

Gemeinschaft der Rhizosphäre signifikant beeinflussen. Wir nehmen an, dass die landwirtschaftliche Bodenbearbeitung zudem das Priming-Potential des Rhizosphärenmikrobioms beeinflusst. Ein experimentelles Design zur Untersuchung der Primingkapazität von mikrobiellen Rhizosphärengemeinschaften aus verschiedenen landwirtschaftlichen Böden wurde entwickelt und an der Gerstensorte „Golden Promise“ gegenüber dem Phytopathogen *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* im Gewächshaus getestet. Das extrahierte Rhizomikrobiom der Gerste, kultiviert in Feldboden, wurde in Töpfe mit einem Substrat/Sand Gemisch inokuliert, die mit Gerstenkeimlingen bepflanzt wurden. Die Pflanzen wurden im Wachstumsstadium 13 mit *B. graminis* infiziert (Kontrollpflanzen wurden entsprechend nicht behandelt). Die Zusammensetzung der prokaryotischen Rhizosphärengemeinschaft wurde mittels Sequenzierung der 16S rRNA Genfragmente aus der *total community-DNA* amplifiziert. Die Primingkapazität wurde durch einen *detached leaf assay* bestimmt, sowie durch Analyse der Expressionsmuster der Gene *PR1b* und *PR17b*, die in die Pflanzenimmunantwort involviert sind. Zwar konnte die Resistenz gegenüber *B. graminis* nicht verbessert werden, jedoch zeigten die mit der Rhizosphärengemeinschaft inokulierten Pflanzen im Vergleich zu der uninokulierten Kontrolle eine stärkere und schnellere Immunantwort. Weiterhin konnte ein Einfluss auf die relative Abundanz verschiedener prokaryotischer Taxa durch das Rhizosphäreninokulum als auch durch den Pilzbefall gezeigt werden. Unsere Ergebnisse lassen auf eine Steigerung der Pflanzenimmunantwort durch das Rhizosphäreninokulum und damit dessen Primingkapazität schließen. Das entwickelte experimentelle Design wird für weitere Untersuchungen zur Primingkapazität von prokaryotischen Rhizosphärengemeinschaften in Abhängigkeit der landwirtschaftlichen Bearbeitung genutzt werden.

#### **140 - Simple and rapid detection of *Tilletia controversa* causing dwarf bunt in wheat seeds**

*Ein einfacher und schneller Nachweis für *Tilletia controversa*, dem Verursacher des Zwergsteinbrands von Weizen*

**Somayyeh Sedaghatjoo<sup>1</sup>, Monika K. Grundler<sup>2</sup>, Andreas J. Geissler<sup>3</sup>, Ludwig Niessen<sup>3</sup>, Petr Karlovsky<sup>4</sup>, Berta Killermann<sup>2</sup>, Wolfgang Maier<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institute for Epidemiology and Pathogen Diagnostics

<sup>2</sup>Institute for Crop Science and Plant Breeding, Bavarian State Research Center for Agriculture

<sup>3</sup>Technical University of Munich, Chair of Technical Microbiology

<sup>4</sup>Georg-August-University Göttingen, Molecular Phytopathology and Mycotoxin Research

Dwarf bunt is a disease of wheat caused by the fungus *Tilletia controversa* Kühn. Seeds of diseased plants are converted to so-called bunt balls where the entire interior of the seeds is filled with teliospores, resulting in losses in both yield and quality. In addition, dwarf bunt is under quarantine regulation in several countries, making its correct identification a high priority for plant health professionals and for wheat exporters. The current international diagnostic protocol in wheat seeds adopted by the International Seed Testing Association (ISTA) is based on morphological features of teliospores obtained by a filtration method. The method is however laborious and requires expertise. The aim of this study was to develop a loop mediated isothermal amplification (LAMP) assay for detection of *T. controversa* and test its application on naturally contaminated wheat seeds.

To design specific primers for the detection of *T. controversa*, the whole genomes of 4 *T. caries* strains, 5 *T. controversa* strains and 2 strains of *T. laevis* were sequenced. Genomes of single-spore isolates were sequenced on an Illumina HiSeq 4000 platform. Additionally one

of the *T. controversa* strains was sequenced employing PacBio Single Molecule Real Time (SMRT) sequencing (GATC Biotech, Germany). The genomes were *de novo* assembled and pooled with published GenBank data, namely; *T. caries* (GCA\_001645005), *T. controversa* (GCA\_001645045), *T. horrida* (GCA\_001006505), *T. indica* (GCA\_001645015), and *T. walkeri* (GCA\_001645055). Using Blast Diagnostic Gene Finder (BADGE v1.2) 11 potential species-specific gene regions could be identified. We designed a LAMP primer set consisting of 4 primers that specifically detects *T. controversa*. The assay was validated using 137 *Tilletia* specimens and 46 other wheat fungal pathogens.

This LAMP assay was then tested on 22 naturally contaminated wheat seed samples received from the ISTA accredited seed testing lab of the Bavarian State Research Center for Agriculture (LfL). Contamination levels of the seed lots were determined using the filtration method according to the ISTA working sheet modified by section IV Seeds of VDLUFA. The collected teliospores were morphologically identified and counted. Twelve samples were contaminated with *T. controversa* from 4.9 to 132.6 teliospores per grain and 10 samples with *T. caries* from 0.4 to 128.7 teliospores per grain. The same samples were used for the LAMP test. The spores were washed off from wheat grains using the above-mentioned protocol with a few modifications and collected by centrifugation instead of filtration. DNA from the collected spores was extracted (Qiagen DNeasy PowerPlant Pro Kit) and the LAMP assay was run. For the end-point detection neutral red was used. Using this LAMP assay, contamination of wheat seed samples with  $\geq 21.9$  spores of *T. controversa* per grain could be detected. The simple and fast procedure of the LAMP assay developed in this work and the easy readout by colour reaction will enable the use of the assay in high throughput diagnosis; extensive validation is however necessary before the assay can be used in seed testing facilities.

#### Literatur

ISTA, International Seed Testing Association, 1984. Working Sheet No. 53, *Triticum aestivum*, *Tilletia controversa* Kühn, *T. caries* (DC) Tul., *T. foetida* (Wallr.) Liro. In: International Seed Testing Association (Hrsg.) ISTA Handbook on Seed Health Testing, Zurich, Switzerland: 1-4.

## 141 - Peronospora-Arten an Salvia

*Peronospora-species on Salvia*

**Mascha Hoffmeister<sup>1</sup>, Marco Thines<sup>2</sup>, Wolfgang Maier<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

<sup>2</sup>Biodiversity and Climate Research Centre (BiK-F), Senckenberg Gesellschaft für Naturforschung

*Peronospora salviae-officinalis*, der Falsche Mehltau des Echten Salbeis (*Salvia officinalis*), verursacht in den letzten Jahren zunehmend Verluste im deutschen Salbeianbau. Über die Epidemiologie und Infektionsbiologie des Erregers, der erst 2009 als eine eigene Art klassifiziert wurde (Choi et al. 2009), ist nur wenig bekannt. Auch liegen weder Informationen über das Ursprungsgebiet des Pathogens noch über potentielle weitere Wirtspflanzen vor. Neben *S. officinalis* wird in Deutschland auch *S. sclarea* (Muskatellersalbei) als Zierpflanze in kleinem Maßstab angebaut und *S. pratensis* (Wiesensalbei) ist Teil der natürlichen Flora. Auch an diesen Salbeiarten ist Falscher Mehltau zu finden: Sie könnten somit potentielle Inokulumquellen für *P. salviae-officinalis* darstellen. Um dies zu überprüfen wurden gezielt Pflanzen von *S. sclarea* und *S. pratensis* untersucht, die einen Befall mit Falschem Mehltau aufwiesen.

Die *Peronospora*-Arten an *S. pratensis* und *S. sclarea* wurden bislang als die Arten *P. lamii* bzw. *P. swinglei* identifiziert (GAPONENKO 1972, DUDKA 2004; MULENKO et al. 2008; MÜLLER 2008). Einige Autoren verwenden die beiden *Peronospora*-Arten als Synonyme (BRANDENBURGER & HAGEDORN 2006). Dies entspricht der langjährigen Praxis Falsche

# 4 6 1

## Julius-Kühn-Archiv

### 61. Deutsche Pflanzenschutztagung

Herausforderung Pflanzenschutz –  
Wege in die Zukunft

11. - 14. September 2018  
Universität Hohenheim

- Kurzfassungen der Vorträge und Poster -



Julius Kühn-Institut  
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

4 6 1

Julius-Kühn-Archiv

## 61. Deutsche Pflanzenschutztagung

Herausforderung Pflanzenschutz –  
Wege in die Zukunft

11. - 14. September 2018  
Universität Hohenheim

- Kurzfassungen der Vorträge und Poster -



#### **Programmkomitee der 61. Deutschen Pflanzenschutztagung:**

- **Präs. und Prof. Dr. Georg F. Backhaus** (Vorsitzender)  
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
- **Prof. Dr. Carmen Büttner**  
Humboldt-Universität zu Berlin
- **Friedel Cramer**  
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
- **Prof. Dr. Holger B. Deising**  
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
- **Dr. Michael Glas**  
Pflanzenschutzdienst Baden-Württemberg, Landwirtschaftliches Technologiezentrum Augustenberg
- **Prof. Dr. Johannes Hallmann**  
Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft
- **Prof. Dr. Bernward Märländer**  
Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften
- **Dr. Jens Marr**  
Industrieverband Agrar e. V.
- **Prof. Dr. Frank Ordon**  
Gesellschaft für Pflanzenzüchtung
- **Dr. Karola Schorn**  
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
- **Prof. Dr. Ralf Thomas Vögele**  
Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin

#### **Geschäftsstelle:**

- **Cordula Gattermann, Pamela Lemke, Ann-Christin Madaus,  
Dr. Holger Beer, Christine Sander**  
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

#### **Foto Titelseite:**

Arno Littmann, JKI

Deutsche Pflanzenschutztagung  
Messeweg 11/12  
38104 Braunschweig  
Tel.: 0531 299-3202 und -3201  
Fax: 0531 299-3001  
E-Mail: [info@pflanzenschutztagung.de](mailto:info@pflanzenschutztagung.de)  
[www.pflanzenschutztagung.de](http://www.pflanzenschutztagung.de)

#### **Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek**

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation  
In der Deutschen Nationalbibliografie: detaillierte bibliografische  
Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

ISSN 1868-9892

ISBN 978-3-95547-061-6

DOI 10.5073/jka.2018.461.000



Alle Beiträge im Julius-Kühn-Archiv sind unter einer  
Creative Commons - Namensnennung - Weitergabe unter gleichen Bedingungen -  
4.0 Lizenz veröffentlicht.

Printed in Germany by Arno Brynda GmbH, Berlin.