

MITTEILUNGEN

Aus den Arbeitskreisen der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG):

Arbeitskreis Phytobakteriologie der DPG

Der Arbeitskreis Phytobakteriologie traf sich am 27. und 28. September 2007 in Quedlinburg im heutigen Julius Kühn-Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik (2007 noch Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen). Gastgeber des sehr gut organisierten Treffens war Dr. Klaus RICHTER mit seiner Arbeitsgruppe. 19 Vorträge wurden gehalten, die sowohl praktische als molekulare Aspekte der Phytobakteriologie behandelten.

(Stellvertretende AK-Leiterin: Dr. Esther Moltmann, Stuttgart)

Die Zusammenfassungen der Vorträge werden im Folgenden wiedergegeben.

Untersuchungen zur Apfelproliferation in Genbank und Zuchtmaterial

G. Barchend

Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (seit 2008 Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen), Quedlinburg

E-Mail: gudrun.barchend@jki.bund.de

In den letzten Jahren trat in den Apfelpflanzungen der Versuchsfelder des IOZ Dresden Pillnitz die Apfelproliferation auf, die durch Phytoplasmen hervorgerufen wird. Entsprechend den Zertifizierungsrichtlinien der EPPO muss obstbauliches Pflanz-, Veredlungs- und Zuchtmaterial, das für die Weitergabe an potenzielle Nutzer vorgesehen ist, frei von diesem Quarantäneerreger sein. Deshalb wurden Maßnahmen ergriffen, die Anlage zu bereinigen bzw. gesund zu erhalten.

Als mögliche Quelle zur Verbreitung der AP müssen u. a. die Unterlagen, die in großem Umfang zugekauft und eingesetzt werden, angesehen werden. Stichprobenartig wurden Unterlagen verschiedener Herkunft (Einzelproben) mittels PCR geprüft. Dafür wurden die Apfeltriebsucht spezifischen Primer fAT/rAS verwendet. In 47 von 117 untersuchten Wurzelproben ließen sich Phytoplasmen nachweisen. Daraus ergibt sich, dass die verwendeten Unterlagen ein nicht zu unterschätzendes Infektionsrisiko darstellen.

Für eine hohe Testsicherheit ist die Probenahme entscheidend. Im Falle der Phytoplasmen wird eine ungleichmäßige Verteilung des Erregers im Wirt angenommen. Um die Korrelation zwischen Phytoplasmenbefall in Wurzel und Reis zu prüfen, wurden Bäume mit AP-Symptomen gerodet und Proben sowohl von allen Wurzeln als auch Reisern gezogen. Unsere Untersuchungen zeigten, dass das Vorkommen der Erreger in Wurzel und Reis in der Regel gut korrelierten. Es gab auch Bäume wo nur ein geringer Befall der Wurzeln mit AP detektierbar war, aber alle getesteten Reiser mit dem Erreger infiziert waren. Um eine zuverlässige Aussage über das Vorkommen von Phytoplasmen machen zu können, ist somit eine Probenahme von verschiedenen Wurzeln und Reisern erforderlich.

Das im IOZ erhaltene Material ist für zukünftige Zuchtprozesse sehr wichtig. Daher ist es von vitaler Bedeutung, Möglichkeiten zu finden, von verseuchtem Material gesunde Nachkommen zu erhalten. Hierfür könnte die Erkenntnis von Nutzen sein, dass zum einen die Verteilung der Phytoplasmen im Baum sehr ungleichmäßig war und sich der Erreger in der Regel von Dezember bis März in den Reisern nicht nachweisen

ließ. Dieser Umstand sollte genutzt werden, um Reiser, die frei von Phytoplasmen sind, für die Veredlung zu entnehmen. Um den optimalen Zeitpunkt für die Entnahme gesunder Reiser zu ermitteln, wurden im Winter 2007 von 10 Bäumen mit AP-Symptomen im Abstand von 8 Tagen (10.01.2007 bis 14.03.2007) je 3 Reiser Baum entnommen und getestet. Wir konnten feststellen, dass bei 4 Bäumen erst ab dem 07.02./14.02. der Nachweis von Phytoplasmen möglich war. Die Reiser dieser Bäume zeigten mit max. 23 % eine geringere Verseuchung als die Bäume (33-92%), in denen bereits ab dem 10.01. Phytoplasmen gefunden werden konnten. In den vorangegangenen Jahren war von Januar bis März der sichere Nachweis von Phytoplasmen nur in der Wurzel, nicht aber im Reis möglich. 2006/07 war jedoch ein recht milder Winter und möglicherweise waren die Phloemzellen, in denen sich die Phytoplasmen vermehren, nicht vollständig abgestorben. Es ist deshalb zu prüfen, ob sich diese Ergebnisse im Winter 2008 wiederholen lassen, um die Entnahme phytoplasmafreier Reiser zu gewährleisten.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Untersuchungen zur Schleimkrankheit an Pelargonien

J. Engel und K. Richter

Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Institut für Epidemiologie und Resistenzressourcen (seit 2008 Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen), Quedlinburg

E-Mail: josefine.engel@jki.bund.de

Der Erreger der Schleimkrankheit *Ralstonia solanacearum* (Rasse 3, Biovar 2) wurde im Jahre 2000 erstmals in Deutschland an Pelargonien nachgewiesen. Die Schleimkrankheit ist eine nicht chemisch bekämpfbare Quarantänekrankheit, mit deren Auftreten erhebliche finanzielle Einbußen verbunden sind.

R. solanacearum ist ein gram negatives, stäbchenförmiges Bakterium mit polarer Begeißelung. Es ist bodenbürtig und dringt vor allem über verletzte Wurzeln in die Pflanzen ein.

Vor dem Auftreten an Pelargonien hatte die Schleimfäule bereits große Verluste im Kartoffelanbau verursacht. So ist es nicht verwunderlich, dass die *R. solanacearum*-Stämme in der Bakterienstammsammlung des Institutes für Epidemiologie und Resistenzressourcen der Bundesanstalt für Züchtungsforschung hauptsächlich aus Kartoffeln isoliert worden sind. In Vorbereitung eines gemeinsamen Forschungsprojektes mit der Firma Elsner pac® Jungpflanzen Dresden, in dem die Widerstandsfähigkeit von Pelargonien gegenüber der Schleimfäule untersucht werden soll, wurden deshalb 18 Erregerstämme aus dieser Sammlung aktiviert und ihre Pathogenität und Virulenz an Pelargonien ermittelt. Dabei hat sich gezeigt, dass 10 dieser Isolate Symptome an Pelargonien hervorrufen konnten. Zwischen den Stämmen traten jedoch erhebliche Virulenzunterschiede auf. Ein Isolat mit besonders hoher Virulenz wurde für die Resistenzuntersuchungen selektiert.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Untersuchungen zum Vorkommen und Nachweis von *Clavibacter michiganensis* ssp. *michiganensis* an Tomatenkulturen

Radwan Ftayeh, Andreas von Tiedemann und Klaus Rudolph

Fachgebiet für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz der Universität Göttingen, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen
E-Mail: rftayeh@gwdg.de

Die bakterielle Tomatenwelke, verursacht durch *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (*Cmm*), ist die gefährlichste Bakterienkrankheit der Tomate in Deutschland, weltweit verbreitet und als eine Quarantäne-Krankheit bei EPPO gelistet. In den letzten Jahren trat die Krankheit auf der Insel Reichenau auf, verbreitete sich weiter, und auch an anderen Standorten Deutschlands nahmen Schäden durch *Cmm* zu. In Göttingen wurden in den letzten Jahren mehrere Aspekte der Krankheit untersucht und über 50 *Cmm*-Stämme aus verschiedenen Regionen Deutschlands und anderen Ländern isoliert und charakterisiert.

Die Krankheit wird durch hohe Temperaturen gefördert und tritt deshalb in wärmeren Jahren stärker auf. So war in unseren Versuchen die Symptomausprägung bei 30/25 °C oder 25/23 °C (Tag-/Nachttemperatur) schneller und heftiger als bei 18 oder 15 °C.

Der Erreger hat eine sehr lange Inkubationszeit. In dieser Latenzphase ist die Übertragungsfähigkeit durch Werkzeuge und Kulturmaßnahmen sehr hoch. Nach 4 Monaten waren noch 30, 50 und 70% der Tomatenpflanzen, die mit 3000, 300 bzw. 30 cfu/Pflanze inokuliert worden waren, symptomlos und zeigten die Krankheit erst zu einem späteren Zeitpunkt. Wenn Tomatenpflanzen aus infiziertem Saatgut aufgezogen wurden, betrug die Latenzphase nach der Aussaat bis zu 6 Monate.

Obwohl das Bakterium aus befallenen Pflanzenrückständen auch über den Boden auf gesunde Pflanzen übertragen werden kann, ist dieser Infektionsweg nach unseren Untersuchungen nicht von großer Bedeutung, besonders wenn effektive Hygienemaßnahmen durchgeführt werden. Offenbar besteht die Hauptgefahr für die Einschleppung der Krankheit in Tomatenkulturen in kontaminiertem Saatgut oder latent infizierten Jungpflanzen. So wurde an einem Standort festgestellt, dass 9 primär infizierte Pflanzen in einem Gewächshaus mit 13 000 Pflanzen am Ende der Vegetationsperiode zu einem Befall von 60% insgesamt geführt hatten. Die beste Strategie zur Zurückdrängung und schließlich Eliminierung der Krankheit wird deswegen in der Überprüfung des Tomatensaatgutes und der Jungpflanzen mit Hilfe hochsensitiver Nachweismethoden gesehen. Dies könnte durch Kombination eines semiselektiven Nährmediums mit der PCR („Bio-PCR“) erreicht werden.

Zu diesem Zweck wurden 7 verschiedene semiselektive Nährmedien für *Cmm* überprüft und Kombinationen mit 40 verschiedenen Antibiotika getestet. Dabei lieferte das Medium MTNA, das von JANSING und RUDOLPH (1998) für *C. m.* subsp. *sepedonicus* entwickelt wurde, die besten Ergebnisse, wenn die Zusammensetzung der Antibiotika- und Substrat-Komponenten für *Cmm* noch weiter optimiert wurde.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Vorversuche zur Identifizierung von phytopathogenen Erregern der Blutungskrankheit an Rosskastanien (*Aesculus hippocastanum*) in Hamburg

Yvonne Hinz und Malgorzata Sadowska-Rybak,
Pflanzenschutzamt, Biozentrum Klein Flottbek, Hamburg
E-Mail: Malgorzata.Rybak@bwa.hamburg.de

Seit 2002 wird in Deutschland ein neuartiges Sterben von Rosskastanien (*Aesculus hippocastanum*) beobachtet. Als Erreger werden Bakterien aus der *Pseudomonas syringae*-Gruppe diskutiert.

Die erkrankten Bäume weisen eine schütterte Belaubung auf und einige Äste sterben ab. Am Hauptstamm und/oder an einzelnen Ästen finden sich oft fleckenförmige blutende Stellen („Teerflecken“). Die Stämme zeigen vereinzelt lange Risse.

Unterhalb der blutenden oder rissigen Stellen ist das Gewebe nekrotisch und weist eine braune bis rotbraune Färbung auf. Betroffen sind Rosskastanien aller Altersstufen, jedoch vorwiegend Bäume, die Stressfaktoren ausgesetzt sind.

Zur Identifizierung der Erreger erfolgte die Beprobung von ca. 100 Rosskastanien verteilt auf das Hamburger Stadtgebiet; hierbei wurden Rindenproben mit charakteristischen Krankheitssymptomen entnommen. Auf King's Medium wurden fluoreszierende Pseudomonaden isoliert und anschließend auf Levan-Bildung kontrolliert. Die Pathogenität des Bakteriums sollte mittels Biotest überprüft werden. Um auszuschließen, dass es sich bei den isolierten Erregern um *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* handelt, wurde zusätzlich eine PCR durchgeführt.

Nach Abschluss der Beprobung des Hamburger Baumbestandes und den oben beschriebenen ersten Bestimmungen wird von den ausgesuchten Bakterien die Sequenzierung vorgenommen.

(DPG AK Phytobakteriologie)

European Association of Phytobacteriologists

Petra Müller

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für nationale und internationale Angelegenheiten der Pflanzengesundheit, Stahnsdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow
E-Mail: petra.mueller@jki.bund.de

Vom 5. bis 6. Februar 2007 fand das Gründungstreffen für die European Association of Phytobacteriologists (EAP) in Merelbeke in Belgien statt.

In den Jahren 1980 bis 2006 konnten Phytobakteriologen Europas im Rahmen von EU-Expertengruppen und EU-Forschungsprojekten sowie eines EPPO-Panels Möglichkeiten zur wissenschaftlichen Zusammenarbeit und zum Informations- und Erfahrungsaustausch sowie zur Beratung nationaler Behörden nutzen. Es bestand daher das Interesse der langjährig zusammen arbeitenden Phytobakteriologen, diese Zusammenarbeit weiterzuführen.

Das Ziel der EAP besteht in der

- Entwicklung, Verbesserung und Etablierung von Diagnose, Nachweis, Identifizierung und Klassifizierung pflanzenpathogener Bakterien,
- Ausbildung und Schulung in den genannten Bereichen,
- Bereitstellung von Empfehlungen und Expertise für die Pflanzengesundheitsbehörden,
- Förderung technischer und wissenschaftlicher Zusammenarbeit,
- Informationsaustausch durch ein Kommunikationsnetz.

Die Mitglieder sind Phytobakteriologen, normalerweise auf ein Mitglied pro Land limitiert (zusätzliche Mitgliederzahl pro Land kann geprüft werden), die staatliche Labore, staatliche

Einrichtungen oder staatliche Institute repräsentieren und beständig in amtliche Diagnosen und Untersuchungen eingebunden sind. Die Mitgliedschaft ist individuell. Die Mitglieder werden nach Antragstellung durch eine Auswahlkommission ausgewählt und angenommen. Es gibt keine Mitgliedsgebühr. Ehrenamtliche Mitgliedschaft kann für Phytobakteriologen mit außergewöhnlichen Leistungen gewährt werden.

Die EAP wird jährlich Beratungen durchführen, jeweils organisiert durch ein Mitglied. Es wird eine Website aufgebaut, die auch als Diskussionsforum für alle interessierten Phytobakteriologen dienen wird, und es wird jährlich ein Newsletter ausgegeben. Die EAP wird Workshops zu spezifischen Fragestellungen und Ringtests, Eignungstests sowie Methodendvalidierungen durchführen und Möglichkeiten für gemeinsame Forschungsprojekte prüfen. Eine externe Finanzierung der Arbeit der EAP gibt es nicht.

Derzeit sind die folgenden Verantwortlichen für die Arbeit der EAP gewählt worden:

Vorsitz: Jaap JANSE (NL)

Sekretär: Johan VAN VAERENBERGH (BE)

Newsletter: Charlotte THRANE (DK)

Auswahlkommission: Vorsitz, Sekretär, Emilio STEFANI (IT)
(DPG AK Phytobakteriologie)

Aktuelle Probleme mit Bakteriosen in Bayern

G. Poschenrieder und S. Theil

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz, Lange Point 10, 85354 Freising
E-Mail: georg.poschenrieder@lfl.bayern.de

In Bayern kam es 2007 witterungsbedingt zu einem massiven Ausbruch des Feuerbrandes (*Erwinia amylovora*) wie in den 1990er Jahren. Auch andere Bakteriosen schädigten landwirtschaftliche und gärtnerische Kulturen teilweise erheblich bis hin zum Totalausfall. So wurde wieder in einigen Gartenbaubetrieben im Sommer 2007 an Poinsettien (Weihnachtssternen) eine durch *Xanthomonas axonopodis* pv. *poinsettiicola* hervorgerufene Blattfleckenkrankheit diagnostiziert. Erstmals 2003 in Deutschland gefunden, breitet sie sich zunehmend in Jungpflanzenbeständen aus. Durch Einstellung der Überkopfbewässerung kommt die Bakteriose jedoch meist zum Stillstand und der Zuwachs zeigt keine Symptome mehr.

Im Rahmen eines mehrjährigen Monitorings von Krankheiten und Schädlingen an Stauden wurde unter anderem eine durch *Pseudomonas marginalis* verursachte Blattfleckenkrankheit an diversen *Hosta* (Funkie) -Arten und -Sorten in Gärtnereien wiederholt beobachtet.

An Freiland-Kürbissen wurde im Knoblauchsland im August 2006 nach starken Niederschlägen auf mehreren Hektar Anbaufläche ein akutes Auftreten einer bisher unbekanntes Bakteriose festgestellt. Die Symptome äußerten sich durch eingesunkene, braune, rundliche und wässrige Läsionen (Durchmesser bis 1 cm), die auf den Früchten ungleichmäßig verteilt waren. Zahlreiche Früchte waren unverkäuflich und mussten entsorgt werden. Als Erreger konnte *Pseudomonas syringae* isoliert werden, wobei die Pathovar-Bestimmung noch aussteht.

Eine zuerst in Bayern 1996 an Petersilie entdeckte bakterielle Blattfleckenkrankheit (Erreger: *Pseudomonas viridiflava*) kommt seitdem immer wieder in Petersilienbeständen vor und kann mit der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*S. petroselinii*) verwechselt werden.

Auch an Koriander wurde eine Blattfleckenkrankheit (Erreger: *Xanthomonas campestris*) nachgewiesen. Durch den Befall erhöhte sich vor allem der Putzaufwand. Im Frühjahr 2007 wurde in zwei Gewächshäusern eines Schnittrosen-Produktionsbetriebes an Rosenkulturen verschiedener Sorten massiver Befall mit *Rhizobium radiobacter* (*Agrobacterium tumefa-*

ciens) festgestellt. Wegen der ausgeprägten Tumorbildung und des Kümmerwuchses mussten sowohl die in Containern kultivierten Rosen als auch die Pflanzen in den Bodenbeeten vollständig entsorgt werden. Eine seit 2004 in Bayern bekannte, an Kulturhaseln zum Teil schwere Schäden hervorrufende Bakteriose (Erreger: *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina*) ist offensichtlich weiter verbreitet als bisher vermutet, wie ein bayernweites Monitoring in Baumschulen, Erwerbsanlagen und Wildbeständen ergab. Bemerkenswert ist, dass Haselsträucher in Baumschulen und Erwerbsanlagen häufiger befallen waren als Haseln in der freien Landschaft.

Wie in den vergangenen Jahren trat auch 2007 die durch *Dickeya* sp. (*Erwinia chrysanthemi*) verursachte Bakterielle Welke in Kartoffelbeständen sporadisch auf. Da der Erreger höhere Temperaturen bevorzugt, könnte sich künftig die Bakterielle Welke aufgrund des sich abzeichnenden Klimawandels weiter ausbreiten und eine größere Bedeutung für den Kartoffelanbau erlangen.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Charakterisierung und Bedeutung der von *Pantoea agglomerans* 48b/90 gebildeten Sekundärmetabolite in der biologischen Bekämpfung bakterieller Pflanzenkrankheiten

U. Sammer und B. Völksch

Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Mikrobiologie, Mikrobielle Phytopathologie, Neugasse 25, 07743 Jena, Germany
E-Mail: ulrike.sammer@uni-jena.de

Der Stamm *Pantoea agglomerans* 48b/90 wurde als epiphytisch lebendes Bakterium von Blättern der Sojapflanze isoliert. Ein Screening ergab ein weites Wirkungsspektrum gegen sowohl Gram-positive, als auch Gram-negative Bakterien. Besonders interessant ist hierbei die Aktivität gegen die Phytopathogene *Erwinia amylovora* (Erreger des Feuerbrandes), *Pseudomonas syringae* pv. *glycinea* (Erreger des Bakterienbrandes an der Sojapflanze), *Agrobacterium tumefaciens* (Erreger von Wurzelhalsgallen) und *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Erreger der Schwarzfäule). *Pantoea agglomerans* 48b/90 selbst ist nicht phytopathogen und stellt einen potentiellen Biokontrollorganismus dar. Die Bildung eines antibiotischen Wirkstoffes konnte bereits gezeigt werden. Ziel zukünftiger Forschungsarbeiten ist neben der Charakterisierung der Verbindung, auch die Aufklärung der Rolle dieser bisher unbekanntes Substanz im Antagonismus.

Die Aktivität der Verbindung konnte durch die proteinogenen Aminosäuren und Caseinhydrolysat nicht aufgehoben werden. Weitere Eigenschaften des Wirkstoffes sind die Toleranz gegenüber Hitze (80°C, 10 min) und die Unempfindlichkeit gegenüber Säuren, Basen und dem Angriff von Proteasen und der β -Lactamase II aus *Bacillus cereus*.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Pseudomonas viridiflava an Salat! Wie ist die Pathogenität zu bewerten?

Roswitha Ulrich

Regierungspräsidium Giessen, Botanische Diagnostik, Schanzenfeldstraße 8, 35578 Wetzlar
E-Mail: roswitha.ulrich@rpgi.hessen.de

Im April traten an Salat (*Lactuca sativa*) Blattflecken und Fäulen auf. Zu Beginn waren nur kleine 2-3 mm große gelbe Flecken mit im Gegenlicht wässrigem, durchscheinendem Zentrum zu beobachten. Später wurden diese Stellen in der Mitte rotbraun, wie Stiche mit einer Stecknadel. Einzelne Befallsstellen vergrößerten sich rasch zu eckigen, gezackten Nekrosen, mit einem schmalen gelben Rand, der teilweise durch einen schmalen dunkleren Rand von dem braunen Gewebe im Inne-

ren abgegrenzt wurde. Unter feuchten Bedingungen wurden die kranken Stellen dunkel, und es kam schnell zur nassen Fäule der gesamten Blätter. Unter trockenen Bedingungen vergrößerten sich die Befallstellen nicht. Die Mitte der Flecken wurde grau. Durch das Wachstum der Blätter zerreit das erkrankte Gewebe. Auch auf der Blattunterseite sind fahlgelbe Blattflecken mit braunem Zentrum bzw. grere dunkle, gezackte Flecken zu beobachten. Befallsstellen traten gehuft am Blattrand und in den ueren Bereichen der einzelnen Salatbltter auf. Teilweise ging die Erkrankung vom Blattrand aus. Betroffen waren im vorliegenden Fall vor allem die mittleren Blattteten. Die ltesten und jngsten Bltter waren gesund.

Aus den oben beschriebenen Schden wurde das gram negative, bewegliche, 1-2 polar begeielte Bakterium *Pseudomonas viridiflava* isoliert. Die Bestimmung erfolgte mit dem Biolog-System. Die Bestimmung wurde durch eine Referenzuntersuchung bei Plant Protect (Dr. MAVRIDIS) besttigt. Der Wirtspflanzentest an jungen Salat- und Chicoreepflanzen (*Cichorium intybus* var. *foliosum*) war positiv. Im Infektionsversuch zeigten sich sowohl nach Inokulation mit dem Ursprungsisolat, sowie auch bei dem Isolat einer Reisolierung aus jungem Chicoree Symptome. Ein Isolat von Radis aus Rheinland Pfalz (Dr. KRAUTHAUSEN) war in diesem Versuch an Salat mit schwcherer Symptomausprgung pathogen. Bei hoher Luftfeuchte und ungnstigen Bedingungen entstanden im Infektionsversuch bereits bei Pufferanwendung Blattrandschden und Nekrosen. Diese Schden drften die Besiedlung und Erkrankung mit *Pseudomonas viridiflava* frdern. *Pseudomonas viridiflava* verursacht vor allem bei ungnstigen Witterungsbedingungen im Winter und Frhjahr an Salat die zu beobachtenden Schden.

(DPG AK Phyto bakteriologie)

Autoinducer in *Erwinia amylovora*

Annette Wensing¹, Nehaya Al-Karablieh¹, Matthias Ullrich¹, Mojtaba Mohammadi² und Klaus Geider²

¹School of Engineering and Sciences, International University Bremen, Germany

²Julius Khn-Institut, Bundesforschungsinstitut fr Kulturpflanzen, Dossenheim, Germany

E-Mail: a.wensing@jacobs-university.de

In vielen pathogenen Bakterien wird die Expression wichtiger Virulenzfaktoren durch zell-dichte-abhngige Genregulation (Quorum-Sensing) gesteuert. Die Unterbrechung des Quorum-Sensing z. B. durch den Abbau des Autoinducer-Signals bietet eine Mglichkeit zur biologischen Kontrolle phytopathogener Bakterien. Fr verschiedene Isolate des Feuerbrandreggers *E. amylovora* konnte die Produktion des Quorum-Sensing Signals Autoinducer 2 (AI2) nachgewiesen werden. Zur Untersuchung der Relevanz von AI2 fr die Virulenz von *E. amylovora* wurde eine AI2-negative Mutante hergestellt. Dazu wurde in zwei verschiedenen *Erwinia*-Isolaten (dem Obstbaum-Isolat Ea1/79 und dem Himbeerstamm MR1) eine marker-exchange Mutagenese mit dem AI2 Biosynthese-Gen *luxS* durchgefhrt. Obwohl die *luxS*-Mutanten Ea1/79-K47 und MR1-K1 *in vitro* eine deutlich reduzierte EPS-Synthese zeigten, gab es bei Virulenz-assays an jungen Apfeltrieben keine Unterschiede zwischen Ea1/79 und Ea1/79-K47. Dies warf die Frage auf, ob es in Pflanzen einen Wirkstoff gibt, der das fehlende AI2 komplementieren knnte. In der Tat konnte aus Wirtspflanzenmaterial eine Substanz extrahiert werden, die ein deutliches Lumineszenz-Signal in dem AI2 Reporterstamm *Vibrio harveyi* MM32 verursacht. Ein Vergleich zwischen AI2 aus Kulturberstand und den Extrakten aus Birnen zeigte, dass beide Substanzen sensitiv auf Hitze und alkalische Bedingungen reagieren und in TLC-Analysen ein hnliches Laufverhalten aufweisen. Weitere Versuche sollen

klren, ob die AI2-hnliche Pflanzenkomponente *E. amylovora* beeinflusst.

(DPG AK Phyto bakteriologie)

AcrAB-TolC directs efflux-mediated resistance towards phytoalexins in the plant pathogen *Erwinia amylovora*

Nehaya Al Krablieh, Antje Burse, Helge Weingart und Matthias Ullrich

Molecular Microbiology, School of Engineering and Science, Jacobs University, Bremen, Germany

E-Mail: n.alkrablieh@jacobs-university.de

The enterobacterium *Erwinia amylovora* causes fire blight on several plant species with economic importance such as apple and pear. Infected plants produce phytoalexins, i.e. flavonoids, isoprenoids, and alkaloids as biochemical defense mechanisms against pathogens. A successful pathogen develops resistance mechanisms to combat the effect of these toxic compounds. AcrAB-TolC multidrug efflux transporters which mediate resistance toward structurally unrelated compounds might confer tolerance to these phytoalexins. To prove this hypothesis, single *acrAB* and *tolC* mutants and a double mutant (*acrAB tolC*) were constructed in *E. amylovora* strain 1189. The minimal inhibitory concentrations of different antimicrobial compounds and apple phytoalexins were determined for these mutants in comparison to the wild type. Results indicated that the mutants were considerably more susceptible than the wild type suggesting that both, AcrAB and TolC, might interact in expelling toxic compounds in *E. amylovora*. All mutants and the wild type elicited hypersensitive reactions on tobacco plants demonstrating that the type III secretion system was not affected by mutations of *acrAB* or *tolC*. Virulence assays on apple plants showed that the virulence is impaired by mutation of *acrAB* or *tolC*. Analysis of secreted proteins is currently being conducted to investigate the role of TolC in protein secretion of *E. amylovora*.

(DPG AK Phyto bakteriologie)

Quantitative assays of *Erwinia amylovora* and the antagonists *E. billingiae* and *E. tasmaniensis* with real-time PCR

Klaus Geider, Mojtaba Mohammadi und Susanne Jock

Julius Khn-Institut, Bundesforschungsinstitut fr Kulturpflanzen, Dossenheim

E-Mail: Klaus.geider@jki.bund.de

Fire blight can be controlled by spraying antagonistic microorganisms on flowering pome fruit trees. In an experimental orchard, we have applied bacteria of the species *Erwinia billingiae* and *E. tasmaniensis* resulting in up to 65% reduction of fire blight symptoms. The genome of the pathogen *E. amylovora* and of two strains of these antagonists has been sequenced (with M. Kube, Berlin) and the information has also been used for design of new primers to detect the organisms by real-time PCR. The antagonists were sprayed on apple flowers, which were then inoculated with dilutions of *E. amylovora* and evaluated after 5 days for the bacterial populations. *E. amylovora* was detected by plating of a streptomycin-resistant strain and also by real-time PCR with similar results. TaqMan probes with various fluorescence labels were designed for simultaneous quantitative detection of *E. amylovora*, *E. billingiae* and *E. tasmaniensis*. In apple flowers *E. amylovora* could grow to a density of 3x10E7 CFU per flower. The antagonists, applied at 1x10E8 CFU/ml, stayed at a high level, thus competing with growth of *E. amylovora*. Application of an *E. billingiae* strain can exceed the efficiency of *E. tasmaniensis*. *E. amylovora* was

also recovered from a part of strawberry plants inoculated with strains isolated from raspberry indicating a possibility for *E. amylovora* to grow on non-wooden plants. Monitoring of *E. amylovora*, *E. billingiae* and *E. tasmaniensis* by real-time PCR allows a description of their populations in infected apple or pear flowers.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Effects of bacteriophages and bacteriocins on *Erwinias*

Ina Müller, Wilhelm Jelkmann und Klaus Geider

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Dossenheim

E-Mail: Klaus.geider@jki.bund.de

Bacteriocins and bacteriophages can be used as specific inhibitors of bacteria. For control of fire blight, they may be applied instead of the antibiotic streptomycin to reduce plant colonization by *Erwinia amylovora*. Partially characterized *E. amylovora* phages were used to interfere with growth of several *E. amylovora* strains, which reacted differently in phage drop tests. PCR primers were designed from the EPS depolymerase gene to distinguish the viral genomes. Analysis of *E. tasmaniensis* strain Et1/99 revealed klebicin-like toxin-genes on one of its five plasmids. By treatment with mitomycin, the bacteriocin was induced, and tested against several strains of the species *E. amylovora*, *E. billingiae* and *E. tasmaniensis*. Growth inhibition was observed for the South African *E. tasmaniensis* strains Esa13 and Esa41 and FLA03 from Germany. They do not carry the immunoprotein gene and are therefore sensitive to the bacteriocin. Application of cell extracts with the induced bacteriocin to an Australian *E. tasmaniensis* strain induced phage plaques. The genome of this novel bacteriophage was sequenced (with M. Kube, Berlin) and is unrelated to described *E. amylovora* phages. An important factor of pathogenicity of *E. amylovora* is synthesis of the capsular EPS amylovan. It can be cleaved by viral EPS polymerase and determined by a turbidity assay with CPC. This assay was applied not only to amylovan but also to EPS of *E. billingiae* and *E. persicina*. It can be expected that their EPS is similar to amylovan. The use of bacteriocins, bacteriophages and EPS degradation can add to the control of fire blight.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Upstream sequence analysis of the levansucrase gene in *Pseudomonas syringae*

Abhishek Srivastava und Matthias Ullrich

Molecular Microbiology Laboratory, Campus Ring 1, Jacobs University Bremen, 28759 Bremen

E-Mail: a.srivastava@jacobs-university.de

Plant pathogenic bacteria *Pseudomonas syringae* pv. *glycinea* PG4180, are cold weather pathogen - effectively displaying the virulence factors at low temperature and causing chlorosis and necrosis in soybean plant. The focus of our research work encompasses the study of levan biopolymer synthesizing enzyme - levansucrase (EC 2.4.1.10). This enzyme is present in three copies namely *lscA*, *B* and *C* where the former is not transcribed in the native host but the latter two code for LscB and C enzymes. Our current effort is to map the transcriptional start site for *lscB* and *C*. With the help of nested deletion strategy, we have generated an entire array of deletion constructs where upstream sequence of the *lscB* is available in various lengths. Such a construct is transconjugated into the *lsc* mutant namely PG4180.M6 and the phenotype is observed as the slime formation on mannitol-glutamate agar media containing the substrate sucrose. We have predicted the promoter of *lscB* gene between

-440 and -330 position upstream to the translational start site of the open reading frame. Further experiments are being conducted where the exact transcriptional start site will be mapped by primer extension method.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Screening for *Erwinia billingiae* and *E. tasmaniensis* in field isolates, differentiation by sequence analysis and effects as antagonists of fire blight

Monika Sulikowska¹, Susanne Jock² und Klaus Geider²

¹Research Institute of Pomology and Floriculture, Skierniewice, Poland

²Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Dossenheim, Germany

E-Mail: Klaus.geider@jki.bund.de

In assays with pear slices and with apple flowers, bacteria of the species *Erwinia billingiae* and *E. tasmaniensis* are antagonistic to colonization of plant tissue with *E. amylovora*, the causative agent of fire blight. PCR primers were designed from the *wbdN* gene of both species to detect them in bacterial populations of field samples. The signals were confirmed with primers for real-time PCR and positive bacteria were isolated. Most showed a close homology of the 16S rRNA and the *wbdN* gene sequences. Base changes were visualized by SSCP analysis. A recently isolated *E. tasmaniensis*-like strain from Germany showed a signal with *wbdN* primers but not with primers from the *hrpL* region. Other strains were isolated in Australia, in South Africa and in the area of Heidelberg and were positive with *hrpL* primers. *E. billingiae*-like strains were first isolated in England and recently in Poland. They were closely related for their 16S rRNA and the *wbdN* genes. Their EPS could be degraded with an EPS depolymerase, specific for degradation of amylovan and supported their classification with described *E. billingiae* strains. Two additional strains were isolated from apple leaves in an orchard of the BBA Dossenheim (now Julius Kühn Institute). PCR amplification of the house keeping genes *recA* and *rpoS* and subsequent analysis of the DNA cleavage pattern may add to their classification within the species *Erwinia*.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Genome-wide analysis of multidrug efflux in *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000

Helge Weingart

Molecular Microbiology Laboratory, Campus Ring 1, Jacobs University Bremen, 28759 Bremen

E-Mail: h.weingart@jacobs-university.de

Multidrug efflux (MDE) transporters are major contributors to bacterial resistance towards antibiotics. In contrast to the well-understood role of MDE in clinically relevant microbes, only little is known about MDE transporters in environmental bacteria. In this project we aim to identify and characterize all MDE pumps in the plant pathogen *Pseudomonas syringae* and to gain in-depth knowledge about their regulation and natural functions. MDE pumps may play an important role in the adaptation of *P. syringae* to its respective host plants by protecting them against plant antimicrobials. The available genome sequence of *P. syringae* pv. *tomato* DC3000 was used to develop a microarray containing genes of all members of transport protein families that include MDE systems. The microarray will be used to identify transporters that are expressed after treatment with antibiotics, antimicrobial plant metabolites, and in *planta*. A second strategy to identify active MDE pumps in *P. syringae* pv. *tomato* DC3000 involves the complementation

of the DC3000.Δ*exAB* mutant with cosmids of a DC3000 genome library to isolate efflux transporter expressed under in vitro conditions. DC3000.Δ*exAB* lacks its major MDE system, the RND-type transporter MexAB, and is therefore hypersensitive to many antimicrobial agents.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Identification of transcriptional regulators, responsible for the temperature-dependant expression of *Pseudomonas syringae* levansucrase gene

D. Zhurina¹, A. Arndt², M. Bott³, H. Weingart¹, B. Eikmanns² und M. Ullrich¹

¹School of Engineering and Sciences, Jacobs University Bremen, Germany

²University of Ulm, Germany

³Forschungszentrum Jülich, Germany

E-Mail: m.ullrich@jacobs-university.de

Production of virulence factors, such as toxins and exopolysaccharides, in the temperature-dependant manner plays crucial role in virulence and epiphytic fitness of pathogenic bacteria.

In the phytopathogenic bacterium *Pseudomonas syringae* pv. *glycinea* PG4180 synthesis of the exopolysaccharide levan is mediated by the enzyme levansucrase, which is encoded by two very similar genes, *lscB* and *lscC*. Expression of these genes is temperature-dependant (Li et al., 2006), with maximum *lsc*-RNA production at 18° in comparison to the optimal growth temperature of 28°. Interestingly, global two-component regulatory system GacS/GacA has no impact on expression of levansucrase genes, so the mechanism of their temperature-dependant expression remains to be uncovered.

To answer this question, we have applied DNA Affinity Chromatography technique in order to identify the proteins, bound to the *lscB* regulatory region of 680 bp upstream to its translational start site. We showed that at 28°, when expression of *lscB* was repressed, 3 proteins with molecular masses of 31 kDa, 16 kDa and 13 kDa were predominantly bound to its regulatory upstream region. These proteins, however, were absent at 18°C, when *LscB* gene was expressed at maximum. Potential regulators were identified by means of MALDI-ToF analyses, and all of them fell into the class of transcriptional regulators. 31 kDa protein turned out to be HexR transcriptional repressor, involved in glucose metabolism. Two other smaller proteins (13 kDa and 16 kDa) are annotated as transcriptional regulators, however their exact physiological role was not described thus far. Detailed studies on particular mode of *LscB* transcription repression by three proteins identified are currently underway.

Overall, our data suggest that expression of *LscB* might be dependant on presence or absence of at least three repressors, which are bound to the *LscB* upstream regulatory region.

(DPG AK Phytobakteriologie)

Das Institut „Pflanzengesundheit“ des JKI teilt mit:

Ergebnisse der Erhebung zum Auftreten der Quarantäneschadorganismen *Phytophthora ramorum* und *P. kernoviae* in Deutschland und der EU im Jahre 2007

Im sechsten Jahr in Folge führten die Pflanzenschutzdienste der Bundesländer im Jahr 2007 unter der Koordination des Instituts Pflanzengesundheit des Julius Kühn-Instituts (JKI) eine Erhebung zum Auftreten des Quarantäneschadorganismus

Phytophthora ramorum in Deutschland durch. Die rechtliche Grundlage hierzu bildet Artikel 6 der EG-Entscheidung 2007/201/EG (Verlängerung der Entscheidung 2002/757/EG), der eine Verpflichtung der EU-Mitgliedstaaten zur Erhebung eines möglichen Vorkommens von *P. ramorum* in ihrem Hoheitsgebiet vorsieht.

Die Erhebung fand sowohl an anfälligen Pflanzen in Baumschulen und Gartencentern als auch im Öffentlichen Grün und in Waldbeständen statt.

Während der **Erhebung in Deutschland** wurden insgesamt 1795 Orte mit 2283 Einzelinspektionen untersucht. In Baumschulen und Gartencentern verlief damit die Inspektionstätigkeit zahlenmäßig in etwa auf dem Niveau des Vorjahres. Im Öffentlichen Grün, Privatgärten und Waldgebieten wurde die Inspektionsanzahl im Vergleich zu den Vorjahren noch einmal deutlich gesteigert.

In Baumschulen und Gartencentern erfolgten an 45 Orten positive Nachweise von *P. ramorum* an *Rhododendron*-Arten sowie *Viburnum bodnantense* Dawn. Betroffen waren im Jahr 2007 sechs von 16 Bundesländern (Brandenburg, Baden-Württemberg, Hamburg, Niedersachsen, Sachsen und Schleswig-Holstein). Nachdem in den vergangenen Jahren Funde von *P. ramorum* im Öffentlichen Grün oder in Privatgärten jeweils auf maximal ein Bundesland beschränkt waren, erfolgte im Jahr 2007 der Nachweis je einmal in Baden-Württemberg und Niedersachsen sowie sechs mal in Hamburg. Wie bereits in den vorangegangenen Jahren konnte in einem Waldstück in Schleswig-Holstein *P. ramorum* aus Bodenproben isoliert werden, die unter infizierten Rhododendren genommen wurden. In keinem Fall wurde *P. ramorum* an Bäumen nachgewiesen.

Die feuchte Witterung des Jahres 2007 war offensichtlich sehr förderlich für die Entwicklung von *P. ramorum*, da im Vergleich zum gesamten Erhebungszeitraum seit Beginn der Notmaßnahmen im Jahre 2002 mit insgesamt 55 Befallsorten in Deutschland noch in keinem Jahr so viele positive Nachweise erfolgten. Die Entwicklung der *P. ramorum*-Nachweise in Deutschland ab dem Jahr 2003 ist in der Tabelle dargestellt.

In der **gesamten EU** erfolgten bezüglich *P. ramorum* in Baumschulen und Gartencentern 32 616 Inspektionen, im Öffentlichen Grün 8332 und in Waldbeständen 2105 Einzelinspektionen. Auch in anderen Mitgliedstaaten wurden im Jahr 2007 vermehrt positive Nachweise geführt, sodass sich die Funde in Baumschulen und Gartencentern um 280 % von 115 auf 323 Funde erhöhten. Im Öffentlichen Grün und Privatgärten war das Nachweisniveau mit 59 Funden im Vergleich zu 63 im Vorjahr in etwa gleich. In Waldbeständen erfolgte eine Erhöhung um 60 % von 10 auf 16 positive Fälle. Wie in den vergangenen Erhebungsjahren entfallen mit 97 Nachweisen die meisten Funde von *P. ramorum* auf Großbritannien (59 in Baumschulen, 36 im Öffentlichen Grün und 2 im Wald). An zweiter Stelle der Gesamtsumme positiver Nachweise steht Deutschland mit 55 Funden. In folgenden weiteren Mitgliedstaaten wurde *P. ramorum* nachgewiesen: Belgien, Dänemark, Estland, Finnland, Frankreich, Irland, Lettland, Litauen, Niederlande, Polen, Portugal, Slowenien, Spanien und Schweden.

Trotz der weiterhin hohen Inspektionstätigkeit der Mitgliedstaaten kam es auch in 2007 sowohl im innergemeinschaftlichen Handel als auch durch Drittländer wieder zu Beanstandungen von mit *P. ramorum* infizierten Pflanzen aus EU-Mitgliedstaaten. Auf Grund aktueller Forschungsergebnisse ist es inzwischen unstrittig, dass *P. ramorum* auch latent in befallenen Pflanzen siedeln kann. Zudem wurde der Erreger regelmäßig in Pflanzsubstrat sowie Gießwasser nachgewiesen. Es scheint daher offensichtlich, dass der in den EG-Notmaßnahmen vorgesehene alleinige Ausgangspunkt für Laboranalysen, das Vorhandensein von Schadenssymptomen an den Pflanzen, nicht ausreichend ist, um damit Pflanzenpartien eindeutig als befallsfrei zu charakterisieren. Ob und in welchem Umfang in

Tabelle

Befallsort in:	Positiver Nachweis <i>P. ramorum</i> (Anzahl betroffene Bundesländer) im Erhebungsjahr				
	2003	2004	2005	2006	2007
Baumschulen und Gartencenter	13 (6)	6 (4)	14 (4)	7 (5)	45 (6)
Öffentliches Grün und Privatgärten	1 (1)	0	1 (1)	1 (1)	8 (3)
Wald*	2 (1)	2 (1)	2 (1)	2 (1)	2 (1)

*verwilderte Rhododendren und *Pieris* spp. in Waldbestand. Kein Nachweis an Bäumen.

Zukunft Untersuchungen auf latenten Befall obligat durchzuführen sind, ist zum gegenwärtigen Zeitpunkt nicht abzuschätzen.

Wie bereits in den Jahren 2005 und 2006 hatte die Europäische Kommission die Mitgliedstaaten zusätzlich zu der Erhebung zu *P. ramorum* dazu aufgerufen, eine neue und bisher lediglich auf ein begrenztes Gebiet in Cornwall/Großbritannien beschränkte *Phytophthora*-Art, *P. kernoviae*, in die Erhebung einzubeziehen. Beide *Phytophthora*-Arten haben in Europa Rhododendren als Hauptwirt und kommen zuweilen gemeinsam an einer Wirtspflanze vor. Im Ergebnis ist festzuhalten, dass *P. kernoviae* in seinem Vorkommen weiterhin auf die bekannten Orte in Großbritannien begrenzt ist.

Im Frühjahr 2008 steht die Entscheidung 2002/757/EG erneut zur Überprüfung an. Wesentlichen Einfluss auf eventuelle Änderungen werden die Ergebnisse eines EU-Forschungsprojektes (RAPRA) haben, welches eine Risikoanalyse zu *P. ramorum* zum Inhalt hatte. Derzeit ist jedoch nicht davon auszugehen, dass die in der Entscheidung enthaltenen Maßnahmen gelockert werden, so dass das allgemeine Monitoring zur Statusfeststellung von *P. ramorum* in den EU-Mitgliedstaaten (Baumschulen, Öffentliches Grün und Wald) auch im laufenden Jahr wieder durchzuführen ist.

T. SCHRÖDER und E. PFEILSTETTER
Institut für nationale und internationale Angelegenheiten der
Pflanzengesundheit des JKI (Braunschweig)

LITERATUR

Annual Review of Biochemistry, Vol. 75, 2006. Eds.: R. D. KORNBERG, C. R. H. RAETZ, J. E. ROTHMAN, J. THORNER. Annual Review Inc., Palo Alto Calif., USA, 892 S., ISBN 0-8243-0875-1, ISSN 0066-1154.

Der vorliegende Band 75 beginnt mit einem Artikel von I. Robert LEHMAN mit dem Titel: Wanderings of a DNA Enzymologist: from DNA Polymerase to Viral Latency.

Weitere Übersichtsartikel aus dem Gesamtgebiet der Biochemie schließen sich an:

Signaling Pathways in Skeletal Muscle Remodeling (Rhonda BASSEL-DUBY, Eric N. OLSON); Biosynthesis and Assembly of Capsular Polysaccharides in *Escherichia coli* (Chris WHITFIELD); Energy Converting NADH:Quinone Oxidoreductase (Complex I) (Ulrich BRANDT); Tyroproteins and Other Tyrosine Kinase Inhibitors (Alexander LEVITZKI, Eyal MISCHANI); Break-Induced Replication and Recombinational Telomere Elongation in Yeast (Michael J. Mc EACHERN, James E. HABER); LKB1-Dependent Signaling Pathways (Dario R. ALESSI, Kei SAKAMOTO, Jose R. BAYASCAS); Energy Transduction: Proton Transfer through the Respiratory Complexes (Jonathan P. HOSLER, Shelagh FERGUSON-MILLER, Denise A. MILLS); The Death-Associated Protein Kinases: Structure, Function, and beyond (Shani BIALIK, Adi KIMCHI); Mechanisms for Chromosome and Plasmid Segregation (Santanu Kumar GHOSH, Sujata HAJRA, Andrew PEAK, Makkuni JAYARAM); Chromatin Modifications by Methylation and Ubiquitination: Implications in the Regulation of Gene Expression (Ali SHILATIFARD); Structure and Mechanism of the Hsp90 Molecular Chaperone Machinery (Laurence H. PEARL, Chrisostomos PRODOMOU); Biochemistry of Mammalian Peroxisomes Revisited (J. A. RONALD, Hans R. WATERHAM); Obesity-Related Derangements in Metabolic Regulation (Deborah M. MUOIO, Christopher B. NEWGARD); Cold-Adapted Enzymes (Khawar Sohail SIDDIQUI, Riccardo CAVICCHIOLI); The Biochemistry of Sirtuins (Anthony A. SAUVE, Cynthia WOLBERGER, Vern L. SCHRAMM, Jef D. BOEKE); Dynamic Filaments of the Bacterial Cytoskeleton (Katharine A. MICH, Jan LÖWE); The Structure and Function of Telomerase Reverse Transcriptase (Chantal AUTEXIER, Neal F.

LUE); Relating Protein Motion to Catalysis (Sharon HAMMES-SCHIFFER, Stephen J. BENKOVIC); Animal Cytokinesis: From Parts List to Mechanisms (Ulrike S. EGGERT, Timothy J. MITCHISON, Christine M. FIELD); Mechanisms of Site-Specific Recombination (Nigel D. F. GRINDLEY, Katrine L. WHITESON, Phoebe A. RICE); Axonal Transport and Alzheimer's Disease (Gorazd B. STOKIN, Lawrence S. B. GOLDSTEIN); Asparagine Synthetase Chemotherapy (Nigel G. F. RICHARDS, Michael S. KILBERG); Domains, Motifs, and Scaffolds: The Role of Modular Interactions in the Evolution and Wiring of Cell Signaling Circuits (Roby P. BHATTACHARYYA, Attila REMÉNYI, Brian J. YEB, Wendell A. LIM); Ribonucleotide Reductases (Pär NORDLUND, Peter REICHARD); Introduction to the Membrane Protein Reviews: The Interplay of Structure, Dynamics, and Environment in Membrane Protein Function (Jonathan N. SACHS, Donald M. ENGELMAN); Relations between Structure and Function of the Mitochondrial ADP/ATP Carrier (H. NURY, C. DAHOUT-GONZALES, V. TRÉZÉGUET, G. J. M. LAUQUIN, G. BRANDOLIN, E. PEBAY-PEROULA); G Protein-Coupled Receptor Rhodopsin (Krzysztof PALCZEWSKI); Transmembrane Traffic in the Cytochrome b6f Complex (William A. CRAMER, Huamin ZHANG, Jiusheng YAN, Genji KURISU, Janet L. SMITH).

Ein Sachwortindex und ein Autorenverzeichnis ergänzen den vorliegenden Band 75 des Annual Review of Biochemistry als wertvolle Informationsquelle biochemischer Literatur. Außerdem ist der Band online unter <http://www.annualreviews.org> verfügbar.

Sabine REDLHAMMER (Braunschweig)