

Untersuchungen zur Phyllodie an Parthenium (*Parthenium hysterophorus* L.) in Äthiopien



B. Hoppe, T. Taye*, M. Bandte, S. von Bargen und C. Büttner

Humboldt-Universität Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

E-mail: phytomedizin@agr.ar.hu-berlin.de

*Plant Protection Research Center (PPRC), Ambo, Äthiopien

Einleitung

Parthenium ist ein einjähriges Samenunkraut, das nach Äthiopien eingeschleppt wurde. Es breitet sich auf Kultur- und Nichtkulturland aus (Abb. 1), verursacht hohe Ertragsverluste und stellt aufgrund toxischer Inhaltsstoffe ein Gesundheitsrisiko für Mensch und Tier dar. In Äthiopien wurde die von Phytoplasmen verursachte Phyllodie als wichtigste Krankheit an Parthenium nachgewiesen. Infizierte Pflanzen produzieren wenige oder keine Samen. Seither wird der Erreger der Phyllodie im Rahmen einer biologischen Bekämpfungsmaßnahme als geeigneter Organismus diskutiert (Taye *et al.*, 2004).



Abb. 1: Kulturland (A) bzw. Nichtkulturland (B) in Äthiopien mit *Parthenium hysterophorus* als dominierender Pflanzenart

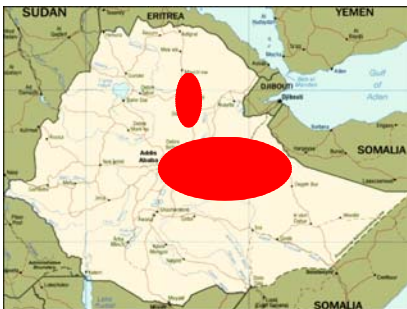


Abb. 2: Auftreten von Parthenium mit Symptomen einer Phytoplasmen-Infektion in Äthiopien (●) und Standorte der Probenahme (†) im Zeitraum Sept. - Nov. 2003

Material und Methoden

Im Untersuchungszeitraum September bis November 2003 wurden Pflanzen- und Insektenproben an ausgewählten Standorten in Äthiopien entnommen (Abb. 2). DNA wurde aus Parthenium, Sesam (*Sesamum indicum*), Erdnuss (*Arachis hypogaea*) und Fababohne (*Vicia faba*) mit charakteristischen Symptomen einer Phytoplasmen-Infektion (Abb.3.) sowie an Parthenium vorkommende Zikaden und Wanzen, den potentiellen Vektoren der Partheniumphyllodie, isoliert. Mit Hilfe einer Polymerasekettenreaktion (PCR) unter Verwendung Phytoplasmen-spezifischer Primer P1 und P7 wurden ca. 1800 bp des 16-23S rRNA-Gens amplifiziert (Abb. 4). Die PCR-Produkte wurden zum Vergleich mit dem Restriktionsenzym *AluI* (Abb.5) geschnitten sowie ansequenziert. DNA-Sequenzen wurden sowohl untereinander, als auch mit korrespondierenden Abschnitten aus Sequenzdatenbanken verglichen.

Ergebnisse

Symptome einer Phytoplasmen-Infektion an Parthenium und Nutzpflanzen traten in Gebieten mit hohem Parthenium-Vorkommen auf. Zu beobachten waren neben Blütenverlaubung bzw. -vergrünung und Hexenbesenwuchs bei Parthenium und Sesam, auch kleine, vergilbte, teilweise auch deformierte Blätter bei Erdnuss und Fababohne (Abb. 3). Die PCR-Produkte wiesen Längenunterschiede auf. Phytoplasmen spezifische DNA-Fragmente der erwarteten Länge von 1800 bp wurden eindeutig in Parthenium, Sesam, Erdnuss und dem mit dem Erreger der „Faba-bean phyllody“ (FBF) infizierten Kontrolle *Vinca rosea* nachgewiesen (Abb. 4). Die PCR-Produkte aus Parthenium, Sesam, Erdnuss und *V. rosea* wiesen nach *AluI*-Verdau identische Restriktionsprofile auf, waren jedoch eindeutig von den Restriktionsprofilen der Amplikons aus den potentiellen Vektoren verschieden (Abb. 5). Die Sequenzdaten von Teilbereichen des rDNA-Operons waren bei Parthenium, Sesam und Erdnuss zu 100% identisch. Sie wiesen Sequenzähnlichkeiten von 98 bis 99,8% zu korrespondierenden Sequenzabschnitten von Phytoplasmen auf, die zur ausgewiesenen Art „*Candidatus Phytoplasma aurantifolia*“ gehören (Zreik *et al.*, 1995; Anonym, 2004).



Abb. 3: Charakteristische Symptome einer Phytoplasmen-Infektion an Parthenium und verschiedenen Nutzpflanzen

A: Parthenium mit verringertem Längenwachstum und starker basaler Seitentriebbildung (Hexenbesenwuchs) (Pfeil unten) im Vergleich zu Parthenium mit normalen vegetativen Wachstum und fertilen, weißen Blütenständen (Pfeil oben)

B: Parthenium mit Hexenbesenwuchs und Verlust der Blütenfarbe

C: Erdnuss mit kleinen/vergilbten Blättern (Pfeil) und Blättern normaler Farbe/Größe

D: Sesam mit buschiger Anhäufung der generativen Organe am Stielende (Pfeil)

E: Sesam mit deformierten, tauben Schoten am Blütenstand (Pfeil)

F: Fababohne mit kleinen, vergilbten und deformierten Blättern

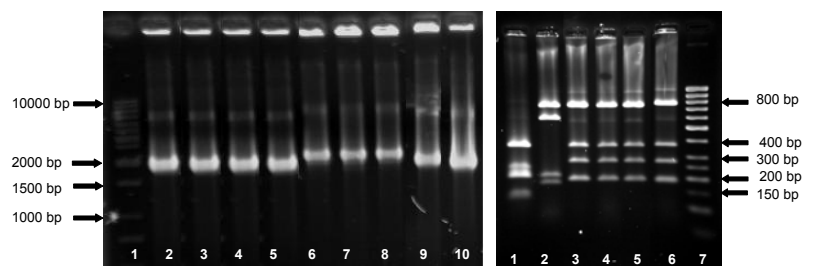


Abb. 4: Gelelektrophoretische Auftrennung im 1%igem Agarosegel von PCR-amplifizierten DNA-Fragmenten unter Verwendung der Phytoplasmen-spezifischen Primer P1 und P7: 1 = 1 kb Marker, Fa. Fermentas, 2 = Parthenium mit Symptomen, 3 = Erdnuss mit Symptomen, 4 = Sesam mit Symptomen, 5 = FBF infizierte *Vinca rosea* (Kontrolle), 6 = Parthenium ohne Symptome, 7 = Zikade, 8 = Fababohne mit Symptomen, 9 = Erdnuss ohne Symptome, 10 = Wanze

Abb. 5: RFLP-Analyse mit *AluI* von PCR-Produkten nach elektrophoretischer Auftrennung im 1,5% Agarosegel: 1 = Wanze, 2 = Zikade, 3 = Sesam mit Symptomen, 4 = Parthenium mit Symptomen, 5 = Erdnuss mit Symptomen, 6 = FBF infizierte *Vinca rosea* (Kontrolle), 7 = 50 bp Marker, Fa. Fermentas

Schlussfolgerungen

Die an Parthenium vorkommende Phytoplasmenart, die vermutlich zur Gruppe „*Candidatus Phytoplasma aurantifolia*“ zugeordnet werden kann, ist auch in Kulturpflanzen nachweisbar. Somit erscheint eine biologische Bekämpfung von Parthenium mit dem Erreger der Partheniumphyllodie nicht sinnvoll. Vielmehr scheinen infizierte Parthenium-Pflanzen als Reservoir zu dienen, vom dem der Erreger auf Nutzpflanzen übertragen werden könnte. Bei der Erarbeitung eines Konzepts zur Bekämpfung von Parthenium werden aller Voraussicht nach pflanzenbauliche, mechanische und gegebenenfalls auch chemische Verfahren im Vordergrund stehen.

Literatur :

Taye, T., Obermeier, C., Einhorn, G., Seemüller, E. und Büttner, C. (2004): Phyllody disease of parthenium weed in Ethiopia. Pest Mgt J Eth 8:39-50.

Anonym (2004): „*Candidatus Phytoplasma*“, a taxon for the wall-less, non-helical prokaryotes that colonize plant phloem and insects. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 54:1243-1255.

Zreik, L., Carle, P., Bove, J.M. und Garnier, M. (1995): Characterization of the mycoplasma-like organism associated with witches'-broom disease of lime and proposition of a *Candidatus* taxon for the organism, '*Candidatus phytoplasma aurantifolia*'. Int. J. Syst. Bacteriol. 45 (3):449-453.