jan Krijger, Christian Kröling, Gerd Hause, Holger B. Deising, Stefan G. R. Wirsal**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften, Naturwissenschaftliche Fakultät III, Betty-Heimann-Str. 3, 06120 Halle, stefan.wirsal@landw.uni-halle.de

Wir haben 58 Gene des hemibiotrophen Pilzes *Colletotrichum graminicola*, die Effektor-Kandidatenproteine codieren, durch eine gerichtete Deletionsmutagenese auf eine Beteiligung an der Pathogenese in Mais hin untersucht. Ein Verfahren, bei dem wir das

Genom von *C. graminicola* nach Genclustern für sekretierte Proteine absuchten, führte zur Identifizierung von Mutanten, die einen Verlust der Virulenz aufwiesen.

Unter sechs Genclustern, die jeweils als Ganzes deletiert wurden, erwies sich einer als notwendig für die Infektion des Wirtes. Dieser Cluster 6 umfaßt fünf Gene, die einzeln deletiert wurden, was zeigte, daß die Gene *CgCL6a* und *CgCL6d* wichtig für die Pathogenese sind. Mehrere untersuchte vegetative Wachstumsmerkmale der Deletionsmutanten blieben gegenüber dem Wildtypstamm unverändert, so daß die Virulenzdefekte als spezifisch angesehen werden. Virulenztests an vier Maislinien zeigten, daß  $\Delta Cgcl6a$  Mutanten fast apathogen sind, während  $\Delta Cgcl6d$  Mutanten in Abhängigkeit von der Maissorte eine mehr oder weniger stark verminderte Virulenz aufweisen. LM und TEM zeigten, daß  $\Delta Cgcl6a$  Mutanten nicht in der Lage sind ausgehend vom Appressorium Infektionshyphen auszubilden. Hingegen können die  $\Delta Cgcl6d$  Mutanten die intakte Blattoberfläche noch durchstoßen, wenn auch signifikant seltener als der Wildtyp. Hierbei bildet der Wirt vermehrt Papillen. Cluster 6 ist in den sequenzierten Genomen von solchen *Colletotrichum* Arten vollständig syntenisch, die ebenfalls Gräser infizieren, während diese Syntenie bei Arten aufbricht, die Dikotyle infizieren.

#### 45-8 - Charakterisierung des p4-Proteins des European mountain ash ringspot-associated virus

*Characterization of p4 protein of European mountain ash ringspot-associated virus*

Jenny Roßbach<sup>1</sup>, Thomas Gaskin<sup>1</sup>, Hans-Peter Mühlbach<sup>2</sup>, Susanne von Bargaen<sup>1</sup>, Carmen Büttner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin; Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin. [phytomedizin@agrar.hu-berlin.de](mailto:phytomedizin@agrar.hu-berlin.de)

<sup>2</sup>Universität Hamburg, Biozentrum Klein Flottbek; Ohnhorststr. 18, 22609 Hamburg

Das *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) ist in Ebereschen Nord- und Mitteleuropas weit verbreitet (Roßbach et al., 2015). Neben der Eberesche wurden weitere Wirtspflanzen aus der Gattung *Sorbus* identifiziert (Grimová et al., 2015; Robel et al., 2013). EMARaV führt an Blättern von *Sorbus*-Spezies zu chlorotischen Ringflecken und Scheckungen. Zudem wird eine Degeneration der Pflanzen durch das Virus vermutet (Benthack et al., 2005). EMARaV besitzt ein einzelsträngiges RNA-Genom mit negativer Orientierung. Jede der vier Komponenten kodiert für ein Protein. Die Zuweisung von Funktionen gelang durch Sequenzvergleiche für drei der Proteine. Das RNA<sub>4</sub>-kodierte p<sub>4</sub>-Protein mit einer Größe von 233 aa weist jedoch keine Sequenzähnlichkeiten zu bisher bekannten Proteinen auf. Die Analyse von 42 EMARaV Varianten verschiedener Standorte zeigte, dass der Kernbereich des p<sub>4</sub>-Proteins zwischen Aminosäure 108-165 variabler ist als die terminalen Bereiche, in denen vermutlich funktionelle Domänen vorliegen (Roßbach et al., 2015).

Für phytopathogene Viren ist die Expression eines Transportproteins essentiell, um eine systemische Ausbreitung in der Wirtspflanze zu gewährleisten (Seron and Haenni, 1996). Daher wird vermutet, dass es sich beim p<sub>4</sub>-Protein des EMARaV um ein Transportprotein handelt.

Zur Überprüfung dieser Hypothese wurden GFP-Fusionskonstrukte erzeugt. Mittels Agroinfiltration wurden die GFP-fusionierten viralen Proteine in Biotestpflanzen eingebracht und dort lokalisiert. Weiterhin wurde die Dimerisierung des p<sub>4</sub>-Proteins mittels

Hefe-Zwei-Hybrid-System untersucht. Die Dimerisierung von Transportproteinen ist zu erwarten, sofern sie an der Ausbildung tubulärer Strukturen beteiligt sind. Neben dem Volllängen-p4-Protein wurde die Interaktion des p4-Proteins mit dem Nucleocapsidprotein (p3) von EMARaV in die Studie miteinbezogen. Erste Ergebnisse zur Charakterisierung des p4-Proteins werden vorgestellt und diskutiert.

Literatur

- Benthack, W., Mielke, N., Büttner, C., Mühlbach, H.P., 2005. Double-stranded RNA pattern and partial sequence data indicate plant virus infection associated with the ringspot disease of European mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.). *Archives of virology* 150, 37-52.
- Grimová, L., Marek, M., Konrady, M., Ryšánek, P., 2015. Newly identified host range of European mountain ash ringspot-associated virus (EMARaV) and its distribution in the Czech Republic. *Forest Pathology* 45, 177-189.
- Robel, J., Büttner, T., Mühlbach, H.-P., von Barga, S., Büttner, C., 2013. First detection of European mountain ash ringspot-associated virus in *Sorbus aria* and *Sorbus intermedia*, AAB Conference, 25.-27.09.2013, Norwich.
- Roßbach, J., Dieckmann, H.L., Büttner, T., Mühlbach, H.-P., Von Barga, S., Büttner, C., 2015. Genetic Variability and Phylogeny of European mountain ash ringspot-associated virus RNA<sub>3</sub> and RNA<sub>4</sub>. *Forests* 6, 4072-4087.
- Seron, K., Haenni, A.L., 1996. Vascular movement of plant viruses. *Molecular plant-microbe interactions : MPMI* 9, 435-442.