475

Julius-Kühn-Archiv

63. Deutsche Pflanzenschutztagung

Pflanzenschutz morgen - Transformation durch Wissenschaft

26. bis 29. September 2023

- Kurzfassungen der Vorträge und Poster-

Julius Kühn-Institut (JKI) | Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Kontaktadresse/ Contact
Deutsche Pflanzenschutztagung
Messeweg 11/12
38104 Braunschweig
Tel.: 03946 47-1004
und 03946 47-1003
E-Mail: info@pflanzenschutztagung.de

Wir unterstützen den offenen Zugang zu wissenschaftlichem Wissen.
Das Julius-Kühn-Archiv erscheint daher als Open-Access-Zeitschrift.

Das Julius-Kühn-Archiv ist online verfügbar unter
https://www.openagrar.de/receive/zimport_mods_00001710?q=julius-k%C3%BChn-archiv

The Julius-Kühn-Archiv is available free of charge at
https://www.openagrar.de/receive/zimport_mods_00001710?q=julius-k%C3%BChn-archiv

Herausgeber / Editor
Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Quedlinburg, Deutschland
Julius Kühn Institute (JKI) – Federal Research Centre for Cultivated Plants, Quedlinburg, Germany

DOI **10.5073/20230803-074309-0**
ISSN **2199-921X**
ISBN **978-3-95547-133-0**

© Der Autor/ Die Autorin 2023.
Dieses Werk wird unter den Bedingungen der Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz (CC BY 4.0) zur Verfügung gestellt
(https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de).

© The Author(s) 2023.
This work is distributed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International License
(https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.en)

Cover photo: Dominik Feistkorn, JKI

Literatur

European Environment Agency, **2016:** Urban adaptation to climate change in Europe 2016 — Transforming cities in a changing climate, 12. Luxembourg, European Environment Agency, DOI: 10.2800/021466.

Quambusch, M., **M. Strohbach**, **V. Hörmann**, **A. Rutikanga**, **S. Preidl**, **N. Shrestha**, **J. Strassemeyer**, **S. Dahal**, **B. Golla**, **M. Beyer**, **M. Gerchow**, **M. Bücker**, **J. Hoppenbrock**, **F. Feldmann**, **2023:** Entwicklung eines Verfahrens für die klimawirksame Gestaltung der multifunktionalen, urbanen grünen Infrastruktur - Auftaktveranstaltung des multidisziplinären Forschungsprojektes „Maximierung der Kohlenstoff-sequestrierung in Stadtbäumen (CliMax)“. Journal für Kulturpflanze **75** (Nr. 01-02), 66–71, DOI: 10.5073/JfK.2023.01-02.

Rötzer, T., **A. Moser-Reischl**, **M.A. Rahman**, **C. Hartmann**, **H. Paeth**, **S. Pauleit**, **H. Pretzsch**, **2021:** Urban tree growth and ecosystem services under extreme drought. Agricultural and Forest Meteorology **308-309**, 108532, DOI: 10.1016/j.agrformet.2021.108532.

Finanzierung: Klimaschutz-Sofortprogramm

032 - Risiken für Wald und Forst durch phytopathogene Viren

Anne-Mareen E. Eisold[1]*, Martina Bandte[2], Susanne von Bargen[2], Carmen Büttner[2], Ben Bubner[1]

[1]Thünen Institut für Forstgenetik, Eberswalder Chaussee 3a, D-15377 Waldsieversdorf
[2]Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, D-14195
*anne-mareen.eisold@thuenen.de

Viren infizieren Bäume und Gehölze in Wald und Forst und spielen bei der physiologischen Schwächung der Bestände eine maßgebende Rolle. Während seit Jahrzehnten mit umfangreichen und aufwendigen Anbauversuchen, Nachkommenschafts- und Herkunftsprüfungen die Grundlagen für die Züchtung geeigneter Bäume für den Wald von morgen geschaffen werden, befinden sich die Anstrengungen zur Identifizierung und Erhebung der Verbreitung viraler Pathogene immer noch im Anfangsstadium. Untersuchungen zum Auftreten von Viren in Bäumen haben viel zum aktuellen Kenntnisstand beigetragen und belegen, dass Viren weit verbreitet sind und im Kontext biotischer Einflussfaktoren einbezogen werden müssen (Büttner *et al.* 2022).

Für die in der Forstwirtschaft wichtigen Baumarten Ahorn (*Acer* sp.), Hainbuche (*Carpinus betulus*), Rotbuche (*Fagus sylvatica*) und Eiche (*Quercus* sp.) sowie die ökologisch interessanten, weil gefährdeten, Arten Wildapfel (*Malus sylvestris*) und Ulme (*Ulmus* sp.) sind derzeit 14 pathogene Viren bekannt. Sie können an der Wirtspflanze typische Symptome wie beispielsweise Chlorosen, Nekrosen, Ringflecken und Linienmuster verursachen. Langfristig führen sie im Zusammenspiel mit anderen biotischen und abiotischen Einflussfaktoren zum Absterben des Gehölzes. Einmal etabliert, breiten sich Viren über verschiedene Übertragungswege von der infizierten Wirtspflanze in Nachbarbäume oder auch über weite Distanzen aus. Für Rotbuche, Stiel-Eiche, Berg-Ahorn und Flatterulme wurden Virusinfektionen in deutschen Beständen bereits in ausgewählten Einzelstandorten dokumentiert. Bei Wildapfel und Hainbuche wurde das Auftreten der Viren in Tschechien beschrieben. Fundierte Daten zur Infektionslage der Bestände auf den verschiedenen (Versuchs-)Flächen liegen nicht vor, ebenso wenig wie für die natürlichen Bestände. Es ist davon auszugehen, dass virale Pathogene für die Vitalität der Bäume in Wald und Forst eine wichtige Rolle spielen und an ökonomisch relevanten Schäden maßgeblich beteiligt sind. Zudem sind Genressourcen gefährdet.

Es besteht die dringende Notwendigkeit, das Vorkommen phytopathogener Viren in sensiblen forstlichen Versuchsflächen und natürlichen Beständen gezielt zu evaluieren und eine gesicherte Datenbasis zu schaffen.

Literatur

Büttner, C., M. Landgraf, H. Fernandez, S. von Bargen, M. Bandte 2022: Virus diseases of forest and urban trees. In: Asiegbu, F., A. Kovalchuk (Hrsg.) Forest Microbiology, Volume 3., Elsevier, p. 61-97.

033 - Nachweis verschiedener Viren in Blütenmaterial aus Samenplantagen der Europäischen Esche (*Fraxinus excelsior*) - eine Studie im Rahmen des FraxVir-Projekts

Héctor Leandro Fernández Colino[1*], Marius Rehanek[1], Anna-Katharina Eisen[2], Lisa Buchner[2], Zoltan Köbölkuti[3], Jan W. Böhm[4], Barbara Fussi[3], Michael Kube[4], Susanne Jochner-Oette[2], Susanne von Bargen[1], Carmen Büttner[1]

[1]Humboldt-Universität zu Berlin, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, 14195 Berlin
[2]Katholische Universität Eichstätt-Ingolstadt, Physische Geographie/ Landschaftsökologie und nachhaltige Ökosystementwicklung, 85072 Eichstätt
[3]Bayerisches Amt für Waldgenetik, 83317 Teisendorf
[4]Universität Hohenheim, Integrative Infektionsbiologie Nutzpflanze – Nutztier, 70599 Stuttgart
*fernandh@hu-berlin.de

The causative agent of the ash dieback disease, which has ravaged *Fraxinus* spp. trees in Europe during the past three decades, was found to be the fungus *Hymenoscyphus fraxineus* (initially named *Chalara fraxinea* by Kowalski, T. in 2006). However, tree health is usually influenced by many coeval factors and worsened by stresses both biotic and abiotic, such as climate change and its consequences e.g. introduced pests or invasive species. Another element playing a potentially important role aggravating the severity of the ash dieback disease in Europe could be simultaneous viral infections, which weaken infected trees to various extents. Forest and urban tree viruses remain neglected to this day when compared to those affecting agriculturally important species, and to the research carried on plant animal pests and fungal pathogens. It has however been confirmed that viral diseases affect forest and urban trees as much as crops, and therefore also entail both economic and environmental losses in these environments (Büttner *et al*., 2022). Interaction of ash genetics with viral infections, fungal pathogens (such as *H. fraxineus*) and other stress factors has yet to be thoroughly researched despite the negative synergy that presumably exists between them. Deepening our knowledge of these interactions is the main focus of the FraxVir project, which deals with the recording and assessment of virus diversity in ash special stands. We screen for different viruses in populations of ash showing virus-suspected leaf symptoms. In order to validate the reliability of established detection RT-PCR, as well as to complement the screening of leaves by providing further insight of viral presence and distribution in other organs within the trees, we tested ash flowers as sample material. Through RT-PCR, samples were checked for several viruses, some of which were only recently discovered to affect ash, including ash shoestring-associated virus (ASaV) (Gaskin *et al.*, 2021), privet leaf blotch-associated virus (PrLBaV) and a novel cytorhabdovirus. The other viruses tested for were generalist species already known to affect ash: arabis mosaic virus (ArMV) (Cooper, 1975) and cherry leaf roll virus (CLRV) (Hamacher & Quadt, 1991). The