

Mitteilungen und Nachrichten

Neues aus der Deutschen Genbank Obst (DGO):

Sechste Sitzung des Fachbeirates der Deutschen Genbank Obst

Am 2. und 3. Juni 2015 fand in Hagen am Teutoburger Wald die sechste Sitzung des Fachbeirates der Deutschen Genbank Obst (DGO) statt. Die Gemeinde Hagen ist Sammlungshaltender Partner im Netzwerk Kirsche der Deutschen Genbank Obst.

Im Rahmen dieser Fachbeiratssitzung berichtete die Koordinationsstelle über die bislang geleistete Arbeit und gab Informationen zum Bearbeitungsstand der Datenbank durch die einzelnen Partner (<http://www.deutsche-genbank-obst.jki.bund.de/>). Herr MÜLLER, AG Zentrale Datenverarbeitung des Julius Kühn-Instituts (JKI), stellte die neue Datenbankversion 2.0 der DGO vor, die nach Testung Ende Oktober freigeschaltet werden soll. Als möglicher künftiger Partner für das Netzwerk Apfel wurde von den Fachbeiratsmitgliedern der Aufnahmeantrag vom Obstgarten des Leibniz-Zentrums für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) Müncheberg befürwortet. Herr Dr. SCHULTE, Prüfstelle Wurzen des Bundessortenamtes, gab einen detaillierten Bericht zum Stand des *Rubus*-Netzwerkes und zum Aufbau des Birnen-Netzwerkes. Herr Dr. HADERSDORFER, Technische Universität München, präsentierte die Fortschritte beim Aufbau des Netzwerkes für Pflaume und informierte über die Eröffnungsveranstaltung im Juli 2014 in Freising.

Weiterhin wurden die Ergebnisse zum Abgleich der pomologischen und molekulargenetischen Bestimmungen von Sorten des Apfel- und des Kirschnetzwerkes vorgestellt. Nach Klärung von unklaren bzw. widersprüchlichen Zuordnungen durch die bei der pomologischen Bestimmung beteiligten Pomologen,

erhalten die Sammlungshaltenden Partner nachfolgend bis März 2016 die Auswertungen zu denen in ihren Beständen vorhandenen Bäume bezüglich Zuordnung zu Sorten. Frau Dr. HÖFER berichtete über den Stand der pomologischen und molekulargenetischen Bestimmungen bei Erdbeere. Durch die pomologischen Bestimmungen bei Erdbeere, welche von Dr. JUNGNICHEL und Frau KRIEG am Standort Wurzen und Pillnitz vorgenommen worden sind, konnten insgesamt 165 Sorten pomologisch bestimmt werden. Das Vergabeverfahren für die molekulargenetische Überprüfung wurde wegen des Fehlens eines wirtschaftlichen Angebotes von der Zentralen Vergabestelle des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgehoben, und es wird nun erwogen, die Leistung im nächsten Jahr europaweit auszuschreiben. Herr ZIEGLER (Bundesanstalt für Landwirtschaft) stellte das Monitoring und die Indikatoren zur Umsetzung des 2. Globalen Aktionsplanes (Global Plan of Action) vor.

Desweiteren wurde im Rahmen der Fachbeiratssitzung über den Stand der Vorbereitung des Kongresses ‚Deutsche Obstsortenvielfalt – Neue Wege für Erhaltung und Nutzung‘ informiert und die Bitte geäußert, dass die Partner der DGO am Kongress teilnehmen, um diese Plattform als intensiven Erfahrungsaustausch nutzen zu können.

Frau Dr. OETMANN-MENNEN stellte den Netzwerkpartner Hagen a. T. W. mit einem Vortrag zum Thema „Die Kirschschatztruhe in Hagen a. T. W. – Verantwortung und Chance“ vor. Im Anschluss daran erfolgte eine Führung entlang des Kirschlehrpfades. Während der Sitzungspausen konnten die Fachbeiratsmitglieder verschiedene Sortenreine Fruchtaufstriche kosten, die Kirschkönigin begrüßen und von Schülern der Oberschule Hagen a. T. W. selbsthergestellte Pralinen mit Kirschen probieren. Damit konnten die Aktivitäten des Netzwerkpartners in einer sehr überzeugenden Weise vor Ort präsentiert werden (Abb. 1 und 2).

Monika HÖFER (JKI Dresden)



Abb. 1. Streuobstwiese mit Süßkirschen des Netzwerkpartners der DGO Hagen a. T. W.



Abb. 2. Öffentlichkeitswirksame Beschilderung der Obstwiesen mit Informationen zum Projekt und zu den einzelnen Süßkirschsornten.

Das Institut „Pflanzengesundheit“ des Julius Kühn-Instituts (JKI) teilt mit:

Express – Risikoanalyse zu *Thekopsora minima*

Mit der Neufassung der Pflanzenbeschauverordnung (PBVO) im Jahre 2012 hat das Julius-Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, ein neues Risikoanalyseverfahren entwickelt, das verbindlich anzuwenden ist. Findet ein Pflanzenschutzdienst im Rahmen von Einfuhrkontrollen an einer Warensendung aus Nicht-EU-Staaten oder aber im Freiland bzw. im geschützten Anbau einen neuen Organismus, der nicht in der EU-Pflanzenquarantäne-Richtlinie 2000/29/EG geregelt ist, ist von ihm folgendes zu überprüfen:

- 1) Besteht der Verdacht, dass es sich um einen Schadorganismus von Pflanzen handeln könnte?
- 2) Ist der Schadorganismus bislang im Dienstgebiet noch nicht angesiedelt?

Werden beide Fragen mit „ja“ beantwortet, beantragt der Pflanzenschutzdienst eine Express-Risikoanalyse (Express-PRA) beim Institut für nationale und internationale Angelegenheiten

der Pflanzengesundheit des JKJ. Das Institut Pflanzengesundheit erstellt dann nach einem einheitlichen Verfahren eine solche Express-PRA, die auf allgemeine Weise über den Schadorganismus und dessen pflanzengesundheitliche Risiken informiert und auch erste Handlungsempfehlungen enthält. Da je nach Situation eine schnelle Rückmeldung erfolgen muss (2 bis 3 Tage oder bis zu 30 Tagen), kann in die Erstellung der Express-Risikoanalyse nur unmittelbar verfügbares Wissen einfließen, sie ist daher in der Regel mit großer Unsicherheit behaftet.

Die hier vorgestellte Express-PRA zum Blaubeerrost *Thekopsora minima* wurde vom Pflanzenschutzdienst in Niedersachsen aufgrund des Auftretens in einer Baumschule beantragt. Der Fund dieses Pilzes ist ein gutes Beispiel dafür, dass bei neuen Kulturen besonderes Augenmerk auf die Zufuhr von Vermehrungsmaterial aus Ursprungsgebieten zu richten ist, auch weil noch nicht ausreichend bekannt ist, welche Schadorganismen hier relevant sein könnten.

Gritta SCHRADER, Wolfgang MAIER (JKI Braunschweig)

Tab. 1.

Express - PRA	<i>Thekopsora minima</i> P. Syd. & Syd. 1915		
Phytoparasitäres Risiko für DE	hoch <input checked="" type="checkbox"/>	mittel <input type="checkbox"/>	niedrig <input type="checkbox"/>
Phytoparasitäres Risiko für EU-MS	hoch <input checked="" type="checkbox"/>	mittel <input type="checkbox"/>	niedrig <input type="checkbox"/>
Sicherheit der Einschätzung	hoch <input type="checkbox"/>	mittel <input checked="" type="checkbox"/>	niedrig <input type="checkbox"/>
Fazit	<p>Der im östlichen Nordamerika und Japan heimische Pilz <i>Thekopsora minima</i> kommt in Deutschland noch nicht vor. In der EU ist er wahrscheinlich zum ersten Mal 2002 in Südwestspanien entdeckt worden, wurde aber als der heimische <i>Pucciniastrum vaccinii</i> (<i>Naohidemycetes vaccinii</i>) fehlbestimmt. <i>T. minima</i> ist bisher weder in den Anhängen der RL 2000/29/EG noch bei der EPPO gelistet.</p> <p><i>Thekopsora minima</i> befällt die ursprünglich nordamerikanische Strauchheidelbeere <i>Vaccinium corymbosum</i> und verschiedene Rhododendren und Azaleen sowie verschiedene weitere Ericaceen-Gattungen und hat zwei <i>Tsuga</i>-Arten als Wechselwirte.</p> <p>Es ist anzunehmen, dass sich <i>Thekopsora minima</i> aufgrund geeigneter Klimabedingungen in Deutschland im Freiland ansiedeln kann, eine Ansiedlung in südeuropäischen EU-Mitgliedstaaten ist ebenfalls möglich.</p> <p>Wegen seines Schadpotenzials für Kulturheidelbeeren, Rhododendren und andere Ericaceen stellt <i>Thekopsora minima</i> ein hohes phytoparasitäres Risiko für Deutschland und andere EU-Mitgliedstaaten dar.</p> <p>Aufgrund dieser Risikoanalyse besteht Anlass zur Annahme, dass sich der Schadorganismus in Deutschland oder einem anderen Mitgliedstaat ansiedeln und nicht unerhebliche Schäden verursachen kann. Es sollten daher Maßnahmen zur Bekämpfung und zur Abwehr der Gefahr der Verschleppung dieses potenziellen Quarantäneschadorganismus entsprechend § 4a der PBVO getroffen werden. Der Befall ist daher entsprechend § 4a der PBVO zu bekämpfen und auszurotten.</p>		
Taxonomie ²⁾	Fungi, Basidiomycota, Pucciniomycetes, Pucciniales (=Uredinales), Pucciniastraceae, <i>Thekopsora</i>		
Trivialname	Blaubeerrost		
Synonyme	<i>Uredo minima</i> Schwein. 1822 <i>Uredo azaleae</i> (Schwein.) Sacc. <i>Pucciniastrum minimum</i> (Schwein.) Arthur 1906 <i>Peridermium peckii</i> Thüm. 1880		
Liegt bereits PRA mit übertragbaren Aussagen vor?	Nein		
Biologie	<p>Die Teliosporen überwintern an Blaubeerblättern am Boden und infizieren nach Keimung durch Basidiosporen im späten Frühjahr ihren Wechselwirt die Hemlock-Tannen <i>Tsuga canadensis</i> (bzw. <i>T. diversifolia</i>). Die dort gebildeten Aeciosporen infizieren dann die Blaubeeren bzw. die anderen Wirtspflanzen. Auf diesen kommt es zur Bildung der Urediniosporen, die die Infektion im Bestand über die ganze Vegetationsperiode verbreiten können. Systemische Überwinterung des Myzels in den Knospen der Wirtspflanzen und direkte Bildung der Urediniosporen im Frühjahr ist für die nah verwandten heimischen Heidelbeer-Roste ebenfalls nachgewiesen. Der Wechselwirt wäre in diesem Fall nicht notwendig, was sich erheblich auf das Risikopotenzial auswirken würde.</p>		
Ist der SO ein Vektor? ³⁾	Nein		
Benötigt der SO einen Vektor? ⁴⁾	Nein		
Wirtspflanzen	<p>Arten aus den Gattungen <i>Azalea</i>, <i>Gaylussacia</i>, <i>Lyonia</i>, <i>Rhododendron</i> (z.B. <i>R. ponticum</i>), <i>Tsuga</i> (<i>T. canadensis</i>, <i>T. diversifolia</i>), <i>Vaccinium</i> (<i>V. angustifolium</i>, <i>V. corymbosum</i>), Sato et al. (1993). Inwieweit die heimische Heidelbeere (<i>V. myrtillus</i>) anfällig gegen Befall mit <i>T. minima</i> ist, ist noch nicht bekannt. Diese trägt aber den heimischen Heidelbeer-Rostpilz, <i>Naohidemycetes vaccinii</i>.</p>		
Symptome ⁵⁾	<p>Anfänglich kleine, gelbe, chlorotische Blattflecken auf der Blattoberseite junger Blätter. Mit fortschreitender Infektion werden diese größer und rostbraun. Gelb-orange pudrige Sporenlager entwickeln sich an der Blattunterseite. Ähnliche Sporenlager können auch auf den Früchten erscheinen. Bei stärkerer Infektion kommt es zu frühzeitigem Blattfall (Biosecurity Tasmania Fact Sheet, 2014).</p>		

Tab. 1. Fortsetzung

Express - PRA	<i>Thekopsora minima</i> P. Syd. & Syd. 1915
Vorkommen der Wirtspflanzen in DE⁶⁾	Heidelbeerkulturen (<i>Vaccinium corymbosum</i>): Insgesamt werden heute in Deutschland von Juli bis September auf einer Anbaufläche von 800 Hektar 6 bis 8 Tonnen pro Hektar geerntet. Hauptanbauggebiete sind die Lüneburger Heide, Brandenburg, Teile von Oldenburg sowie Gebiete in Süddeutschland und Mittelbaden (BDH, 2015) Rhododendren und Azaleen sind als Zierpflanzen in Deutschland weitverbreitet. <i>Tsuga canadensis</i> wird in einigen Teilen Deutschlands kultiviert (floraweb.de) und kommt in Gärten vor.
Vorkommen der Wirtspflanzen in den MS⁷⁾	Auch in anderen Mitgliedstaaten wird <i>V. corymbosum</i> angebaut. Rhododendren und Azaleen sind als Zierpflanzen in der EU weitverbreitet. <i>Tsuga canadensis</i> kommt ebenfalls in anderen EU-Mitgliedstaaten vor.
Bekannte Befallsgebiete⁸⁾	Heimisch im östlichen Nordamerika und Japan (Sydow & Sydow, 1915; Gäumann, 1959; Sato et al., 1993; Kobayashi, 2007). <i>T. minima</i> wurde eingeschleppt und nachgewiesen auf <i>Vaccinium corymbosum</i> in Südafrika (Mostert et al., 2010), Mexiko (Rebollar-Alviter et al., 2011), Australien (McTaggart et al., 2013). Erstnachweise von Rost auf <i>V. corymbosum</i> wurden auch aus den folgenden Ländern publiziert (aber höchstwahrscheinlich fehlbestimmt als <i>Pucciniastrum vaccinii</i>): Argentinien (Dal Bello & Perelló, 1998), Spanien (Barrau et al., 2002) und Hawaii (Keith et al., 2008).
Ein- oder Verschleppungswege⁹⁾	Import von infizierten Pflanzen (zum Anpflanzen) und eventuell auch Früchten, Verschleppung durch Personen (z.B. Kleidung; Biosecurity Tasmania Fact Sheet, 2014)
natürliche Ausbreitung¹⁰⁾	Wind (über mittellange Distanzen).
Erwartete Ansiedlung und Ausbreitung in DE¹¹⁾	Der Pilz ist in Niedersachsen an einem Standort gefunden worden. Da die notwendigen Klimabedingungen gegeben, Wirtspflanzen weit verbreitet und Wechselwirte, zumindest sporadisch, vorhanden sind, ist eine weitere Ausbreitung zu erwarten. Außerdem ist es wahrscheinlich, dass die Wechselwirte nicht zwingend benötigt werden.
Erwartete Ansiedlung und Ausbreitung in den MS¹²⁾	In der EU sind die klimatischen Voraussetzungen für eine Ansiedlung und Ausbreitung gegeben, Wirtspflanzen sind weitverbreitet, Wechselwirte sind, zumindest sporadisch, vorhanden. Überwinterung der Uredolager an Strauchheidelbeere im Südwesten von Spanien nachgewiesen (Dal Bello & Perelló, 1998; wahrscheinliche Fehlbestimmung als <i>Pucciniastrum vaccinii</i>).
Bekannte Schäden in Befallsgebieten¹³⁾	Frühzeitiger Blattfall und Entblätterung sowie Sporenlager an Früchten führen zu Ertragsminderung (Biosecurity Tasmania Fact Sheet, 2014; Schilder und Miles, 2011)
Eingrenzung des gefährdeten Gebietes in DE	Deutschland gesamt
Erwartete Schäden in gefährdetem Gebiet in DE¹⁴⁾	Schäden an Strauchheidelbeeren mit Ertragsminderungen, (kosmetische) Schäden an Rhododendren und Azaleen. Unklar ist, ob auch heimische Heidelbeeren von diesem Pilz befallen werden könnten. Potentiell könnte es auch zu Hybridisierungen von dem eingeschleppten <i>T. minima</i> mit dem heimischen <i>N. vaccinii</i> , kommen. Daraus könnten neue virulente Typen entstehen (vgl. Weidenroste in Nordamerika: Hybridisierung mit europäischen Weidenrosten und Entstehung einer neuen Art mit breiterem Wirkkreis und stärkerer Virulenz (Newcombe et al., 2000).
Erwartete Schäden in gefährdetem Gebiet in MS¹⁵⁾	S.o.
Bekämpfbarkeit und Gegenmaßnahmen¹⁶⁾	Rodung, Fungizide zumindest zur Verringerung der Ausbreitung.
Nachweisbarkeit und Diagnose¹⁷⁾	Symptome mit Erfahrung gut als Rost erkennbar; Art-Diagnose ist morphologisch (mikroskopisch) sehr schwierig aber eindeutig durch DNA-Sequenzierung der LSU und/oder der ITS-Region der ribosomalen DNA (siehe Maier et al., 2003; Schoch et al., 2012). Die Aeciosporen-Lager an <i>Tsuga</i> sind wenig auffällig und sehen fast so wie die Urediniolager auf den Heidelbeerblättern aus.
Bemerkungen	Die Sicherheit der Bewertung ist mittel, da nicht bekannt ist, ob der Pilz den Wechselwirt zwingend benötigt, ob Hybridisierung des Pilzes mit dem heimischen <i>N. vaccinii</i> möglich ist und ob der Pilz auch die heimischen Heidelbeeren infizieren kann.

Tab. 1. Fortsetzung

Express - PRA	<i>Thekopsora minima</i> P. Syd. & Syd. 1915
Literatur	<p>Barrau, C. de los Santos, B., and Romero, F. 2002. First report of leaf rust of southern high-bush blueberry caused by <i>Pucciniastrum vaccinii</i> in southwestern Spain. <i>Plant Disease</i> 86: 1178.</p> <p>BDH, 2015. http://www.bund-deutscher-heidelbeeranbauer.de/heidelbeeren.html (Webseite aufgerufen am 4. Juni 2015)</p> <p>Biosecurity Tasmania Fact Sheet, 2014. http://dpipwe.tas.gov.au/biosecurity/current-biosecurity-threats (Webseite aufgerufen am 4. Juni 2015)</p> <p>Dal Bello, G., Perelló, A. 1998. First report of leaf rust of blueberry caused by <i>Pucciniastrum vaccinii</i> in Argentina. <i>Plant Disease</i> 82: 1062.</p> <p>Gäumann, E. 1959. Die Rostpilze Mitteleuropas. Kommissionsverlag Buchdruckerei Bächler, Bern, Switzerland.</p> <p>Keith, L., Sugiyama, L., Strauss, A., Kai, R., Zee, F., Hamasaki, R., Yamasaki, M., and Nakamoto, S. 2008. First report of leaf rust of blueberry caused by <i>Pucciniastrum vaccinii</i> in Hawaii.</p> <p>Kobayashi T. 2007. Index of Fungi Inhabiting Woody Plants in Japan. Host, Distribution and Literature. Zenkoku-Noson-Kyoiku Kyokai Publishing Co., Tokyo, p. 1227.</p> <p>Maier W., Begerow D., Weiß M., Oberwinkler F. 2003. Phylogeny of the rust fungi: an approach using nuclear large subunit ribosomal DNA sequences. <i>Canadian Journal of Botany</i> 81: 12–23.</p> <p>McTaggart, A.R., Geering, A.D.W., and Shivas, R.G. 2013. <i>Thekopsora minima</i> causes blueberry rust in south-eastern Queensland and northern New South Wales. <i>Australasian Plant Disease Notes</i> 8: 81–83.</p> <p>Mostert, L., Bester, W., Jensen, T., Coertze, S., van Hoorn, A., Le Roux, J., Retief, E., Wood, A., and Aime, M.C. 2010. First report of leaf rust of blueberry caused by <i>Thekopsora minima</i> on <i>Vaccinium corymbosum</i> in the Western Cape, South Africa. <i>Pl. Dis.</i> 94: 478.</p> <p>Newcombe, G., Stirling, B., McDonald, S., and Bradshaw jr., H. D. 2000. <i>Melampsora</i> × <i>columbiana</i>, a natural hybrid of <i>M. medusae</i> and <i>M. occidentalis</i>. <i>Mycological Research</i> 104: 261–274.</p> <p>Rebollar-Alviter, A., Minnis, A.M., Dixon, L.J., Castlebury, L.A., Ramirez-Mendoza, M.R., Silva-Rojas, H.V., and Valdovinos-Ponce, G. 2011. First report of leaf rust of blueberry caused by <i>Thekopsora minima</i> in Mexico. <i>Pl. Dis.</i> 95: 772.</p> <p>Sato, S., Katsuya, K., and Hiratsuka, Y. 1993. Morphology, taxonomy and nomenclature of Tsuga-Ericaceae rusts. <i>Trans. Mycol. Soc. Japan</i> 34: 47–62.</p> <p>Schilder, A.M.C., and Miles, T.D. 2011. First report of blueberry leaf rust caused by <i>Thekopsora minima</i> on <i>Vaccinium corymbosum</i> in Michigan. <i>Pl. Dis.</i> 95: 768.</p> <p>Schoch C.L. and Fungal Barcoding Consortium 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for fungi. <i>PNAS</i> 109 (16) 6241–6246</p> <p>Sydow, P., and Sydow, H. <i>Monographia Uredinearum</i>. Vol. III. Fratres Borntraeger, Leipzig, Germany, 1915.</p>

Erläuterungen

- 1) Zusammenstellung der wichtigsten direkt verfügbaren Informationen, die eine erste, vorläufige Einschätzung des phytosanitären Risikos ermöglichen. Diese Kurzbewertung wird benötigt, um über eine Meldung an EU und EPPO sowie die Erstellung einer vollständigen Risikoanalyse zu entscheiden, um die Länder zu informieren und als Grundlage für die mögliche Einleitung von Ausrottungsmaßnahmen. Beim phytosanitären Risiko werden insbesondere die Wahrscheinlichkeit der Einschleppung und Verbreitung in Deutschland und den Mitgliedsstaaten sowie mögliche Schäden berücksichtigt.
- 2) Taxonomische Einordnung, ggf. auch Subspecies; wenn taxonomische Zuordnung ungesichert, veranlasst JKI-Wissenschaftler taxonomische Bestimmung, soweit möglich.
- 3) Wenn ja, welcher Organismus (welche Organismen) werden übertragen und kommt dieser (kommen diese) in DE/MS vor?
- 4) Wenn ja, welcher Organismus dient als Vektor und kommt dieser in DE/MS vor?
- 5) Beschreibung des Schadbildes und der Stärke der Symptome/Schäden an den verschiedenen Wirtspflanzen
- 6) Vorkommen der Wirtspflanzen im geschützten Anbau, Freiland, öffentlichem Grün, Forst,....; wo, in welchen Regionen, kommen die Wirtspflanzen vor und in welchem Umfang? welche Bedeutung haben die Wirtspflanzen (ökonomisch, ökologisch,...)?
- 7) Vorkommen der Wirtspflanzen im geschützten Anbau, Freiland, öffentlichem Grün, Forst,....; Wo, in welchen Regionen, kommen die Wirtspflanzen vor und in welchem Umfang? Welche Bedeutung haben die Wirtspflanzen (ökonomisch, ökologisch,...)?, evtl. Herkunft
- 8) z.B. nach CABI, EPPO, PQR, EPPO Datasheets
- 9) Welche Ein- und Verschleppungswege sind für den Schadorganismus bekannt und welche Bedeutung haben diese für die Wahrscheinlichkeit der Einschleppung. Es geht hier in erster Linie um die Verbringung des Schadorganismus über größere Distanzen, i.d.R. mit infizierten, gehandelten Pflanzen, Pflanzenprodukten oder anderen kontaminierten Gegenständen. Die natürliche Ausbreitung nach erfolgter Einschleppung ist hier nicht gemeint.
- 10) Welche Ausbreitungswege sind für den Schadorganismus bekannt und welche Bedeutung haben diese für die Wahrscheinlichkeit der Ausbreitung? In diesem Fall handelt es sich um die natürliche Ausbreitung nach erfolgter Einschleppung.

Tab. 1. Fortsetzung

Express - PRA	<i>Thekopsora minima</i> P. Syd. & Syd. 1915
Erläuterungen	
11)	unter den gegebenen/vorherrschenden Umweltbedingungen
12)	unter den gegebenen/vorherrschenden Umweltbedingungen (in den heimischen Gebieten sowie den Einschleppungsgebieten)
13)	Beschreibung der ökonomischen, ökologischen/umweltrelevanten und sozialen Schäden im Herkunftsgebiet bzw. Gebieten bisherigen Vorkommens
14)	Beschreibung der in Deutschland zu erwartenden ökonomischen, ökologischen/umweltrelevanten und sozialen Schäden, soweit möglich und erforderlich differenziert nach Regionen
15)	Beschreibung der in der EU/anderen Mitgliedstaaten zu erwartenden ökonomischen, ökologischen/umweltrelevanten und sozialen Schäden, soweit möglich und erforderlich differenziert nach Regionen
16)	Ist der Schadorganismus bekämpfbar? Welche Bekämpfungsmöglichkeiten gibt es? Werden pflanzengesundheitliche Maßnahmen für diesen Schadorganismus (in den Gebieten seines bisherigen Auftretens bzw. von Drittländern) angewendet?
17)	Beschreibung der Möglichkeiten und Methoden des Nachweises. Nachweisbarkeit durch visuelle Inspektionen? Latenz? Ungleichmäßige Verteilung in der Pflanze (Probenahme)?

Presseinformation Julius Kühn-Institut, Juli 2015

Antibiotikaresistenzen können sich in der Umwelt weiter ausbreiten

Kernaussagen des internationalen EDAR-3 Symposiums, das sich mit den Verbreitungswegen von Antibiotikaresistenzen und ihrem Vorkommen in der Umwelt beschäftigte

„Global steigt der Einsatz von Antibiotika in Humanmedizin und Tierhaltung noch immer. Dies verstärkt die Gefahr der Entstehung von Bakterien mit übertragbaren Resistenzen gegen diese Wirkstoffe nicht nur in Krankenhäusern und Tierställen, sondern auch in der Umwelt“, so ein Fazit der EDAR-3 Tagung „The Environmental Dimension of Antibiotic Resistance“, Ende Mai 2015. Insgesamt 155 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus 30 Ländern aller Kontinente stellten in Wernigerode/Harz an fünf Tagen ihre aktuellen Forschungsergebnisse vor und diskutierten deren Auswirkungen. Sie stimmten darüber überein, dass es Verbindungen zwischen den Antibiotikaresistenzen in der Umwelt und Resistenzen von klinischen Pathogenen gibt, die es genauer zu erforschen gilt. Eingeladen hatte zu dieser dritten Tagung Prof. Dr. Kornelia SMALLA vom Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, in Braunschweig.

Bekannt ist, dass ein wiederholter Einsatz von Antibiotika zu Resistenzen führen kann. Auch, dass Menschen und Tiere Antibiotika zum großen Teil wieder ausscheiden, die zusammen mit bereits antibiotikaresistenten Bakterien über Abwasser und Gülle in die Umwelt gelangen können, ist gut dokumentiert. Die Fähigkeiten von Bakteriengemeinschaften, sich an den Selektionsdruck durch Antibiotika anzupassen, werden derzeit intensiv erforscht. So spielen Prozesse, die unter dem Begriff „Horizontaler Gentransfer“ zusammengefasst werden, eine wichtige Rolle: Bakterien tragen mobile genetische Elemente, z.B. sogenannte Plasmide, mit denen sie genetische Informationen untereinander austauschen können. Diese mobilen Elemente können nicht nur ein Gen tragen, das zum Beispiel die Resistenz gegen ein bestimmtes Antibiotikum vermittelt, son-

dern auch gleichzeitig weitere Gene, die die Bakterien beispielsweise gegen andere Antibiotika, Desinfektionsmittel oder Metallverbindungen resistent machen. Dies führt zu Problemen, die als Ko-Selektion bezeichnet werden. Mehrere Experten referierten, dass Antibiotika, die vor allem in der Tierhaltung genutzt werden, bei Bakterien auch Resistenzen gegen andere Antibiotika „ko-selektieren“ können, die für die Humantherapie von Bedeutung sind.

Welche Antibiotika in verschiedenen Umweltbereichen, z.B. im Boden, auftreten und wie sie persistieren, wird wesentlich von ihrer chemischen Struktur bestimmt. In diesem Forschungsfeld arbeitete das Julius Kühn-Institut im Rahmen der DFG-Forschergruppe 566. Stellvertretend stellte Dr. Jan SIEMENS (Universität Bonn) vor, dass an die Bodenmatrix gebundene Antibiotika aus der Gruppe der Sulfonamide in kleinen Mengen über mehrere Monate freigesetzt werden. Zudem zeigte er einen Zusammenhang zwischen der Antibiotikakonzentration im Boden und dem gehäuftem Auftreten von Resistenzgenen und mobilen genetischen Elementen auf (siehe auch JKI-Pressinformation vom 1.7. 2014).

„Kläranlagen und Güllelager sind ohne Zweifel „hot spots“ der bakteriellen Evolution. Hier kommen hohe Bakterienkonzentrationen, ein breites Spektrum an Nährstoffen für Bakterien, verschiedene Antibiotika, aber auch Desinfektionsmittel oder Metallverbindungen zusammen. Dies begünstigt genetische Veränderungen in den Mikroorganismen“, fasst Prof. SMALLA eine wichtige Erkenntnis aus den Redebeiträgen ihrer Wissenschaftskolleginnen und Kollegen zusammen. Prof. Dr. Fernando BAQUERO (CSIC-INTA, Madrid) wies darauf hin, dass bereits sehr geringe Konzentrationen von Antibiotika in der Umwelt beachtliche Effekte auf Bakteriengemeinschaften haben können.

Immer wieder wurden bei den Tagungsbeiträgen die enge Vernetzung unterschiedlicher Lebensräume (Agrar- und aquatische Ökosysteme) sowie die globale Dimension des Themas deutlich. Viele der präsentierten Daten weisen darauf hin, dass

es verschiedene Übertragungswege zwischen Landwirtschaft und Humanmedizin gibt.

Die Mikrobiologin SMALLA vom Julius Kühn-Institut forscht selbst an Themen, die Dr. Ed TOPP (Quebec/Kanada) präsentierte. Alle die Pflanze besiedelnden Mikroorganismen, die auch als Mikrobiom bezeichnet werden, sind durch den Boden und damit auch durch die Nutzung von organischem Dünger (z.B. Gülle) und Beregnungswasser mit der Gesamtheit der Antibiotikaresistenz-vermittelnden Gene (Resistom) verknüpft. TOPP konnte dies am Beispiel von Gemüsekulturen wie Tomate, Rettich, Möhre und Salat nachweisen. Trotz aller Fortschritte im Verständnis, warum sich Bakterien bei Selektionsdruck, z.B. durch ein Antibiotikum, genetisch so schnell anpassen können, bleiben doch noch viele Fragen offen. „Vor allem müssen wir die biotischen und abiotischen Faktoren, die die Häufigkeit und

Übertragbarkeit von Antibiotika-Resistenzgenen beeinflussen, weiter erforschen“, so Professor SMALLAS Fazit für die eigene Arbeit. Sie hofft, dass mit der heute möglichen Analytik und neuen Methoden die Übertragungswege der Resistenzgene sowie die wichtigsten Einflussfaktoren bereits in naher Zukunft besser verstanden werden.

EDAR-4 wird im Mai 2017 in East Lansing in den USA stattfinden. Prof. James TIEDJE von der Michigan State University ist der Organisator.

Wissenschaftlerin: Prof. Dr. Kornelia Smalla, Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, E-Mail: kornelia.smalla@jki.bund.de

(Quelle: Presseinformation Julius Kühn-Institut, Juli 2015)

Literatur

Annual Review of Biochemistry, Vol. 84, 2015. Eds.: Roger D. KORNBERG, James E. ROTHMAN, JoAnne STUBBE, Jeremy W. THORNER. Palo Alto California, USA, Annual Reviews, 986 S., ISBN 978-0-8243-0884-1, ISSN 0066-4154.

Der vorliegende Band 84 beginnt mit einem Artikel von Charles C. RICHARDSON mit dem Titel „It Seems Like Only Yesterday“. Professor RICHARDSON schildert darin seinen beruflichen Werdegang und blickt auf wichtige Stationen seines Forscherlebens zurück.

Diesem Beitrag folgt ein weiterer ausführlicher Rückblick, in dem Dr. Stephen C. HARRISSON seine wissenschaftliche Karriere schildert. Er gab dem Artikel den Titel „Veritas per structuram“.

Weitere Übersichtsartikel zu folgenden Themenbereichen der Biochemie schließen sich an:

Nuclear Organization (Yosef GRUENBAUM); The Balbiani Ring Story: Synthesis, Assembly, Processing, and Transport of Specific Messenger RNA-Protein Complexes (Petra BJÖRK, Lars WIESLANDER); Functions of Ribosomal Proteins in Assembly of Eukaryotic Ribosomes In Vivo (Jesús DE LA CRUZ, Katrin KARBSTEIN, John L. WOOLFORD JR.); Lamins: Nuclear Intermediate Filament Proteins with Fundamental Functions in Nuclear Mechanics and Genome Regulation (Yosef GRUENBAUM, Roland FOISNER); Regulation of Alternative Splicing Through Coupling with Transcription and Chromatin Structure (Shiran NAFTELBERG, Ignacio E. SCHOR, Gil AST, Alberto R. KORNBLIHTT); DNA Triplet Repeat Expansion and Mismatch Repair (Ravi R. IYER, Anna PLUCIENNIK, Marek NAPIERALA, Robert D. WELLS); Nuclear ADP-Ribosylation and Its Role in Chromatin Plasticity, Cell Differentiation, and Epigenetics (Michael O. HOTTIGER); Application of the Protein Semisynthesis Strategy to the Generation of Modified Chromatin (Matthew HOLT, Tom MUIR); Mechanisms and Regulation of Alternative Pre-mRNA Splicing (Yeon LEE, Donald C. RIO); The Clothes Make the mRNA: Past and Present Trends (Guramrit SINGH, Gabriel PRATT, Gene W. YEO, Melissa J. MOORE); Biochemical Properties and Biological Functions of FET Proteins (Jacob C. SCHWARTZ, Thomas R. CECH, Roy R. PARKER); Termination of Transcription of Short Noncoding RNAs by RNA Polymerase II (Karen M. ARNDT, Daniel REINES); PIWI-Interacting RNA: Its Biogenesis and Functions (Yuka W. IWASAKI, Mikiko C. SIOMI, Haruhiko SIOMI); The Biology of Proteostasis in Aging and Disease (Johnathan LABBADIA, Richard I. MORIMOTO); Magic Angle Spinning NMR of Proteins: High-Frequency Dynamic Nuclear Polarization and ^1H Detection (Yongchao SU, Loren ANDREAS, Robert G. GRIFFIN);

Cryogenic Electron Microscopy and Single-Particle Analysis (Dominika ELMUND, Hans ELMUND); Natural Photoreceptors as a Source of Fluorescent Proteins, Biosensors, and Optogenetic Tools (Daria M. SHCHERBAKOVA, Anton A. SHEMETOV, Andrii A. KABERNIUK, Vladislav V. VERKHUSHA); Structure, Dynamics, Assembly, and Evolution of Protein Complexes (Joseph A. MARSH, Sarah A. TEICHMANN); Mechanisms of Methicillin Resistance in *Staphylococcus aureus* (Sharon J. PEACOCK, Gavin K. PATERSON); Structural Biology of Bacterial Type IV Secretion Systems (Vidya Chandran DARBARI, Gabriel WAKSMAN); ATP Synthase (Wolfgang JUNGE, Nathan NELSON); Structure and Energy Transfer in Photosystems of Oxygenic Photosynthesis (Nathan NELSON, Wolfgang JUNGE); Gating Mechanisms of Voltage-Gated Proton Channels (Yasushi OKAMURA, Yuichiro FUJIWARA, Souhei SAKATA); Mechanisms of ATM Activation (Tanya T. PAULL); A Structural Perspective on the Regulation of the Epidermal Growth Factor Receptor (Erika KOVACS, Julie Anne ZORN, Yongjian HUANG, Tiago BARROS, John KURIYAN); Chemical Approaches to Discovery and Study of Sources and Targets of Hydrogen Peroxide Redox Signaling Through NADPH Oxidase Proteins (Thomas F. BREWER, Francisco J. GARCIA, Carl S. ONAK, Kate S. CARROLL, Christopher J. CHANG); Form Follows Function: The Importance of Endoplasmic Reticulum Shape (L.M. WESTRATE, J.E. LEE, W.A. PRINZ, G.K. VOELTZ); Protein Export into Malaria Parasite-Infected Erythrocytes: Mechanisms and Functional Consequences (Natalie J. SPILLMAN, Josh R. BECK, Daniel E. GOLDBERG); The Twin-Arginine Protein Translocation Pathway (Ben C. BERKS); Transport of Sugars (Li-Qing CHEN, Lily S. CHEUNG, Liang FENG, Widmar TANNER, Wolf B. FROMMER); A Molecular Description of Cellulose Biosynthesis (Joshua T. MCNAMARA, Jacob L.W. MORGAN, Jochen ZIMMER); Cellulose Degradation by Polysaccharide Monoxygenases (William T. BEESON, Van V. VU, Elise A. SPAN, Christopher M. PHILLIPS, Michael A. MARLETTA); Physiology, Biomechanics, and Biomimetics of Hagfish Slime (Douglas S. FUDGE, Sarah SCHORNO, Shannon FERRARO).

Ein Autorenindex für die Bände 80 bis 84 ergänzt den vorliegenden Band. Außerdem ist ein kumulierender Index der Themengebiete der Bände 80 bis 84 angefügt.

Darüber hinaus wird in Band 84 des Annual Review of Biochemistry auf fachlich verwandte Artikel in anderen „Annual Reviews“ verwiesen, beispielsweise im Annual Review of Genetics, Vol. 48 (2014).

Somit ist der Band 84 des Annual Review of Biochemistry – wie die vorhergehenden – eine wertvolle Informationsquelle biochemischer Literatur. Außerdem sind die Abstracts der Artikel des Bandes 84 online unter

<http://biochem.annualreviews.org> verfügbar.

Sabine Redlhammer (JKI Braunschweig)