

Raum-zeitliche Aspekte des Echten Gurkenmehltaus

Von der Naturwissenschaftlichen Fakultät
der Gottfried Wilhelm Leibniz Universität Hannover
zur Erlangung des Grades

Doktorin der Gartenbauwissenschaften
Dr. rer. hort.

genehmigte Dissertation

von

Dipl.-Ing. agr. Jennifer Kraul

2019

Referent: Prof. Dr. Bernhard Hau

Korreferent: Prof. Dr. Hartmut Stützel

Tag der Promotion: 30.05.2018

Don't worry about your mathematics,
I assure you mine are greater.

Albert Einstein

ZUSAMMENFASSUNG

Der Echte Mehltau zählt zu den wichtigsten Krankheiten an Kürbisgewächsen weltweit. Trotz großer Fortschritte in der Resistenzzüchtung ist diese polyzyklische Krankheit insbesondere im Unterglasanbau von Gurken nach wie vor von wirtschaftlicher Bedeutung. Um ein möglichst genaues Bild vom Vorkommen dieses Schadorganismus in Deutschland zu bekommen, wurde die Verteilung der Erreger *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii* im Gewächshaus und Freiland im gesamten Bundesgebiet erfasst. Darüber hinaus wurde in drei Versuchen die Dynamik der Gradienten des Echten Gurkenmehltaus in einem Bestand von Gewächshausgurken untersucht und modelliert.

In Deutschland sind die beiden Erreger *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii* endemisch und verursachen z.T. größere Schäden. In den Jahren 2008-2011 wurde deren regionale Verbreitung an Kürbisgewächsen im Gewächshaus und Freiland untersucht. *P. xanthii* war der dominierende Erreger im Gewächshaus, während *G. orontii* der häufigere Erreger im Freiland war. Unterschiede gab es auch in der regionalen Verbreitung. In Brandenburg, Niedersachsen und Thüringen wurde auf den Proben *P. xanthii* häufiger gefunden, insbesondere in Gebieten mit großflächigem Gurkenanbau im Gewächshaus war dieser Erreger auch im Freiland vorherrschend. Im Süden und Westen Deutschlands trat *G. orontii* häufiger auf, in Baden-Württemberg nicht nur im Freiland, sondern auch im Gewächshaus.

Für den gezielten Einsatz von Pflanzenschutzmaßnahmen sind möglichst genaue Kenntnisse über die Ausbreitung einer Krankheit im Bestand wichtig. In drei Gewächshausversuchen wurde die zeitliche und räumliche Entwicklung des Echten Mehltaus an Salatgurken bei unterschiedlichen Bestandesdichten ausgehend von einer linienförmigen Inokulumquelle untersucht. Im Kapitel 2 wurde die Befallsstärke auf den unteren Blättern der Pflanze (bis 50 cm über Substratoberfläche) ausgewertet. Die durch das Wirtswachstum neu hinzukommende Blattfläche in den höheren Blattetagen wurde nicht berücksichtigt. Die Befallsstärke wurde an 9-10 Terminen bonitiert und die Dynamik der Gradienten mit einem Modell beschrieben, das die raumzeitliche Entwicklung des Echten Mehltaus wiedergibt. Durch Anpassung des Modells an die experimentellen Daten der Versuche im Gewächshaus wurden die Modellparameter geschätzt. Für verschiedene Befallsstärken wurde die Isopfadgeschwindigkeit berechnet. Im Kapitel 3 wird in denselben Versuchen bei

gleicher Vorgehensweise die Dynamik der Gradienten bezogen auf die Gesamtpflanze untersucht, das heißt, die durch das Wirtswachstum neu gebildete Blattfläche und deren Einfluss auf die Befallsstärke wurde berücksichtigt. Die Befallsstärke der Gesamtpflanze ($y = 0,4-0,6$) lag bedingt durch die ständig neu hinzukommende Blattfläche deutlich unter dem Befall auf der unteren Blattetage ($y = 0,8-1,0$). Sowohl für die untere Blattetage als auch für die der Gesamtpflanze konnte die Dynamik der Gradienten mit einem Modell mit nur 4 Parametern gut beschrieben werden ($R^2 > 98$ (untere Blattetage) und $R^2 > 95$ (Gesamtpflanze)).

Die niedrigen Befallsstärken breiteten sich im Bestand schneller als die höheren aus und die Ausbreitungsgeschwindigkeit war abhängig von der Bestandesdichte und dem Zeitpunkt der Epidemie. Die Isopfadgeschwindigkeit nimmt mit fortschreitender Zeit und größerer Distanz zu und mit zunehmender Befallsstärke ab. Der echte Gurkenmehltau breitet sich in Form einer dispersiven Welle aus. Eine genaue Beobachtung des Pflanzenbestandes ist von Anfang an unerlässlich, um Ertragseinbußen zu vermeiden.

Insgesamt können die Erhebung von Monitoring Daten und die mit Modellen gewonnenen Erkenntnisse zu einem gezielteren Einsatz von Pflanzenschutzmitteln beitragen.

Schlagworte: Echter Gurkenmehltau, Salatgurken, Raum-zeitliche Dynamik

ABSTRACT

Powdery mildew is one of the most important diseases in cucurbits worldwide. Despite great advances in resistance breeding, this polycyclic disease is still of economic importance, especially in under glass cultivation of cucumbers. In order to get an overview of the occurrence of this harmful organism in Germany, the distribution of the pathogens *Podosphaera xanthii* and *Golovinomyces orontii* was recorded in greenhouses and open fields in Germany. Moreover, in three experiments the dynamics of the gradients of cucumber powdery mildew in a stock of greenhouse cucumbers were investigated and modelled.

In Germany, the two pathogens *P. xanthii* und *G. orontii* are endemic and may cause severe losses. In the years 2008-2011, their regional distribution on cucurbits in greenhouses and open fields was examined. *P. xanthii* was the dominant pathogen in greenhouses, while *G. orontii* was the more common pathogen in the field. Furthermore, there were also differences in regional distribution.

In Brandenburg, Lower Saxony and Thuringia, *P. xanthii* was found on most of the samples, and especially in areas with large-scale cucumber cultivation in greenhouses, this pathogen was also prevalent outdoors. In the south and west of Germany, *G. orontii* occurred more frequently, in Baden-Württemberg not only in the field, but also in the greenhouse.

For the targeted use of plant protection measures, it is important to have as much knowledge as possible about the spread of a disease in the crop. In three greenhouse experiments, the development of powdery mildew infestation on cucumbers at different stand densities starting from a linear inoculum source was investigated. In Chapter 2, disease severity of the lower leaves of the plants (up to 50 cm above substrate surface) was evaluated only. The newly growing leaf area in the higher leaf levels was not considered. The disease severity was assessed on 9-10 dates and the dynamics of the gradients were described by a model reflecting the spatio-temporal spread of the powdery mildew. By adapting the model to the experimental data of the experiments in the greenhouse, the model parameters were estimated. Furthermore, the isopath-velocity was calculated for different disease intensity levels. In Chapter 3, the same experiments and the same procedure were used to describe the dynamics of the gradients in relation to the whole plant, i.e., the leaf area newly formed by the host growth and its influence on the disease severity was considered.

The disease severity on the whole plant ($y = 0.4-0.6$) was lower compared to the lower leaves ($y = 0.8-1.0$) due to the constantly growing new leaf area. For both, the lower leaves and the whole plant, the dynamics of the gradients could be well described by a model with only 4 parameters ($R^2 > 98$ (lower leaf level) and $R^2 > 95$ (total plant)).

The lower disease levels spread faster beyond the inoculum source than the higher ones and the velocity also depended on the stand density and the time of the epidemic. The isopath velocity increases with increasing time and distance but decreases with increasing disease intensity. The powdery mildew of cucurbits spreads in the manner of a dispersive wave. An exact observation of the crop from the beginning seems to be essential to avoid yield losses.

Keywords: Powdery mildew, cucumber, spatio-temporal aspects

Inhalt

Zusammenfassung	i
Abstract	iii
Einleitung	1
Kürbisgewächse.....	1
Gurke (<i>Cucumis sativus</i> L.)	2
Kürbis (<i>Cucurbita pepo</i>) und Zucchini (<i>Cucurbita pepo</i> subsp. <i>pepo</i>)	2
Wirtschaftliche Bedeutung.....	3
Krankheiten	3
Echter Gurkenmehltau	4
Taxonomie der Echten Mehлтаupilze	5
Entwicklungszyklus von <i>P. xanthii</i> und <i>G. orontii</i>	8
Epidemiologie	9
Literaturverzeichnis	12
Kapitel 1	17
Einleitung	18
Material & Methoden	20
Probensammlung	20
Bestimmung der Erreger im Labor.....	21
Ergebnisse	24
Anzahl der Proben aus Gewächshaus und Freiland.....	24
Sortenspektrum der Wirtspflanzen	26
Bestimmung der Mehltau-Gattungen.....	26
Geographische Verteilung von <i>P. xanthii</i> und <i>G. orontii</i>	29
Verteilung der Erreger in Gewächshaus und Freiland	30
Fungizidbehandlung und Erhaltung	31
Diskussion.....	32
Vorgehensweise	32
Bestimmung der Erreger	32
<i>P. xanthii</i> und <i>G. orontii</i> in Gewächshaus und Freiland	34
<i>P. xanthii</i> und <i>G. orontii</i> an verschiedenen Wirtspflanzen	35
Geographische Verteilung von <i>P. xanthii</i> und <i>G. orontii</i>	36
Literaturverzeichnis	39
Anhang.....	43

Kapitel 2	50
Einleitung	51
Material & Methoden	54
Versuchspflanzen	54
Inokulumpflanzen	55
Versuchsaufbau	55
Versuchszeiträume	58
Aufstellen der Inokulumpflanzen	59
Befallsbonituren	59
Datenanalyse	59
Ergebnisse	62
Versuch 1	62
Versuch 2	72
Versuch 3	78
Vergleich der drei Versuche	83
Diskussion	86
Literaturverzeichnis	91
Anhang 1	95
Anhang 2	97
Kapitel 3	99
Einleitung	100
Material & Methoden	102
Versuchspflanzen	102
Inokulumpflanzen	102
Versuchsaufbau	103
Versuchszeiträume	105
Aufstellen der Inokulumpflanzen	106
Befallsbonituren	106
Datenanalyse	107
Ergebnisse	109
Versuch 1	109
Versuch 2	118
Versuch 3	126
Vergleich der drei Versuche	131
Diskussion	134
Literaturverzeichnis	139

Anhang 1.....	142
Anhang 2.....	144
Allgemeine Diskussion	146
Literaturverzeichnis	150

Abkürzungen

BB	Blattbreite [cm]
BB	Brandenburg
BH	Befallshäufigkeit [%]
BF	Blattfläche [cm ²]
BL	Blattlänge [cm]
BS	Befallsstärke [%]
BW	Baden-Württemberg
BY	Bayern
FL	Freiland
GG	<i>Golovinomyces orontii</i> auf Gurke
GH	Gewächshaus
GK	<i>Golovinomyces orontii</i> auf Kürbis
GZ	<i>Golovinomyces orontii</i> auf Zucchini
HE	Hessen
HH	Hamburg
HR	Hohe Resistenz
IPP	Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz Hannover
IR	Intermediäre Resistenz
k. A.	Keine Angabe
MV	Mecklenburg-Vorpommern
NI	Niedersachsen
NW	Nordrhein-Westfalen
PG	<i>Podosphaera xanthii</i> auf Gurke
PGG	<i>Podosphaera xanthii</i> und <i>Golovinomyces orontii</i> auf Gurke
PGK	<i>Podosphaera xanthii</i> und <i>Golovinomyces orontii</i> auf Kürbis
PGZ	<i>P. xanthii</i> und <i>G. orontii</i> auf Zucchini

Abkürzungen

PK	<i>Podosphaera xanthii</i> auf Kürbis
PZ	<i>Podosphaera xanthii</i> auf Zucchini
REM	Rasterelektronenmikroskopie
RP	Rheinland-Pfalz
SH	Schleswig-Holstein
ST	Sachsen-Anhalt
Syn.	Synonym
TH	Thüringen
TNI	Tage nach Inokulation

EINLEITUNG

Die Echten Mehltapilze (Erysiphales) gehören zu den häufigsten und wirtschaftlich bedeutendsten phytopathogenen Pilzen weltweit. Sie befallen Blätter, Stängel, Blüten und Früchte an nahezu 10.000 Arten der Angiospermen (Glawe, 2008), u.a. in den Familien Asteraceae, Cucurbitaceae, Lamiaceae, Scrophulariaceae, Solanaceae, Verbenaceae (Pérez-García et al., 2009). Dazu zählen Getreide und Gräser, Gemüse, Zierpflanzen, Sträucher, Obstbäume, Ziergehölze, Waldbäume und auch Unkräuter (Glawe, 2008; Lebeda & Mieslerová, 2011). Innerhalb der zahlreichen wirtschaftlich bedeutenden Gemüsekulturen, die weltweit von Echten Mehltapilzen befallen werden, zählen die Kürbisgewächse (Cucurbitaceae) zu den am stärksten betroffenen (Daughtrey et al., 2008, Pérez-García, 2009; Trigiano et al., 2008).

Trotz großer Fortschritte in der Resistenzzüchtung ist der Echte Mehltau an Kürbisgewächsen eine der wichtigsten Krankheiten, nicht nur in Europa, sondern weltweit sowohl im Gewächshaus als auch im Freiland (Koch, 2012). Aus diesen Gründen sind nachhaltige und umweltfreundliche Pflanzenschutz-Strategien, die Erträge und Qualität der Ernteprodukte sichern, von großer Bedeutung (Van Maanen und Xu, 2003). Grundlage solcher Pflanzenschutzmaßnahmen sind Kenntnisse über die Biologie, Epidemiologie und Verbreitung der Erreger. Dazu zählt der Entwicklungszyklus auf der Pflanze, die Verbreitung in einem Pflanzenbestand und das regionale Auftreten von Krankheiten und Schädlingen.

Kürbisgewächse

Die Familie der Kürbisgewächse (Cucurbitaceae) gehört zu den Bedecktsamern (Magnoliopsida) und umfasst 750 Arten in 90 Gattungen in den beiden Unterfamilien Nhandioboideae und Cucurbitoideae (Krug et al., 2003). Sie sind weltweit in den Tropen, Subtropen und den wärmeren Teilen der gemäßigten Klimazonen verbreitet (Krug et al., 2003). Viele Gattungen sind wirtschaftlich bedeutende Nutzpflanzen, von denen Gurke (*Cucumis sativus*), Kürbis (*Cucurbita spp.*) und Wassermelone (*Citrullus lanatus*) zu den wichtigsten gehören.

Gurke (*Cucumis sativus* L.)

Die Gurke *Cucumis sativus* L. gehört zur Gattung der Gurken (*Cucumis* sp.) in der Familie der Kürbisgewächse (Cucurbitaceae). Die Wildform *Cucumis hardwickii* ist ursprünglich in Indien beheimatet, die Kulturformen werden heute weltweit angebaut. Die Gurke ist eine einjährige Pflanze mit nahezu „unbegrenztem Wachstum“, deren Spross bis zu 10 m lang werden kann und dabei niederliegend oder an Stützen rankend ist (Krug et al., 2003). Die Wurzeln bilden ein sich flach ausbreitendes System mit nur wenigen Wurzeln, die tiefer als 0,5 m in den Boden gelangen. Die wechselständigen Blätter sind ungeteilt oder handförmig gelappt und erreichen Blattspreiten von bis zu 30 cm (Krug et al., 2003) vereinzelt auch 38 cm (eigene Daten). Ältere Pflanzen tendieren zu spitzeren Blättern, die Blattspreiten der oberen Nodien einer Pflanze bleiben kleiner als die der unteren.

Gurken sind frostempfindliche Pflanzen, deren Entwicklungsoptimum im Bereich von 22–30 °C Luft- und 21 – 24 °C Bodentemperatur liegt. Starke Temperaturdifferenzen und Nachttemperaturen unter 12 °C führen zu Wachstumsverzögerungen, Bitterkeit und Verkrüppelung der Früchte, wobei Unterschiede zwischen verschiedenen Herkünften bestehen (Fritz & Stolz, 1980; Zitter et al., 1996). Aufgrund der hohen Temperaturansprüche der Gurke beginnt der ökonomische Anbau im Gewächshaus in Deutschland meist im April und wird im Kurzzeitanbau bis September/Okttober betrieben. Der Freilandanbau von Salatgurken konzentriert sich auf südliche Länder wie Spanien und Griechenland, in Mitteleuropa wird der Hauptanteil im Gewächshaus produziert, in Deutschland werden im Freiland fast ausschließlich Einlegegurken angebaut.

Die Gurke ist im Nachbau mit sich selbst unverträglich, so dass verschiedene Kulturtechniken auf Steinwolle, Stroh oder in Foliensäcken mit Erde existieren, die einen schnellen Austausch des Substrats ermöglichen.

Kürbis (*Cucurbita pepo*) und Zucchini (*Cucurbita pepo* subsp. *pepo*)

Der Gartenkürbis (*Cucurbita pepo*) gehört zur Gattung *Cucurbita* in der Familie Cucurbitaceae. *Cucurbita pepo* hat seinen Ursprung in Mexiko und gilt als eine der ältesten kultivierten Pflanzen überhaupt. Die Unterart Zucchini (*Cucurbita pepo* subsp. *pepo*) stammt von *Cucurbita pepo* ab, wurde von Indianern in Amerika kultiviert und von Kolumbus im 15. Jahrhundert nach Europa gebracht (www.lfl.bayern.de, Mai 2016).

Cucurbita pepo ist eine einjährige krautige Pflanze, deren Spross kriechend oder an Stützen rankend wächst. Die Laubblätter sind lang gestielt, sehr groß und gelappt, der Sprosszuwachs beträgt bis zu 15 cm pro Tag. Kürbis und Zucchini sind einhäusig getrenntgeschlechtlich (monozöisch). Die Früchte des Kürbisses (Panzerbeeren) sind rundlich oder länglich und mit einem Gewicht bis weit über 30 kg die größten Einzelfrüchte im Pflanzenreich (www.kuerbis-company.de, Mai 2016). Die Zucchini-Früchte sind zylindrisch oder kugelförmig, gelb, hell- bis dunkelgrün und etwa 15-40 cm lang und werden mit einem Gewicht von 200-250 g geerntet.

Wie Gurken sind auch Kürbis und Zucchini frostempfindlich und können schon bei anhaltender kühler Sommerwitterung mit Temperaturen unter 10 °C Schaden nehmen. Hauptanbaugebiete sind Süd-Europa, Kleinasien und die USA, wobei der Anbau vorwiegend im Freiland erfolgt. Die Haupterntezeit liegt zwischen Juni und Oktober, im Unterglasanbau im Frühjahr (www.biologie.uni-hamburg.de, Mai 2016).

Wirtschaftliche Bedeutung

Im Gewächshausanbau ist die Gurke die zweitwichtigste Kultur nach Tomate in Deutschland. In 2014 wurden auf 206 ha 52.275 t geerntet. Dies entspricht knapp einem Drittel der gesamten Gemüseproduktion unter Glas (161.366 t). Der größte Anteil entfiel dabei auf Niedersachsen (15.846 t) (www.destatis.de, Febr. 2014).

Auch EU-weit ist die Gurke neben Tomate die wichtigste Kultur im Gewächshausanbau. Der Hauptanteil wird in den Niederlanden produziert (31 %). Es folgen Spanien (26 %), Frankreich und Griechenland (jeweils 10 %). Auf Deutschland entfallen rund 4 % des Produktionsumfangs der EU. Die Anbauswerpunkte liegen in Baden-Württemberg (u.a. Insel Reichenau), Bayern, im nordwestlichen Niedersachsen (Papenburg) und im Rheintal (Krug et al., 2003). Kürbis und Zucchini spielen im Gewächshaus eine untergeordnete Rolle.

Im Freiland wurden in Deutschland 2015 auf insgesamt 7012 ha 190.096 t Einlegegurken, 68.320 t Speisekürbisse und 40.875 t Zucchini geerntet. Das entspricht 9 % der gesamten Erntemenge auf rund 6 % der gesamten Gemüseanbaufläche (www.destatis.de, Mai 2016).

Krankheiten

An Kürbisgewächsen sind rund 200 Krankheiten bekannt. Die wichtigsten an Gurke werden hervorgerufen durch *Cladosporium cucumerinum* (Gurkenkrätze),

Corynespora melonis (Blattbrand), *Pseudoperonospora cubensis* (Falscher Mehltau) sowie *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii* als Erreger des Echten Gurkenmehltaus (Zitter et al., 1996). Der Echte Mehltau ist in vielen Regionen die bedeutendste Krankheit (Pérez-García et al., 2009).

Viele der heute angebotenen Sorten bieten eine ausreichende Resistenz gegenüber den genannten Krankheiten (Krug et al., 2003). Bei den im Handel befindlichen Sorten, die gegen den Echten Mehltau resistent sind, liegt meist eine Resistenz gegen *P. xanthii* und gegen *G. orontii* vor (Lindner & Billmann, 2006).

Echter Gurkenmehltau

Im Phylum Ascomycota (Schlauchpilze) werden die Echten Mehltaupilze der Ordnung Erysiphales zugeordnet und bilden dort die einzige Familie Erysiphaceae. Die obligat-biotrophen Pilze kommen weltweit sowohl im Freiland als auch im Gewächshaus vor und verursachen wichtige Krankheiten (Sitterly, 1978; Miazzi et al., 2011).

Weltweit sind vier Erreger des Echten Mehltaus beschrieben: *Podosphaera xanthii*, *Leveillula taurica*, *Golovinomyces orontii* und eine zweite *Golovinomyces*-Art: *G. cucurbitacearum*. Die Existenz Letzterer ist aber noch nicht eindeutig geklärt. *L. taurica* spielt in Europa nur eine untergeordnete Rolle und wurde in Deutschland auf Kürbisgewächsen noch nicht nachgewiesen (Wichura, 2007).

In den Niederlanden wurden die Arten *P. xanthii* und *G. orontii* beschrieben, aber nur *P. xanthii* nachgewiesen (Schepers, 1984). Miazzi et al. (2011) fanden in Süd-Italien beide Erreger, bestätigten aber nur das Vorkommen von *P. xanthii* und begründeten dies mit der besseren Anpassung an tropische und subtropische Klimate verglichen mit *G. cichoracearum* (Synonym: *G. orontii*). Bei Pérez-García et al. (2009) ist *P. fusca* (Synonym *P. xanthii*) der wichtigste Erreger des Echten Mehltaus an Kürbisgewächsen sowohl in Spanien als auch weltweit.

P. xanthii ist auch nach Lebeda (2011) vorwiegend in tropischen und subtropischen Gebieten sowie im Gewächshaus zu finden, während *G. orontii* häufiger im Feld bzw. in kühleren Regionen auftritt. In Tschechien wurde auf rund 90 % der Proben von Kürbisgewächsen *G. orontii* gefunden, nur 3 % der Proben waren mit *P. xanthii* infiziert (Lebeda et al., 2004). In Untersuchungen von Del Pino et al. (2002) wurde in Süd-Ost-Spanien auf 139 Isolaten nur *Sphaerotheca fusca* (Syn. *P. xanthii*) gefunden. Auf Gurken konnte die Bildung von Rassen nachgewiesen werden.

Ein Befall ist leicht an dem epiphytischen Myzel mit anfänglich vereinzelt weißen Kolonien erkennbar (Wichura, 2007) (Abbildung 1).



Abbildung 1: Echter Mehltau auf der Blattoberseite einer Gurke (*Cucumis sativus*)

Im weiteren Verlauf werden meist die ganze Blattfläche sowie die Stängel und Blattunterseiten befallen. Die photosynthetisch aktive Blattfläche wird dezimiert, die Transpiration beeinträchtigt und die Assimilationsleistung der Pflanze gesenkt (Daayf et al., 1995; Reuveni et al., 1996). Die Früchte werden mit Ausnahme der Wassermelone (*Cucumis melo*) selten befallen (Zitter et al., 1996).

Als obligat biotropher Parasit entzieht der Echte Mehltaupilz der Pflanze Nährstoffe und Assimilate. Befallene Blätter werden chlorotisch, bei schweren Infektionen später auch nekrotisch. Ertrags- und Qualitätseinbußen entstehen durch Verkümmern von Blüten und Fruchtsätzen, Frühreife der Früchte und die Verringerung der Fruchtgröße und -anzahl.

Bei Melone und Kürbis wird durch den verminderten Gehalt von Zucker und löslichen Kohlenhydraten die Frucht- und Geschmacksqualität gesenkt (Daughtrey et al., 2008, Zitter et al., 1996).

Taxonomie der Echten Mehltaupilze

Unter der Bezeichnung *Mucor erysiphe* (heute bekannt als *Phyllactinia guttata*) erwähnte Linnaeus 1753 erstmals die Echten Mehltaupilze. Schlechtendahl beschrieb 1819 erstmals die Existenz der Ascokarpe mit einzelnen oder mehreren Ascosporen.

Léveillé hat 1851 die ehemals umfangreiche Gattung *Erysiphe* erstmals als eigenständige Familie angesehen und in mehrere Gattungen basierend auf der Anzahl der Ascosporen pro Ascocarp und der Struktur der Anhängsel eingeteilt (Braun et al., 2002). Seine Ergebnisse beeinflussten weitere Untersuchungen bis zum Ende des 20. Jahrhunderts und galten als Beginn der modernen Taxonomie der Echten Mehлтаupilze. Bis Mitte der 90er Jahre basierten weiterhin viele taxonomische Einordnungen auf den Strukturen der Ascomata (Braun et al., 2002). Da der Teleomorph bei vielen Arten nur selten zu finden ist, erfolgte die Zuordnung vieler Arten gar nicht oder nur unvollständig.

Ende der 1990er Jahre gab es zahlreiche Untersuchungen und erste Versuchsergebnisse, die auf molekularbiologischen Methoden beruhten. So nutzten u.a. Cook et al. (1997), Takamatsu et al. (1998) oder Braun und Takamatsu (2000) molekularbiologische Methoden und die Rasterelektronenmikroskopie (REM), anhand derer Ergebnisse die Phylogenie innerhalb der Erysiphales neu geordnet werden konnte.

Neben molekularbiologischen Methoden und der REM wurden weitere morphologische Merkmale wie die Position der Konidiophoren auf der Mutterzelle (Shin und Zheng, 1998), die Gliederung der Konidienketten (Shin und Lee, 2002), Unterschiede der Konidienoberflächen (Cook et al., 1997) und Keimungsmuster der Konidien (Cook und Braun, 2009) für die Artbestimmung genutzt (Braun, 2011). Die Zusammenführung dieser Ergebnisse bestätigte, dass die Beschreibung phylogenetischer Zusammenhänge über die anamorphe Form erfolgen kann.

Als Konsequenz wurden die früheren Sektionen der Gattung *Erysiphe* als eigenständige Gattungen aufgrund ihrer Anamorphe definiert (Braun, 1999; Wichura, 2007). Viele neue Arten und bis dahin unbekannte Anamorphe von bekannten Teleomorphen konnten beschrieben und zugeordnet werden. Es erschienen viele regionale Monographien, die zum Teil zu doppelter Namensgebung und unterschiedlichen Zuordnungen führten.

Braun & Cook begannen 2008 die vorhandenen Monographien aufzuarbeiten, durch molekularbiologische Methoden konnten die phylogenetischen Zusammenhänge und Strukturen innerhalb der Erysiphales neu beschrieben werden (Braun, 2011). Die Zahl der bekannten Mehltauarten stieg von 515 (Braun, 1987) auf 820 (Braun, 2011).

Die Ordnung Erysiphales mit ihrer einzigen Familie Erysiphaceae wird heute in die Klasse der Leotiomycetes im Subphylum Pezizomycotina (Echte Schlauchpilze) im Phylum Ascomycota (Schlauchpilze) eingeordnet (Hibbett et al., 2007). Die Familie Erysiphaceae wird nach Braun (2011) in folgende **5 Triben** eingeteilt:

Erysipheae: mit der Gattung *Erysiphe emend.* (inkl. der früheren Gattungen *Bulbomicrosphaera*, *Bulbouncinula*, *Furcouncinula*, *Medusosphaera*, *Microsphaera*, *Setoerysiphe*, *Typhulochaeta*, *Uncinula*, *Uncinuliella*)

Golovinomycetaceae: (U. Braun) U. Braun & S. Takam. (Braun & Takamatsu 2000) mit dem Subtribus *Neoerysiphinae* (U. Braun) U. Braun & S. Takam. (Braun & Takamatsu 2000) [eine Gattung: *Neorysiphe*], Subtribus *Golovinomycetinae* [eine Gattung: *Golovinomyces*], Subtribus *Arthrocladiellinae* (R.T.A. Cook et al.) U. Braun & S. Takam. (Braun & Takamatsu 2000) [eine Gattung: *Arthrocladiella*]

Cystothecaceae: (Katumoto) U. Braun (Braun 1987) mit Subtribus *Cystothecinae* [zwei Gattungen: *Cystotheca*, *Podosphaera emend.* (inkl. *Sphaerotheca*)], Subtribus *Sawadaeinae* (U. Braun) U. Braun & S. Takam. (Braun & Takamatsu 2000) [eine Gattung: *Sawadaea*]

Phyllactinieae: (Palla) R.T.A. Cook et al. (in Braun 1999) [vier Gattungen: *Leveillula*, *Phyllactinia*, *Pleochaeta*, *Queirozia*]

Blumerieae: R.T.A. Cook et al. (Cook et al. 1997) [eine Gattung: *Blumeria*]

Unbenannt [Anamorph *Oidium* subgen. *Microidium* (To-anun et al. 2005)].

Für einige Arten stehen genaue Zuordnungen nach wie vor aus (Braun, 2011).

Entwicklungszyklus von *P. xanthii* und *G. orontii*

Der Lebenszyklus von *P. xanthii* und *G. orontii* ist typisch für die Echten Mehltaupilze. Landet eine Konidie auf einem Blatt, bildet sie innerhalb weniger Minuten eine adhäsive Matrix, die der Wirtserkennung dient (Daughtrey et al., 2008). Auf einer anfälligen Pflanze keimt die Konidie und bildet einen kurzen Keimschlauch, der in einem differenzierten Haustorium endet. Bei *P. xanthii* keimen die Konidien lateral von der Mitte her, die Keimschläuche sind meist verzweigt und ein deutliches Appressorium ist meist nicht sichtbar (Fulginea-Typ). Der Keimschlauch setzt bei *G. orontii* apikal an einer Ecke an und endet in einem keulenförmigen Appressorium (Cichoracearum-Typ) (Wichura, 2007).

Auf der Unterseite des Appressoriums wird eine kleine Penetrationshyphe gebildet, die durch enzymatische und mechanische Prozesse die Wirtsepidermis durchstößt. In der Epidermiszelle wird ein Haustorium gebildet, über das der Pilz Nährstoffe aus der Pflanze aufnimmt. Das Haustorium kann dabei einfach, verzweigt oder gefingert sein und kommt nicht in direkten Kontakt mit dem Zytoplasma der Wirtszelle (Daughtrey et al., 2008). Nach erfolgreicher Infektion bildet sich eine sekundäre Hyphe, durch deren Verzweigung weitere Hyphen mit weiteren Appressorien und Haustorien entstehen. Die Hyphen sind einkernig, septiert und hyalin bis weißlich. Nach einigen Tagen bilden sich senkrecht auf den Hyphen Konidiophoren, an denen 5-10 Konidien in Ketten gebildet werden. Sind die Konidien reif, werden sie abgeschnürt und durch Wind und Luftbewegungen verbreitet, so dass der Zyklus erneut durchlaufen werden kann (Wichura, 2007, Pérez-Garcia et al., 2009). Die Abschnürung der Konidien folgt einem diurnalem Rhythmus, bei dem die meisten Konidien mittags freigesetzt werden. Der Anamorph ist für die Verbreitung von großer Bedeutung, da die teleomorphe Form auf Kürbisgewächsen nur selten gebildet wird, aber dennoch eine wichtige Rolle bei der Bildung neuer Virulenzgene und Fungizidresistenzen spielt, die die Bekämpfung erschweren (Miazzi et al., 2011).

P. xanthii und *G. orontii* sind heterothallisch, d.h. Fruchtkörper (Chasmothecien) werden nach Verbindung von zwei Hyphen unterschiedlichen Geschlechtstyps gebildet. Das Chasmothecium von *P. xanthii* enthält einen Ascokarp mit 8 Ascosporen, das von *G. orontii* 5-14 Ascokarpe mit jeweils 2 Ascosporen.

Über die Überwinterung der beiden Pathogene ist bisher wenig bekannt. Die Chasmothecien dürften dabei keine bedeutende Rolle spielen. Schepers (1984) vermutet, dass die Ganzjahreskultur von Gurken in Gewächshäusern eine zentrale

Rolle spielt. Möglich ist auch eine Überdauerung von persistenten Hyphen wie Braun (1995) sie für *P. fusca* beschrieben hat. Bei *G. orontii* könnte aufgrund des größeren Wirtspflanzenkreises die Überdauerung auf anderen Wirtspflanzen eine Rolle spielen. Die genetische Diversität der Pathogene beeinflusst auch den Verlauf von Mehltau-Epidemien. Unterschiedliche Individuen oder Isolate variieren in der Sorte der Wirtspflanze, es kommt zur Bildung von Rassen. Eine neue Rasse führt oft zu schweren Ausbrüchen der Krankheit auf Pflanzen, die bis dahin als resistent gegenüber dem Erreger galten (Bowen, 2008).

Epidemiologie

Die Verbreitung durch Luftbewegungen oder den Wind ist in vielen Pathosystemen eine wichtige Form der Ausbreitung (Hau & de Vallavieille-Pope, 1998). Die Echten Mehltaupilze wie die beiden Erreger *P. xanthii* und *G. orontii* gehören zu den sogenannten windbürtigen Krankheiten, die in erster Linie durch Wind und Luftbewegungen verbreitet werden und somit in kurzer Zeit auch größere Distanzen überwinden können. Weniger häufig ist die Verbreitung durch Insekten, Menschen (durch Arbeit im Bestand, Maschinen etc.) oder Wasser.

Eine Krankheit kann sich nur dann entwickeln und ausbreiten, wenn virulente Pathogene und anfällige Wirtspflanzen unter günstigen Umweltbedingungen aufeinandertreffen. Die Ausbreitung einer windbürtigen Krankheit hängt von folgenden Prozessen ab: Konidienproduktion, Konidienverbreitung und der erfolgreichen Infektion durch eine Konidie nach dem Landen auf einem anfälligen Wirt (Zadoks & van den Bosch, 1994). Bei guten Bedingungen können Echte Mehltaupilze nahezu während einer gesamten Anbausaison asexuelle Sporen produzieren, die durch Luft- und Windbewegungen verbreitet werden (Glawe, 2008). Breitet sich ein Pathogen aus und infiziert viele Individuen einer Population über eine größere Fläche und in einem relativ kurzen Zeitraum, spricht man von einer Epidemie. Diese wird dann bedeutend, wenn ein sozialer oder wirtschaftlicher Schaden entsteht. Eines der bekanntesten Beispiele hierfür ist die Kartoffelkrautfäule in Irland in den 40er Jahren des 19. Jahrhunderts (Bowen, 2008).

Der Verlauf einer Epidemie wird beeinflusst durch die Wechselwirkungen zwischen den Populationen von Wirtspflanzen und Krankheitserregern unter dem Einfluss von Umweltfaktoren und Eingriffen des Menschen. Diese werden im sogenannten Krankheitsviereck beschrieben (Kranz, 1996). Durch die interagierenden

Komponenten des Krankheitsvierecks entwickeln sich Epidemien in Zeit und Raum, deren Intensität davon abhängt wie optimal die Synchronisation der Faktoren ist (Kranz, 1996).

Mathematische Modelle dienen der Beschreibung der Interaktionen zwischen Pathogenen, Wirtspflanzen und Umweltfaktoren, die den Verlauf der Epidemie in Raum und Zeit bestimmen (Campbell & Madden, 1990). Die Wahl bzw. Entwicklung eines passenden Modells für bestimmte Pathosysteme dient dem Vergleich von Epidemien sowie der Vorhersage des Krankheits- bzw. Befallsverlaufs und der damit besseren Einschätzung und Bewertung von Pflanzenschutzmaßnahmen (Campbell & Madden, 1990; Madden et al., 2007).

Die Modellierung und Entwicklung von Vorhersagenmodellen verschiedener Pathosysteme hat in den letzten 2 Jahrzehnten an Bedeutung und Forschungsintensität aufgrund der Wichtigkeit für ein ökologisch und wirtschaftlich verbessertes Pflanzenschutzmanagement zugenommen. Die Kraut- und Knollenfäule der Kartoffel wurde 1876 als erste epidemische Pflanzenkrankheit beschrieben (Hoffmann et al. 1994). Verhulst beobachtete bereits 1838 einen S-förmigen Wachstumsverlauf bei menschlichen Populationen und beschrieb diese mit einer logistischen Formel (Hoffmann et al. 1994). Es folgten Analysen von Wachstumskurven, erst später auch von Gradienten, die Entwicklung von empirischen und analytischen Modellen sowie von Simulationsmodellen zur Beschreibung von Epidemien in verschiedenen Pathosystemen (Campbell & Madden, 1990; Hau, 1990, Madden et al., 2007). Modelle dienen der Beschreibung von Krankheitsverläufen und der Vereinfachung der Realität und Darstellung komplexer Zusammenhänge (Van Maanen & Xu, 2003). Die im Modell enthaltenen Parameter sind Konstanten, die a priori nicht bekannt sind, aber aus den Daten geschätzt werden. Dabei lassen sich viele monozyklische Krankheiten meist mit dem monomolekularen Modell beschreiben, während polyzyklische Krankheiten meist mit logistischen, exponentiellen oder dem Gompertz Modell zu beschreiben sind. Oft werden die zeitliche und die räumliche Entwicklung einer Krankheit getrennt betrachtet. Die Befallsgradienten können zum Beispiel mit einem logistischen Modell, das von Madden et al. (2007) für Gradienten des Bohnenrostes verwendet wurde, oder dem Potenz-Modell, das für Gradienten des Echten Mehltaus in Weizen von Fried et al. (1979) entwickelt wurde, beschrieben werden.

Berger & Luke (1979) waren die ersten, die beide Aspekte miteinander verbunden und mit Isopfaden die Ausbreitungsgeschwindigkeit einer bestimmten Befallsstärke beschrieben haben. Ein Isopfad ist eine Linie gleicher Befallsstärke, die Isopfadgeschwindigkeit die Geschwindigkeit z.B. in m/Tag, mit der sich eine bestimmte Befallsintensität im Bestand ausbreitet. Diese liegt zwischen 0,2 m/Tag (*Pseudocercospora herpotrichoides*), 2 m/Jahr (Tomaten-Ringflecken-Virus) und 4 m/Tag (*Phytophthora infestans*) (Minogue, 1986). Danos et al. (1984) berechneten Gradienten zu verschiedenen Zeitpunkten und betrachteten die Steigung der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit.

In Kapitel 1 dieser Dissertation wird die regionale Verbreitung von *P. xanthii* und *G. orontii* in Deutschland dargestellt. Dazu wurden in den Jahren 2008-2011 bundesweit Blattproben von befallenen Kürbisgewächsen (Gurke, Kürbis, Zucchini) aus dem Gewächshaus und dem Freiland gesammelt und im Labor ausgewertet.

Die Kapitel 2 und 3 beschäftigen sich mit der Dynamik der Gradienten des Echten Gurkenmehltaus im Gewächshaus. In Kapitel 2 wird die Befallsstärke auf den unteren Blättern der Pflanzen (bis 50 cm über Substratoberfläche) ausgewertet, ohne die durch das Wirtswachstum neu hinzukommende unbefallene Blattfläche zu berücksichtigen. In 3 Versuchen wurde an jeweils 9-10 Boniturterminen die Befallsstärke der Blätter bonitiert und die Dynamik der Gradienten mit einem Modell beschrieben sowie die Isopfadgeschwindigkeit für verschiedene Befallsstärken ermittelt.

Im Kapitel 3 wird die Dynamik von Gradienten des Echten Mehltaus bei gleicher Vorgehensweise in denselben Versuchen untersucht, aber im Vergleich zu Kapitel 2 auf der Gesamtpflanze, d.h. die neu hinzukommende Blattfläche und deren Einfluss auf die Befallsstärke wird berücksichtigt.

Literaturverzeichnis

Berger, R.D. & H.H. Luke 1979. Spatial and temporal spread of oat crown rust. *Phytopathology* 69: 1199-1201

Bowen, K.L. 2008. Plant Disease Epidemiology. *In*: Trigiano, R.M., Windham, M.T., Windham, A.S. 2008. *Plant Pathology - Concepts and Laboratory Exercises*. 2nd Edition. CRC Press, Boca Raton, S. 371-386

Braun, U. 1987. A monograph of the Erysiphales (powdery mildews). *Beih. Nova Hedw.* 89: 1-700

Braun, U. 1995. *The Powdery Mildews (Erysiphales) of Europe*. Gustav Fischer Verlag, Jena

Braun, U. 1999. Some critical notes on the classification and generic concept of the Erysiphaceae. *Schlechtendahlia* 3: 48-54

Braun, U. 2011. The current systematics and taxonomy of the powdery mildews (Erysiphales): an overview. *Mycoscience* 52: 210-212

Braun, U., R.T.A. Cook, A.J. Inman, H.D. Shin. 2002. The taxonomy of the powdery mildew fungi. *In*: Bélanger, R.R., W.R. Bushnell, A.J. Dik, T.L.W. Carver (eds.). *The Powdery Mildews – A comprehensive treatise*. APS Press, St. Paul, Minnesota, 13-55

Braun, U., N. Shishkoff, S. Takamatsu. 2001. Phylogeny of *Podosphaera* sect. *Sphaerotheca* subsect. *Magnicellulatae* (*Sphaerotheca fuliginea* auct. S.lat.) inferred from rDNA ITS sequences – a taxonomic interpretation. *Schlechtendahlia* 7: 45-52

Campbell, C.L. & L.V. Madden. 1990. *Introduction to Plant Disease Epidemiology*. John Wiley & Sons, New York

Cook, R.T.A., U. Braun. 2009. Conidial germination patterns in powdery mildews. *Mycological Research* 101: 616-636

Cook, R.T.A., A.J. Inman, C. Billings. 1997. Identification and classification of powdery mildew anamorphs using light and scanning electron microscopy and host range data. *Mycological Research* 113: 975-1002

Daayf, F., A. Schmitt, R.R. Bélanger. 1995. The effects of plant extracts of *Reynoutria sachalinensis* on powdery mildew development and leaf physiology of long English cucumber. *Plant Disease* 79: 577-580

Danos, E., R.D. Berger. 1984. Temporal and spatial spread of citrus canker within groves. *Phytopathology* 74: 904-908

Daughtrey, M.L., K.T. Hodge, N. Shishkoff. 2008. The powdery mildews. *In*: Trigiano, R.M., Windham, M.T., Windham, A.S. 2008. *Plant Pathology - Concepts and Laboratory Exercises*. 2nd Edition. CRC Press, Boca Raton, S. 131-141

Del Pino, D., L. Olalla, A. Pérez-García, M.E. Rivera, S. García, R. Moreno, A. de Vicente, J.A. Torés. 2002. Occurrence of races and pathotypes of cucurbit powdery mildew in southeastern Spain. *Phytoparasitica* 30: 459-466

Fried, P.M., D.R. McKenzie, R.R. Nelson. 1979. Dispersal gradients from a point source of *Erysiphe graminis* f.sp. *tritici* on Chancellor winter wheat and four multilines. *Phytopathologische Zeitschrift* 95: 140-150

Fritz, D., W. Stolz. 1980. *Erwerbsgemüsebau*. Ulmer-Verlag, Stuttgart

Glawe, D.A. 2008. The powdery mildews: a review of the World's most familiar (yet poorly known) plant pathogens. *Annual Review of Phytopathology* 46: 27-51

Hau, B. 1990. Analytical models of plant disease in a changing environment. *Annual Reviews of Phytopathology* 28: 221-245

Hau, B., C. de Vallavieille-Pope. 1998. Wind-dispersed diseases. *In*: Jones, G. 1998. *The Epidemiology of Plant Diseases*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht

Hibbett, D.S., M. Binder et al.. 2007. A higher-level phylogenetic classification of the Fungi. *Mycological Research* 111: 509-547

Hoffmann, G.M., F. Nienhaus, H.M. Poehling, F. Schönbeck, H.C. Weltzien, H. Wilbert. 1994. *Lehrbuch der Phytomedizin*. 3. Auflage Parey Verlag, Berlin & Hamburg

Koch, E., E. Moll, A. Schmitt, C. Seifried. 2012. Echter Gurkenmehltau – Erreger, Regulierungsmöglichkeiten und Vorstellung einer Webanwendung zur Befallsbonitur. *Journal für Kulturpflanzen* 65(4): 162-168

Kranz, J. 1996. *Epidemiologie der Pflanzenkrankheiten*. Ulmer-Verlag, Stuttgart

Křístková, E.A., A. Lebeda, B. Sedláková. 2007. Temporal and spatial dynamics of powdery mildew on cucurbits in the Czech Republic. *Acta Horticulture* 731: 337-343

Krug, H., H.-P. Liebig, H. Stützel. 2003. *Gemüseproduktion*. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

Lebeda, A., B. Mieslerová. 2011. Taxonomy, distribution and biology of lettuce powdery mildew (*Golovinomyces cichoracearum* sensu stricto). *Plant Pathology* 60: 400-415

Lebeda, A., B. Sedláková, E. Křístková. 2004. Distribution, harmfulness and pathogenic variability of cucurbit powdery mildew in the Czech Republic. *Acta fytotechnica et zootechnica* 7, Special number, proceedings of the XVI. Slovak and Czech Plant Protection Conference at Slovak Agricultural University in Nitra, Slovakia

Lebeda, A., E. Křístková, B. Sedláková, M.D. Coffey, J.D. Mc Creight. 2011. Gaps and perspectives of pathotype and race determination in *Golovinomyces cichoracearum* and *Podosphaera xanthii*. *Mycoscience* 52: 159-164

Lindner, U., B. Billmann. 2006. *Planung, Anlage und Auswertung von Versuchen im ökologischen Gemüsebau*. Forschungsinstitut für biologischen Landbau. Frick (Schweiz) und Frankfurt a. Main

Madden, L.V., G. Hughes, F. van den Bosch. 2007. The Study of Plant Disease Epidemics. APS Press. St. Paul, MN.

Miazzi, M., C. Laguardia, F. Faretra. 2011. Variation in *Podosphaera xanthii* on cucurbits in Southern Italy. *Journal of Phytopathology* 159: 538-545

Minogue, K.P. & W.E. Fry. 1983. Models for the spread of disease: some experimental results. *Phytopathology* 73: 1173-1176

Pérez-García, A., D. Romero, D. Fernández-Ortuno, F. López-Ruiz, A. de Vicente, J.A. Torés. 2009. The powdery mildew fungus *Podosphaera fusca* (Syn.: *Podosphaera xanthii*), a constant threat to cucurbits. *Molecular Plant Pathology* 10(2): 153-160

Reuveni, M. V. Agapov, R. Reuveni. 1996. Controlling powdery mildew caused by *Sphaerotheca fuliginea* in cucumber by foliar sprays of phosphate and potassium salts. *Crop Protection*. Vol. 15: 49-53

Schepers, H.T.A.M. 1984. A pattern in the appearance of cucumber powdery mildew in Dutch glasshouses. *Netherlands Journal of Plant Pathology* 90: 247-256

Shin, H.D., H.J. Lee. 2002. Morphology of penicillate cells in the genus *Phyllactinia* and its taxonomic application. *Mycotaxon* 83: 301-325

Shin, H.D., R.Y. Zheng. 1998. Anamorphic morphology of *Uncinula* and allied genera (I). *Mycotaxon* 66: 243-266

Sitterly, W.R. 1978. Powdery mildews of cucurbits. In: Spencer, D.M. The powdery mildews. Glasshouse Crop Research Institute. Littlehampton, Sussex, England. Academic Press, London, New York, San Francisco

Takamatsu, S., T. Hirata, Y. Sato. 1998. Phylogenetic analysis and predicted secondary structures of the rDNA internal transcribed spacers of the powdery mildew fungi (Erysiphaceae). *Mycoscience* 42: 135-139

Trigiano, R.N., M.T. Windham, A.S. Windham. 2008. Plant Pathology-Concepts and Laboratory Exercises, 2nd Edition. CRC Press, Boca Raton, Florida

Van Maanen, A., M. Xu. 2003. Modelling plant disease epidemics. European Journal of Plant Pathology 109: 669-682

Wichura, A. 2007. Entwicklung einer PCR basierten Methode zur Quantifizierung der Erreger des Echten Gurkenmehltaus, *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii*, in Mischinfektionen. Dissertationsschrift. Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz der Leibniz Universität Hannover

Zadoks, J.C., F. van den Bosch. 1994. On the spread of plant disease: A theory on foci. Annual Review Phytopathology 32: 503-521

Zitter, T.A., D.L. Hopkins, C.E. Thomas. 1996. Compendium of Cucurbit Diseases. St. Paul, APS Press

KAPITEL 1

Verteilung von *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii* an Cucurbitaceen in Deutschland

Einleitung

Podosphaera xanthii und *Golovinomyces orontii* sind die beiden wichtigsten Erreger des Echten Mehltaus auf Kürbisgewächsen in Mitteleuropa. Eine dritte Art, *Golovinomyces cucurbitacearum* ist in Europa noch nicht bestätigt (Wichura, 2007). Die obligat-biotrophen Pilze befallen Blätter, Stängel und vereinzelt Früchte und vermindern durch Reduktion der photosynthetisch aktiven Blattfläche und dem Entzug von Assimilaten den Ertrag und die Qualität der Ernteprodukte. Trotz großer Fortschritte in der Resistenzzüchtung ist der Echte Mehltau insbesondere an Salatgurken noch immer eine wichtige Pflanzenkrankheit (Koch et al., 2012).

Der Echte Mehltau ist eine polyzyklische Krankheit, die sich durch mehrere Generationen pro Jahr/Saison rasch in sich ändernde Umwelt- und Wirtsbedingungen anpassen kann. Křístková et al. (2004) fanden neue Virulenztypen auf zwei *Cucumis melo* Genotypen innerhalb verschiedener *P. xanthii* und *G. orontii* Populationen, obwohl diese Genotypen bisher nicht anfällig waren, *C. melo* nur vereinzelt in Tschechien angebaut wird und der Teleomorph nur selten auf Kürbisgewächsen zu finden ist. Laut dem „Fungizide Resistance Action Committée“ (FRAC, 2013) besteht bei *Sphaerotheca fuliginea* (Synonym: *P. xanthii*) und verwandten Mehltauarten ein hohes Risiko, dass sich Resistenzen gegenüber Fungiziden entwickeln. Für angepasste Pflanzenschutzstrategien und die Resistenzzüchtung sind daher neben der Biologie und Epidemiologie der Erreger auch regionale Verteilungen von Bedeutung.

P. xanthii und *G. orontii* unterscheiden sich in ihrem Wirtspflanzenkreis, den Umweltansprüchen, insbesondere den Temperaturbedürfnissen, und der regionalen Verbreitung (Lebeda et al., 2011) (Tabelle 1).

Tabelle 1: Optimaltemperaturen (Temperaturbereich) epidemiologisch wichtiger Parameter (Bardin, 1996)

	<i>Podosphaera xanthii</i>	<i>Golovinomyces orontii</i>
Keimung	26 °C (20-30 °C)	24 °C (15-30 °C)
Koloniewachstum	24 °C / 26 °C	22 °C / 24 °C
Kürzeste Latenzzeit	26 °C	24 °C
Sporulation	25 °C	18 °C

Miazzi et al. (2011) beschrieben für Süd-Italien zwei Erreger, bestätigten aber nur das Vorkommen von *P. xanthii* und begründeten dies mit der besseren Anpassung an tropische und subtropische Klimate gegenüber *G. cichoracearum* (Syn.: *G. orontii*). In Tschechien wurde dagegen auf 90 % der von Lebeda et al. (2004) untersuchten Pflanzenproben *G. orontii* festgestellt, nur 3 % der Proben waren mit *P. xanthii* infiziert. In den Niederlanden wurden zwar beide Arten beschrieben, aber nur *P. xanthii* gefunden (Schepers, 1984). Pérez-García et al. (2009) beschrieben *P. fusca* (Syn.: *P. xanthii*) als den wichtigsten Erreger des Echten Mehltaus an Kürbisgewächsen sowohl in Spanien als auch weltweit. In Untersuchungen von Del Pino et al. (2002) wurde in Süd-Ost-Spanien auf 139 Isolaten nur *Sphaerotheca fusca* (Syn. *P. xanthii*) gefunden. Nach Lebeda et al. (2011) ist *P. xanthii* vorwiegend in tropischen und subtropischen Gebieten sowie im Gewächshaus zu finden, während *G. orontii* häufiger im Feld bzw. in kühleren Gebieten auftritt.

Bei einer Erhebung zwischen 1995 und 2000 in Deutschland, Italien und Slowenien trat *P. xanthii* allein und in Mischinfektionen auf, während *G. orontii* allein nicht gefunden wurde (Koch et al., 2012).

Diese Arbeit gibt einen Überblick über die Verbreitung der beiden Arten in Deutschland. In den Jahren 2008-2011 wurden dazu bundesweit Blattproben von befallenen Kürbisgewächsen (Gurke, Kürbis und Zucchini) aus dem Gewächshaus und dem Freiland gesammelt und im Labor ausgewertet.

Material & Methoden

Probensammlung

In Zusammenarbeit mit der Landwirtschaftskammer Hannover, den Pflanzenschutzdiensten verschiedener Bundesländer und zahlreichen Gartenbau-Betrieben wurden in den Jahren 2008-2011 mit Echtem Mehltau befallene Blätter von Cucurbitaceen (Gurke, Kürbis und Zucchini) im Freiland und Gewächshaus gesammelt. Die Pflanzen, von denen die Proben stammten, konnten auch mit Fungiziden behandelt sein und/oder von resistenten Sorten stammen.

Die Blätter wurden direkt nach der Entnahme von der Pflanze auf feuchte Tücher gelegt, in einem Plastikbeutel verpackt und möglichst am gleichen Tag an das Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz (IPP) in Hannover verschickt. Eine Übersicht der eingeschickten Proben ist in Tabelle 2 aufgeführt.

Tabelle 2: Anzahl der Proben von 2008-2011, unterteilt in Wirtspflanzen und Gewächshaus oder Freiland

Jahr	Anzahl Proben						Gesamt
	Gurke		Kürbis		Zucchini		
	GH*	FL*	GH*	FL*	GH*	FL*	
2008	14	-	3	7	1	9	34
2009	2	-	-	-	-	-	2
2010	4	1	-	9	1	2	17
2011	19	-	-	6	1	10	36
Gesamt	39	1	3	22	3	21	89

*) GH = Gewächshaus, FL = Freiland

Von jeder Probe wurden folgende Grunddaten erfasst: Ort und Datum der Probenentnahme, Eingangsdatum im IPP, Wirtspflanze, Entnahme im Gewächshaus oder Freiland, Sorte und Züchter der Wirtspflanze, Resistenzeigenschaften der Sorte und mögliche Fungizidbehandlungen. Die Proben, die zeitgleich eintrafen, wurden grundsätzlich getrennt voneinander bearbeitet, um Kreuzkontaminationen zu verhindern.

Auf 9 Proben konnte der Echte Mehltau aufgrund sehr schwachen Befalls, starker Seneszenz der Blätter oder bereits abgestorbener Mehltaukolonien nicht mehr bestimmt werden, so dass mit 80 Proben weitergearbeitet wurde.

Bestimmung der Erreger im Labor

Die Untersuchungen der Blattproben im Labor auf Echten Mehltau-Befall und andere Krankheiten fand jeweils räumlich und zeitlich voneinander getrennt statt. Bei ausreichendem Mehltau-Befall wurden die Blätter über einem Blatt Papier vorsichtig abgeschüttelt und über Nacht auf einem feuchten Tuch in einer geschlossenen Schale bei 22-24 °C inkubiert, um die Bildung neuer Konidien zu fördern. Blätter mit sehr schwachem Befall oder schlecht erhaltene Blätter wurden sofort weiterverarbeitet.

P. xanthii und *G. orontii* lassen sich mikroskopisch anhand verschiedener Merkmale unterscheiden, wie Vorhandensein von Fibrosinkörpern in den Konidien sowie Morphologie von Konidien, Keimschläuchen, Appressorien und der Konidiengröße (Koch et al., 2012). Die wichtigsten morphologischen Merkmale sind in Tabelle 3 beschrieben.

Tabelle 3: Morphologische Merkmale von *P. xanthii*, *G. orontii* und *G. cucurbitacearum* (Braun, 1995; Wichura, 2007)

	<i>Podosphaera xanthii</i>	<i>Golovinomyces orontii</i>	<i>Golovinomyces cucurbitacearum</i>
Konidien	Ellipsoid-ovoid	Ellipsoid-ovoid bis doliiform-subzylindrisch	doliiform-subzylindrisch
Fibrosinkörper	Ja	Nein	Nein
Konidienlänge	24-45 µm (-50)	25-40 µm	18-35 µm
Konidienbreite	14-20 µm (-26)	15-23 µm	12-18 µm
Längen: Breitenverhältnis	Um 1,6	Etwas unter 2	Etwas über 2

Im ersten Schritt wurde mit einem Streifen Tesa-Film vorsichtig etwas Myzel mit Konidien von einer Mehltaukolonie abgenommen, auf einen Objektträger gelegt und mit 1-2 Tropfen einer 3 %igen Kaliumhydroxid-Lösung angefärbt.

Diese Methode dient dem Nachweis von Fibrosinkörpern, die in keimfähigen Konidien von *P. xanthii* vorhanden sind (Bardin et. al, 1999) (Abbildung 2). Wenn Fibrosinkörper erkennbar waren, wurde die Probe *P. xanthii* zugeordnet.

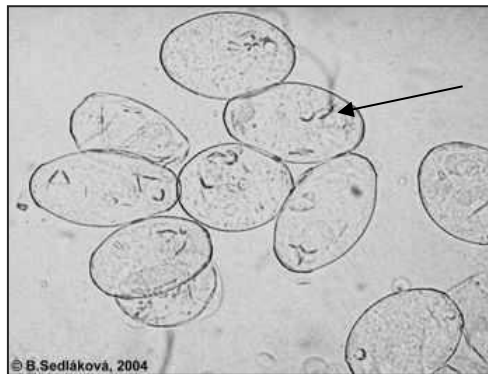


Abbildung 2: Konidien von *P. xanthii* mit Fibrosinkörpern (Pfeil)
(www.botany.upol.cz, August 2014)

Wenn keine Fibrosinkörper in den Konidien einer Probe erkennbar waren, folgte im nächsten Schritt die Bestimmung der Form und des Keimtypus der Konidien bei 400facher Vergrößerung unter dem Binokular.

Die Konidien von *P. xanthii* sind ellipsoid-ovoid bis doliiform und gehören zum Fuliginea-Keimtypus, d.h. sie keimen lateral von der Mitte her (Abbildung 3 A), die Keimschläuche sind häufig verzweigt. Die Appressorien sind meist nicht sichtbar (Cook & Braun, 2009; Wichura, 2007).

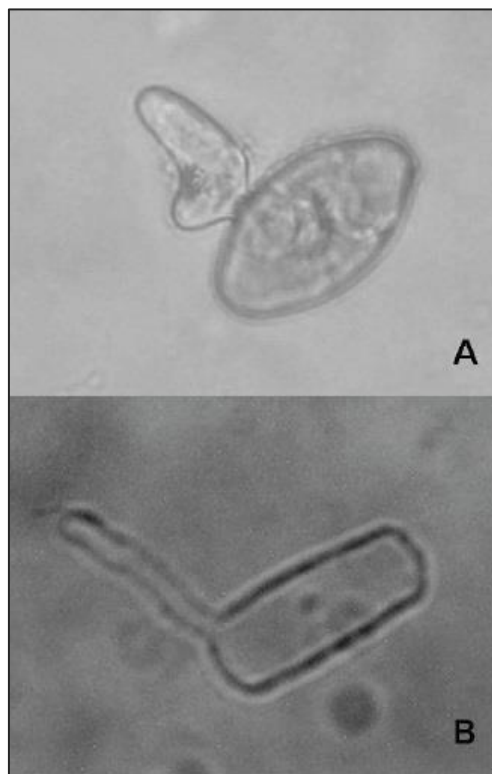


Abbildung 3: Konidien mit Keimschläuchen A: *P. xanthii* B: *G. orontii*
(www.scielo.br, Dezember 2014)

Die Konidien von *Golovinomyces* sp. sind zylindrisch mit abgerundeten Ecken (Abbildung 4), die Keimschläuche setzen apikal an einer Ecke an und enden in einem keulenförmigen Appressorium (Abbildung 3 B). Braun (1995) bezeichnet diesen Keimmodus als Cichoracearum-Typ. Waren diese Kriterien eindeutig, wurden die jeweiligen Proben einer der beiden Gattungen zugeordnet.



Abbildung 4: Konidien von *G. orontii*
(www.plantmanagementnetwork.org, August 2013)

Da die Konidienform innerhalb einer Gattung sehr variabel war und nur an wenigen Konidien Keimschläuche vorhanden waren, wurden bei 52 Proben zur Bestimmung des Erregers die Konidien in Länge und Breite vermessen und daraus zusätzlich das Längen-/Breitenverhältnis bestimmt.

Mit einem Streifen Tesa-Film wurde etwas Myzel mit Konidien von einer gut sporulierenden Kolonie abgenommen und auf einen Objektträger in einen Tropfen Leitungswasser gelegt. Es wurde kein Aqua dest. verwendet, da sich die Konidien sonst durch Osmose schnell in Form und Größe veränderten.

Jeweils 50 Konidien der 52 Proben wurden bei 400facher Vergrößerung unter dem Binokular mit einem Okular-Messplättchen in Länge und Breite vermessen und daraus das Längen-Breiten-Verhältnis berechnet.

Ergebnisse

Anzahl der Proben aus Gewächshaus und Freiland

In den Jahren 2008 bis einschließlich 2011 wurden in 12 Bundesländern 89 Blattproben von Cucurbitaceen (Gurke, Kürbis, Zucchini) gesammelt, von denen 80 ausgewertet werden konnten.

Im Gewächshaus-Anbau ist die Salatgurke mit rund einem Drittel der Unterglas-Erntemenge (in dt/ha) die zweitwichtigste Kultur nach Tomate. Dementsprechend kamen 39 der 45 Gewächshaus-Proben von Gurken und nur jeweils 3 von Kürbis und Zucchini. Im Freiland ist der Flächenanteil von Gurke, Kürbis und Zucchini an der gesamten Gemüseanbaufläche gering (5,8 %). Davon entfielen nur 3 % auf Gurke und 97 % auf Kürbis und Zucchini (www.destatis.de, Dezember 2014). Entsprechend verteilten sich die eingegangenen Freiland-Proben auf Gurke (1x), Kürbis (22x) und Zucchini (21x).

Trotz der sehr unterschiedlichen Flächenanteile an der Gesamt-Gemüseproduktion, verteilten sich die Proben nahezu gleich auf Gewächshaus (45) und Freiland (44) (Tabelle 4).

Tabelle 4: Herkunft und Wirtspflanzen der Proben

Wirtspflanze	Gewächshaus	Freiland	Gesamt
Gurke	39	1	40
Kürbis	3	22	25
Zucchini	3	21	24
Gesamt	45	44	89

Im ersten Versuchsjahr 2008 sind 34 Proben eingegangen, von denen auf 27 die Mehltau-Gattungen bestimmt werden konnten. Die erste Probe wurde am 26.05.2008 von Gurke im Gewächshaus entnommen, die erste Probe vom Freiland am 02.07.2008 von Zucchini. Die letzten befallenen Blätter kamen am 22.09.2008 aus dem Gewächshaus von Zucchini und am 24.09.2008 von Freiland-Kürbis.

Im Jahr 2009 wurden nur 2 Proben eingeschickt, die am 09.06. bzw. 15.06.2009 jeweils im Gewächshaus von Gurke genommen wurden.

Im Jahr 2010 begann die Probensammlung etwas später. Die erste der 17 Proben wurde am 22.06.2010 von Zucchini aus dem Gewächshaus geschickt, die erste Freiland-Probe am 06.08.2010 von Kürbis. Am 30.09.2010 kamen die letzten befallenen Blätter vom Freiland von Kürbis, die letzte Probe aus dem Gewächshaus von Gurke am 20.10.2010. Auf einer Probe konnte der Echte Mehltau nicht mehr bestimmt werden.

Von insgesamt 36 Proben im Versuchsjahr 2011 konnten auf 35 die Mehltau-Gattungen bestimmt werden. Die erste Probe aus einem Gewächshausversuch mit Gurken am IPP wurde am 26.03.2011 untersucht. Am 04.07.2011 wurde die erste Probe vom Freiland (Zucchini) eingeschickt. Die letzten Proben kamen am 20.10.2011 aus dem Gewächshaus (Gurke, Zucchini) und vom Freiland (Zucchini).

Mit 20 bzw. 14 Proben waren Niedersachsen und Brandenburg am häufigsten vertreten (Abbildung 5). Im Gewächshaus trat der Echte Mehltau bedingt durch den früheren Anbau bereits im Frühjahr auf, im Freiland erst rund 2 Monate später.

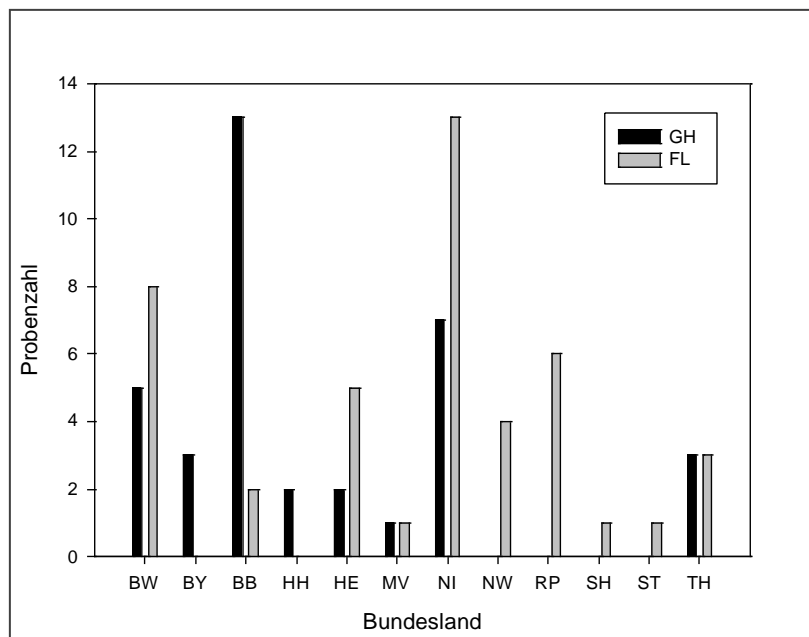


Abbildung 5: Herkunft der Proben (2008-2011) nach Bundesländern und Anbauform (BW: Baden-Württemberg, BY: Bayern, BB: Brandenburg, HH: Hansestadt Hamburg, HE: Hessen, MV: Mecklenburg-Vorpommern, NI: Niedersachsen, NW: Nordrhein-Westfalen, RP: Rheinland-Pfalz, SH: Schleswig-Holstein, ST: Sachsen-Anhalt, TH: Thüringen)

Sortenspektrum der Wirtspflanzen

Von 40 eingeschickten Gurken-Proben waren 8 ohne Angabe der Sorte, die übrigen 32 Proben kamen von 20 verschiedenen Sorten. Häufiger vertreten waren die Sorten Bornand F1 (Nunhems, 6x), Confida (Rijk Zwaan, 3x) und Roxanna (Rijk Zwaan, 3x). Alle übrigen Proben verteilten sich gleichmäßig auf die anderen Sorten.

Neun der 25 Proben von Kürbis waren ohne Sortenangabe, 16 Proben kamen von 14 unterschiedlichen Sorten. Ähnlich waren die Ergebnisse bei den Zucchini-Proben. Von 24 Proben waren 15 ohne Angabe der Sorte, die übrigen verteilten sich auf 9 verschiedene Sorten.

Bestimmung der Mehltau-Gattungen

Zur Bestimmung der Gattungen wurden die morphologischen Merkmale Fibrosinkörper, Konidienform, Ort der Keimschlauchbildung und Größe der Konidien genutzt. Auf 80 von 89 eingeschickten Proben konnte die Gattung bestimmt werden. Im Folgenden beziehen sich die Angaben daher auf diese 80 ausgewerteten Proben.

Merkmal Fibrosinkörper

Fibrosinkörper konnten durch Anfärben mit einer 3 %igen Kaliumhydroxid-Lösung in keimfähigen *P. xanthii*-Konidien sichtbar gemacht werden. Dreizehn Proben konnten so direkt *P. xanthii* zugeordnet werden. Konidien ohne sichtbare Fibrosinkörper wurden nicht automatisch der Gattung *Golovinomyces* spp. zugeordnet, da Fibrosinkörper in älteren, nicht mehr keimfähigen Konidien nicht erkennbar sind.

Merkmale Konidienform und Keimschlauch

Die Konidienform ist ein typisches Unterscheidungsmerkmal der Echten Mehltaupilze (Bardin et. al, 1999; Lebeda et. al, 2004). Ellipsoid-ovoide Konidien, die lateral von der Mitte aus keimten, wurden *P. xanthii* zugeordnet. Proben mit doliiform-subzylindrischen Konidien mit Keimschläuchen, die apikal an einer Ecke ansetzten, wurden *G. orontii* zugeordnet. In einzelnen *P. xanthii*-Proben und in den Proben mit Mischinfektionen waren auch runde oder sehr große Konidien zu finden.

Dreizehn Proben konnten diesen Merkmalen nach *G. orontii* und jeweils eine Probe *P. xanthii* und einer Mischinfektion zugeordnet werden.

Konidiengröße

Die Konidienform war innerhalb einer Gattung z.T. variabel und zur Absicherung der Zuordnung zu einer Gattung wurden die Konidien von 52 Proben zusätzlich unter dem Binokular in Länge und Breite vermessen. Zum Größenvergleich wurden die Isolate, die *P. xanthii* bereits aufgrund des Vorhandenseins sein von Fibrosinkörpern zugeordnet wurden, ebenfalls vermessen.

Jeweils 50 Konidien jeder Probe wurden unter dem Mikroskop bei 400-facher Vergrößerung in Länge und Breite ausgemessen und daraus das Längen-/Breitenverhältnis berechnet (Tabelle A- 2). Gemeinsam mit den Kriterien Konidienform und Keimschlauch konnten die Proben so eindeutig einer Gattung zugeordnet werden.

P. xanthii und *G. orontii* unterscheiden sich in Länge und Breite sowie dem Längen-Breiten-Verhältnis (Tabelle 3), wobei sich durch die Variabilität innerhalb der Gattungen Überschneidungen ergaben.

Anhand der beschriebenen morphologischen Merkmale konnte *G. orontii* auf 31 Proben, *P. xanthii* auf 13 und Mischinfektionen auf 8 Proben festgestellt werden (Tabelle 5).

Tabelle 5: Mittlere Konidiengröße (\pm SE, in μm)

\varnothing Länge (μm)	\varnothing Breite (μm)	\varnothing L:B	Erreger	Anzahl Proben
32,46 \pm 1.79	19,56 \pm 1.23	1,66 \pm 0,01	<i>Podosphaera xanthii</i>	13
32,85 \pm 1.88	17,79 \pm 1.04	1,85 \pm 0,02	<i>Golovinomyces orontii</i>	31
34,07 \pm 1.54	18,70 \pm 1.31	1,82 \pm 0,05	<i>P. xanthii</i> + <i>G. orontii</i>	8

Die Konidien, die *P. xanthii* zugeordnet wurden, waren im Durchschnitt 1,77 μm breiter als die von *G. orontii*. Der Unterschied in der Länge war nicht deutlich, aus den Messungen ergab sich ein Längen/Breitenverhältnis von 1,66 bei den *Podosphaera*-Isolaten respektive 1,85 bei den *Golovinomyces*-Isolaten. Diese Ergebnisse stimmen mit den Angaben von Braun (1995) überein. Auffällig längere Konidien waren in den Mischinfektionen zu finden, bei einer Konidienbreite und einem Längen-Breitenverhältnis, das zwischen den reinen Isolaten lag. Auch Wichura (2007) zeigte Unterschiede in der Konidienform und -größe in Mischinfektionen mit beiden Erregern.

Anhand der untersuchten morphologischen Merkmale konnten 27 Proben *P. xanthii*, 44 Proben *G. orontii* und 9 Proben Mischinfektionen (*P. xanthii*/*G. orontii*) zugeordnet werden. Zehn der *G. orontii*-Proben könnten aufgrund ihres Längen-/Breitenverhältnisses möglicherweise *G. cucurbitacearum* zugeordnet werden.

Betrachtete man die Konidiengröße auf den verschiedenen Wirtspflanzen, zeigten sich innerhalb der Mehltau-Gattungen keine Unterschiede in Länge, Breite und dem Längen-/Breitenverhältnis zwischen den Proben von Gurken, Kürbis und Zucchini (Tabelle 6).

Tabelle 6: Größe der Konidien auf verschiedenen Wirtspflanzen

Ø Länge (µm)	Ø Breite (µm)	Ø L:B	Erreger	Wirt	Anzahl
32,40 ± 0,326	19,47 ± 0,215	1,67 ± 0,080	<i>P. x.</i>	Gurke	11
32,83 ± 0,310	20,07 ± 0,192	1,64 ± 0,050	<i>P. x.</i>	Kürbis	2
34,63 ± 0,325	17,77 ± 0,202	1,95 ± 0,040	<i>G. o.</i>	Gurke	6
31,58 ± 0,320	17,59 ± 0,202	1,80 ± 0,010	<i>G. o.</i>	Kürbis	10
33,00 ± 0,321	17,92 ± 0,186	1,84 ± 0,070	<i>G. o.</i>	Zucchini	15
34,82 ± 0,284	18,79 ± 0,202	1,85 ± 0,045	<i>G. o./P. x.</i>	Gurke	4
33,17 ± 0,292	19,04 ± 0,259	1,74 ± 0,067	<i>G. o./P. x.</i>	Kürbis	2
33,48 ± 0,072	18,18 ± 0,229	1,84 ± 0,007	<i>G. o./P. x.</i>	Zucchini	2

Die Konidien von 10 Isolaten hatten ein L:B-Verhältnis um 2,0 (Tabelle 7). Diese Isolate stammten von Gurken, Kürbis und Zucchini, sowohl aus dem Gewächshaus als auch vom Freiland. Möglicherweise können diese Isolate *G. cucurbitacearum* zugeordnet werden. Nach Braun (1995) und Vakalounakis & Klironomou (2001) sind die Konidien von *G. cucurbitacearum* mit einem Durchschnitt unter 15 µm schmaler als die von *G. orontii* und weisen ein Längen/Breitenverhältnis um 2 auf.

Tabelle 7: Mittlere Konidienabmessungen der *Golovinomyces*-Isolate mit einem L/B-Verhältnis > 1,9

Isolat	Ø Länge	Ø Breite	Ø L:B
6.1 GK	33,70	15,66	2,15
10 GZ	34,22	17,40	1,97
57 GG	33,85	17,25	1,96
60 GZ	33,55	16,50	2,03
61 GG	32,40	16,80	1,93
70 GG	35,35	18,55	1,91
77 GG	35,29	17,79	1,98
79 GG	36,04	17,79	2,05
85 GK	36,05	19,01	1,90
87 GZ	35,35	18,55	1,91

Geographische Verteilung von *P. xanthii* und *G. orontii*

P. xanthii und *G. orontii* traten in allen genannten Bundesländern auf, jedoch mit regional großen Unterschieden (Abbildung 6).

P. xanthii wurde vorwiegend im Norden und Osten Deutschlands (Niedersachsen, Brandenburg, Thüringen) gefunden, sowohl im Gewächshaus als auch im Freiland. Achtzig Prozent der untersuchten Isolate kamen aus diesen 3 Bundesländern. Insbesondere in Gebieten mit großflächigem Gurkenanbau in Gewächshäusern (nordwestliches Niedersachsen) war *P. xanthii* auch auf Freiland-Proben zu finden.

Im Süden und Westen Deutschlands (Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen) trat nahezu ausschließlich *G. orontii* auf. In Baden-Württemberg konnte auch auf den Gewächshausproben, bis auf eine Ausnahme, nur *G. orontii* festgestellt werden. Die Proben aus Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen kamen alle vom Freiland und waren bis auf Ausnahme von 2 Proben mit Mischinfektionen mit *G. orontii* befallen.

In Hessen wurde auf Freiland-Proben 3 x *G. orontii* und 2 x *P. xanthii* festgestellt. Mischinfektionen befanden sich auf 2 Gewächshausproben.

Die geringe Probenanzahl aus Bayern, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein ließ keine Rückschlüsse auf die geographische Verbreitung der Erreger in diesen Bundesländern zu.

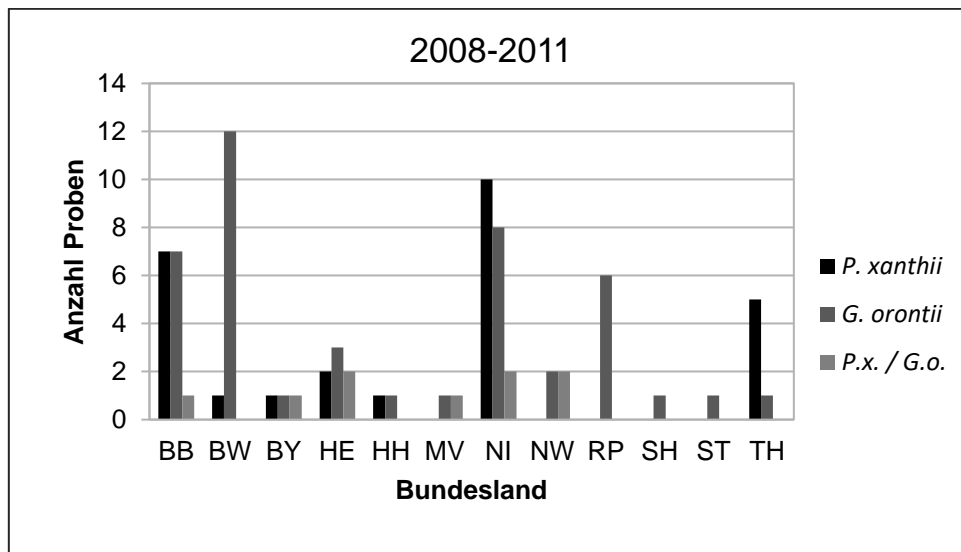


Abbildung 6: Häufigkeit der Erreger je Bundesland

Verteilung der Erreger in Gewächshaus und Freiland

Podosphaera xanthii gilt als der dominierende Erreger des Echten Gurkenmehltaus im Gewächshaus (Bardin, 1996), ist aber auch im Freiland zu finden. Die Ergebnisse dieser Feldstudie deckten sich mit Beobachtungen aus Frankreich und den Niederlanden.

Von 27 Proben, auf denen *P. xanthii* nachgewiesen wurde, stammten 20 aus dem Gewächshaus, 18 davon von Gurken und jeweils eine von Kürbis und Zucchini (Tabelle 8).

G. orontii gilt als der vorherrschende Erreger im Freiland. Dies konnte im Rahmen dieser Arbeit bestätigt werden. *G. orontii* war auf 31 von 44 Proben aus dem Freiland zu finden, davon 17 x auf Zucchini und 14 x auf Kürbis.

Aufgrund der geringen Anzahl von 9 Proben mit Mischinfektionen beider Erreger, konnte hier keine eindeutige Tendenz abgegeben werden. Mischinfektionen traten an allen Wirtspflanzen auf, sowohl im Gewächshaus als auch im Freiland. Mischinfektionen von Gurken kamen ausnahmslos aus dem Gewächshaus, die Proben mit Mischinfektionen auf Kürbis aus dem Freiland, die beiden Proben von Zucchini je einmal aus dem Gewächshaus und vom Freiland.

Tabelle 8: Verteilung der Erreger in Gewächshaus und Freiland nach Wirtspflanzen

Erreger	Gurke		Kürbis		Zucchini		Gesamt
	GH	FL	GH	FL	GH	FL	
<i>Podosphaera xanthii</i>	18	1	1	3	1	3	27
<i>Golovinomyces orontii</i>	10	-	2	14	1	17	44
<i>P. xanthii</i> / <i>G. orontii</i>	4	-	-	3	1	1	9
Gesamt	32	1	3	20	3	21	80

Fungizidbehandlung und Erhaltung

Von den 80 untersuchten Proben waren 13 mit Fungiziden behandelt. Trotz zum Teil mehrfacher Fungizid-Behandlungen und/oder Verwendung mehrerer Fungizide in Kombination waren auf 8 Proben noch reproduktionsfähige bzw. vitale Konidien vorhanden, die erfolgreich auf Gurkenkotyledonen überimpft werden konnten.

Die verwendeten Fungizide kamen aus den Wirkstoffgruppen der Strobilurine, Azole und Kontaktfungizide. Alle Isolate von Blättern, die mit Azolen behandelt waren, konnten erfolgreich überimpft werden.

Von 3 der 4 behandelten Proben, auf denen *P. xanthii* festgestellt wurde, konnten funktionsfähige Konidien überimpft werden. Alle vier Proben kamen von Gurken aus dem Gewächshaus. Auf 7 behandelten Proben wurde *G. orontii* festgestellt. Drei der Proben kamen von Gurken aus Gewächshäusern. Von zwei dieser Proben konnten Monosporeisolate angelegt werden. Die behandelten Proben aus dem Freiland wurden von Kürbis und Zucchini entnommen. Die Probe von Kürbis konnte nicht erfolgreich überimpft werden, die beiden Isolate von Zucchini wurden in die Erhaltung übernommen.

Auf zwei behandelten Proben wurden Mischinfektionen festgestellt. Von beiden Proben, die von Gurkensorten mit einer intermediären Resistenz gegen Echten Mehltau aus dem Gewächshaus kamen, konnte eine erfolgreich überimpft werden.

Diskussion

Vorgehensweise

Podospaera xanthii und *Golovinomyces orontii* sind die beiden endemischen Erreger des Echten Mehltaus an Kürbisgewächsen in Mitteleuropa. Für eine erfolgreiche Bekämpfung und ein angepasstes Resistenzmanagement sind sowohl Kenntnisse über die Biologie der Schaderreger als auch über deren geografische Verteilung unerlässlich. Beide Arten unterscheiden sich in der Verbreitung aufgrund ihrer Temperaturoptima, in der Pathogenität gegenüber bestimmten Kürbisgewächsen und der Sensitivität gegenüber bestimmten Fungiziden (Bardin et. al, 1999). Vergleichbare Untersuchungen lagen bislang nur aus anderen Ländern, wie den Niederlanden (Schepers, 1984) oder Italien (Miazzi, 2011) vor.

In diesem Monitoring wurden die Erreger auf Kürbisgewächsen an verschiedenen Standorten in Deutschland bestimmt. Mit Unterstützung verschiedener Pflanzenschutzdienste, Landwirtschaftskammern, Betriebe und Privatpersonen wurden in den Jahren 2008-2011 89 mit Echtem Mehltau befallenen Blattproben von Cucurbitaceen (Gurke, Kürbis, Zucchini) aus 12 Bundesländern gesammelt und ausgewertet.

Die Proben wurden direkt nach der Entnahme von der Pflanze verschickt, um sowohl das Blatt und damit auch den Echten Mehltau möglichst schnell bearbeiten zu können. Auf welkenden Blättern stirbt der obligat-biotrophe Echte Mehltau schnell ab, da das wichtige lebende Pflanzengewebe zerstört wird. Der Versand in Plastikbeuteln mit einem feuchten Blatt Papier erwies sich hier als praktikable Methode: 80 der 89 verschickten Proben konnten im Labor untersucht werden.

Bestimmung der Erreger

Zur Bestimmung der Echten Mehltau-Arten wurde die unterschiedliche Konidien-Morphologie von *P. xanthii* und *G. orontii* genutzt. Diese Methode zur Differenzierung ist weit verbreitet, da der Teleomorph auf Kürbisgewächsen nur sehr selten auftritt (Bardin et. al, 1999; Miazzi et al., 2011). Auch Lebeda et al. (2004) bestimmten Mehltauerreger auf Kürbisgewächsen in Tschechien anhand der Konidien. Ab Ende der 1990er Jahre wurden für die Artbestimmung molekularbiologische Methoden und der Rasterelektronenmikroskopie (REM) sowie weitere morphologische Merkmale wie die Position der Konidiophoren auf der Mutterzelle (Shin und Zheng, 1998), die

Gliederung der Konidienketten (Shin und Lee, 2002), Unterschiede der Konidienoberflächen (Cook et al., 1997) und Keimungsmuster der Konidien (Cook & Braun, 2009) genutzt (Braun, 2011). Die Zusammenführung dieser Ergebnisse bestätigte, dass die Beschreibung phylogenetischer Zusammenhänge über die anamorphe Form erfolgen kann (Braun 2011).

Ein eindeutiges Merkmal von *P. xanthii* sind die in keimfähigen Konidien vorhandenen Fibrosinkörper. In 13 Proben waren diese stärkeähnlichen Strukturen nach Anfärben mit einer Kaliumhydroxid-Lösung sichtbar; diese konnten so direkt *P. xanthii* zugeordnet werden. Waren keine Fibrosinkörper vorhanden, wurde im nächsten Schritt die Bestimmung über die Konidienform und den Ort der Keimschlauchbildung vorgenommen.

Auf 15 Proben war die Konidienform eindeutig und Keimschläuche vorhanden, so dass 13 x *G. orontii* festgestellt wurde und jeweils 1 x *P. xanthii* und *P. xanthii* + *G. orontii*. Die Proben, deren Konidienform nicht eindeutig einem Erreger zugeordnet werden konnten oder an denen keine Keimschläuche vorhanden waren, wurden unter dem Binokular in Länge und Breite vermessen. Aus den Werten wurde als zusätzliche Entscheidungshilfe das Länge-/Breitenverhältnis bestimmt. Braun et. al (1995) und Garcia et. al (2009) beschreiben für *P. xanthii* Konidien mit einer Länge zwischen 24-45 (-50) und einer Breite von 14-20 (-26) µm und schmalere Konidien für *G. orontii* mit einer Länge zwischen 25-40 µm und einer Breite von 15-23 µm. Bei beiden Erregern war eine gewisse Variabilität in der Größe vorhanden, so dass das Längen-/Breitenverhältnis bei der Zuordnung ebenfalls berücksichtigt wurde.

Eine Differenzierung einer möglichen zweiten Art (*G. cucurbitacearum*) innerhalb der Gattung *Golovinomyces* auf Kürbisgewächsen allein anhand der morphologischen Charakteristika erwies sich als nicht eindeutig, da die Variabilität der Konidiengröße innerhalb der Gattung *Golovinomyces* recht groß war. Vakalounakis & Klironomou (2001) beschrieben für *G. cucurbitacearum* ein Längen-/Breitenverhältnis um 2 und schmalere Konidien (< 15 µm). Anhand dieser Merkmale könnten 10 Isolate, die ausschließlich von Gurke kamen, einen Hinweis auf eine zweite *Golovinomyces*-Art auf Cucurbitaceen geben.

***P. xanthii* und *G. orontii* in Gewächshaus und Freiland**

Die 80 im Labor ausgewerteten Proben kamen nahezu gleichmäßig aus dem Gewächshaus (38) und vom Freiland (42).

Auf 53 % (20 von 38) der Gewächshaus-Proben wurde *P. xanthii* festgestellt, der damit in Deutschland in den Jahren 2008-2011 der dominierende Erreger im Gewächshaus war, zumal er zusätzlich noch in Mischinfektionen auftrat. *G. orontii* wurde auf 34 % (13 von 38) und Mischinfektionen auf 13 % (5 von 38) der Blattproben festgestellt. In anderen europäischen Ländern wurden ähnliche Verteilungsmuster beobachtet. Nach Schepers (1984) war *P. xanthii* der einzige Erreger an Kürbisgewächsen im Gewächshaus in den Niederlanden und er gilt nach Lebeda et al. (2004) als häufigster Erreger des Echten Mehltaus im Gewächshaus in Deutschland und Mitteleuropa.

P. xanthii hat bei Temperaturen über 26 °C eine deutliche höhere Infektionsrate als *G. orontii*, der bei 28 °C auf 2 Gurkensorten keine Infektion mehr auslösen konnte. Das Koloniewachstum ist bei *P. xanthii* ebenfalls temperaturabhängig mit der höchsten Wachstumsrate bei 24° C, während *G. orontii* im Bereich von 16-24° C ein relativ gleichmäßiges Koloniewachstum zeigte (Ratna-Hadi, 2005). Dies wäre eine Erklärung, warum *P. xanthii* in Frankreich und Griechenland ebenso wie in Süd-Italien sowohl im Gewächshaus als auch im Freiland der dominierende Erreger ist (Miazzi et al., 2011, Vakalounakis et al, 1994).

Eine gewisse Anpassungsfähigkeit an niedrigere Temperaturen zeigt das Auftreten von *P. xanthii* und Mischinfektionen im Freiland in Deutschland. Rund ein Viertel der *P. xanthii*-Proben (7 von 27; 26 %) und knapp die Hälfte der Proben mit Mischinfektionen (4 von 9; 44 %) kamen aus dem Freiland. In Brandenburg, Niedersachsen und Thüringen trat *P. xanthii* sowohl im Gewächshaus als auch im Freiland auf, in einigen Gebieten mit großflächigem Gurkenanbau im Gewächshaus auch häufiger als *G. orontii* (Nordwestliches Niedersachsen). In Brandenburg traten beide Erreger zu gleichen Teilen im Gewächshaus auf. In Baden-Württemberg und Rheinland-Pfalz wurde dagegen, mit Ausnahme einer Probe, im Freiland und im Gewächshaus ausschließlich *G. orontii* gefunden.

Im Freiland dominierend war insgesamt dennoch *G. orontii*. Auf 31 von 42 Proben (74 %) wurde dieser Erreger gefunden, nur 7 x *P. xanthii* (17 %) und 4 x Mischinfektionen (9 %).

Auch innerhalb der *G. orontii*-Isolate war eine deutliche Verschiebung zum Freiland erkennbar: 70 % der Isolate kamen vom Freiland, 30 % aus dem Gewächshaus.

Lebeda et al. (2004) untersuchten die Verteilung von *P. xanthii*, *G. orontii* und Mischinfektionen der beiden Pilze an 84 Standorten in Tschechien. *G. orontii* wurde an 89 % der Standorte, *P. xanthii* an 3 % und Mischinfektionen an 8 % gefunden.

Ähnliche Ergebnisse erhielten Křístková et al. (2007) in Untersuchungen in Tschechien, wo *G. orontii* der deutlich häufigere Erreger im Freiland war.

G. orontii wurde aber auch auf rund einem Drittel der Gewächshaus-Proben identifiziert. In Baden-Württemberg und Rheinland-Pfalz wurde, mit Ausnahme einer einzigen Probe, ausschließlich *G. orontii* im Freiland als auch im Gewächshaus gefunden.

Auch an Kürbis und Zucchini aus dem Unterglasanbau wurde *G. orontii* festgestellt.

So liegt grundsätzlich eine ähnliche Verteilung der Erreger im Gewächshaus und Freiland in Mitteleuropa vor. Entsprechend der Temperaturoptima war *P. xanthii* 2008-2011 in Deutschland dominierend im Gewächshaus und *G. orontii* im Freiland. Bedingt durch ihre Anpassungsfähigkeit traten beide Arten in beiden Anbauformen auch unter jeweils eher ungünstigen Bedingungen auf, so dass es regional und saisonal zu Verschiebungen in der Verteilung kommen kann.

***P. xanthii* und *G. orontii* an verschiedenen Wirtspflanzen**

Entsprechend der Verteilung der Wirtspflanzen in Gewächshaus und Freiland verteilten sich die Erreger auf Gurke, Kürbis und Zucchini. *P. xanthii* war der dominierende Erreger im Gewächshaus. Nur ein kleiner Teil der angebauten Kürbisse und Zucchini wurden unter Glas kultiviert, so dass 70 % der *P. xanthii*-Isolate von Gurke kamen, 15 % von Kürbis und 15 % von Zucchini.

Insgesamt wurden 33 Proben von Gurken untersucht, von denen auf 18 *P. xanthii*, auf 10 *G. orontii* und auf 4 Proben Mischinfektionen festgestellt wurden.

Von Kürbis wurden 23 Proben eingeschickt, von denen 3 aus dem Gewächshaus und 20 vom Freiland kamen. *G. orontii* wurde zweimal im Gewächshaus und 14 x im Freiland gefunden (70 % der Proben) und war auf Kürbis deutlich häufiger als *P. xanthii* (15 %) und Mischinfektionen (15 %).

Ähnlich sieht die Verteilung bei Zucchini aus. Nur 3 Proben kamen aus dem Gewächshaus, jeder Erreger bzw. die Mischinfektion war einmal vertreten. Von

Freilandproben konnte 17 x *G. orontii* isoliert werden (80 %), 3 x *P. xanthii* (14 %) und eine Mischinfektion (5 %).

Eine Präferenz der Erreger für Gurke, Kürbis oder Zucchini konnte anhand dieser Ergebnisse aufgrund der Verteilung der Wirtspflanzen nur schwer abgeschätzt werden. Eher ist die Verteilung der Erreger in Gewächshaus und Freiland entscheidend für die Präsenz auf den verschiedenen Pflanzenarten.

Geographische Verteilung von *P. xanthii* und *G. orontii*

In Europa sind verschiedene Verteilungsmuster bekannt. Schepers (1984) beschrieb in den Niederlanden zwei Erreger des Echten Mehltaus: *Erysiphe cichoracearum* (syn. *G. orontii*) und *Sphaerotheca fuliginea* (syn. *P. xanthii*). In einer 3-jährigen Untersuchung zur Distribution der beiden Arten in den Niederlanden wurde aber nur *S. fuliginea* gefunden. Auffällig waren dabei ein früheres Auftreten im Jahr und höhere Wachstumsraten des Echten Mehltaus in Gebieten mit großflächigem Gurkenanbau. In Tschechien wurde auf 104 Blattproben von Kürbisgewächsen zu 89 % *G. orontii* identifiziert, auf nur 3 % der Proben *P. xanthii* und auf 8 % Mischinfektionen (Lebeda et al., 2004). Miazzi et al. (2011) gehen grundsätzlich von einer unterschiedlichen räumlichen Verbreitung von *P. xanthii* und *G. cichoracearum* aufgrund der unterschiedlichen Temperaturoptima aus. *P. xanthii* tritt demnach in subtropischen und warm-gemäßigten Regionen wie Süd-Italien auf, während *G. cichoracearum* dominierend in Mittel-Europa sei. Auch in Frankreich und Griechenland war *P. xanthii* der häufigere Erreger im Gewächshaus und im Freiland (Bardin, 1996, Vakalounakis et al., 1994).

Auch Lebeda et al. (2011) und Křístková et al. (2007) beschrieben *P. xanthii* als dominierenden Erreger in tropischen und subtropischen Regionen, während *G. cichoracearum* häufiger in gemäßigten und kühleren Gebieten auftritt. Unterschiedliche geografische Verteilungen konnten auch in dieser Arbeit gezeigt werden. Die Annahme, dass *P. xanthii* nur in tropischen und subtropischen Gebieten im Freiland verbreitet ist (Lebeda et al. 2011, Miazzi et al. 2011), konnte in dieser Untersuchung nicht bestätigt werden. Im nordwestlichen Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Thüringen wurde *P. xanthii* im Freiland nachgewiesen, zum Teil auch in Mischinfektionen. In Thüringen und dem nordwestlichen Niedersachsen trat er vorwiegend in Gebieten mit großflächigem Gurkenanbau in Gewächshäusern auf.

G. orontii trat hingegen in den eher wärmeren Gebieten Süd-Westdeutschlands auf. In Baden-Württemberg und Rheinland-Pfalz wurde im Freiland und Gewächshaus, mit Ausnahme einer einzigen Probe, ausschließlich *G. orontii* gefunden.

In den italienischen Provinzen Bologna und Mantua wies Pirondi (2013) eine Sukzession von *G. orontii* und *P. fusca* in den Jahren 2010-2012 nach. *G. orontii* verursachte die frühen Infektionen und war bis Mitte Juli der dominierende Erreger, bis er zunehmend weniger wurde und *P. fusca* bis Ende Oktober die wichtigere Art wurde. Eine Verschiebung der Arten aufgrund ihrer Temperaturoptima ist demnach nicht nur räumlich, sondern auch zeitlich möglich. In Brandenburg wurde 2008 auf rund zwei Drittel der Proben *P. xanthii* gefunden, 2011 nur noch auf einem Fünftel der Proben. Vergleicht man die Witterungsdaten für die Monate Juni-August in den Jahren 2008 und 2011, liegt die durchschnittliche Tageshöchsttemperatur im Juli 2011 mit 20.9 °C um 3.2 °C unter der Juli-Durchschnittstemperatur 2008-2011. Dazu gab es Niederschläge, die 2.75mal so hoch waren (217 mm) wie die durchschnittliche Niederschlagsmenge im Juli in den Jahren 2008-2011 (79.2 mm) (de.climate-data.org/location/501281). Die Verschiebung zu *G. orontii* erfolgte möglicherweise durch die deutlich niedrigeren Temperaturen.

Eine Artensukzession, wie bei Pirondi (2013) beschrieben, konnte in dieser Arbeit nicht untersucht werden, da keine Proben von einem Standort zu unterschiedlichen Zeitpunkten innerhalb einer Saison vorlagen. Auffallend war, dass *P. xanthii* in den Versuchsjahren 2008, 2010 und 2011 auf Freiland-Proben erst ab Mitte August auftrat. Auf den früher eingeschickten Proben wurde ausschließlich *G. orontii* identifiziert. Möglicherweise ist es hier während der Saison zu einer Artensukzession gekommen. Eine unterschiedliche Verbreitung der beiden Gattungen aufgrund ihrer unterschiedlichen Temperaturoptima scheint nicht der einzige Faktor für die geografische Verteilung zu sein. Der regional konzentrierte, fast ganzjährige Anbau von Gewächshausgurken ermöglicht *P. xanthii* eine bessere Überdauerung auch in den kühleren Monaten. Aufgrund der kurzen Entwicklungszyklen und daraus resultierenden mehreren Generationen pro Jahr/Anbausaison ist eine schnelle Veränderung und Anpassung der Erreger möglich. Das "Fungicide Resistance Action Committee" (FRAC) ordnet *Sphaerotheca fuliginea* (syn. *P. xanthii*) den Erregern zu, die ein hohes Risiko haben, Resistenzen gegen Fungizide zu entwickeln (FRAC, 2013).

Anhand der hohen Anzahl verschiedener Pathotypen und Rassen wird die Variabilität und Virulenz beider Erreger deutlich (Lebeda et al., 2011). Eine schnelle genotypische Veränderung ermöglicht die Anpassung an verschiedene Standorte, unterschiedlich resistente Wirtspflanzen und Fungizide. Beide Arten haben eine hohe Variabilität in ihrer Pathogenität und Virulenz.

Viele Grundlagen zur Biologie und Verteilung dieser obligat-biotrophen Pilze sind trotz zahlreicher Untersuchungen mit dem Ziel einer besseren Kontrolle des Echten Gurkenmehltaus bislang unbekannt (Pérez-García et al., 2009; Miazzi et al., 2011).

Kenntnisse über die geografische Verteilung und mögliche Artenverschiebungen können dazu beitragen, Pflanzenschutzmaßnahmen zur Regulierung des Echten Gurkenmehltaus anzupassen. Da auch Fungizidresistenzen regional sehr unterschiedlich sein können, ist die Verteilung auch im Hinblick auf die Entwicklung von Resistenzen von Bedeutung (Fernández-Ortuño et al., 2006).

Das Monitoring zur Verteilung von *P. xanthii* und *G. orontii* in Deutschland zeigte, dass beide sowohl im Gewächshaus als auch im Freiland auftreten. *P. xanthii* ist der dominierende Erreger im Gewächshaus, tritt aber insbesondere in Gebieten mit großflächigem Gewächshausanbau auch im Freiland auf. *G. orontii* ist der häufigere Erreger im Freiland. Entgegen Ergebnissen aus anderen Ländern war die Verteilung regional wenig differenziert und beide Erreger waren in den untersuchten Bundesländern zu finden. Lediglich im Süd-Westen Deutschlands (Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz) wurde nahezu ausschließlich *G. orontii* gefunden, obwohl man in dieser eher wärmeren Region vorwiegend *P. xanthii* erwartet hätte.

Literaturverzeichnis

Bardin, M. 1996. Diversité phénotypique et génétique des oidiums des cucurbitacées, *Sphaerotheca fuliginea* et *Erysiphe cichoracearum*. Dissertationsschrift. Université Claude Bernard, Lyon

Bardin, M., J. Carlier, P.C. Nicot 1999. Genetic differentiation in the French population of *Erysiphe cichoracearum*, a causal agent of powdery mildew of cucurbits. Plant Pathology 48: 531-540

Bertrand, F. 1991. Les oidium des cucurbitacées, maintien en culture pure, étude de leur variabilité et de la sensibilité chez le melon. Dissertationsschrift. Université de Paris-Sud, Centre d Orsay

Braun, U. 1995. The Powdery Mildews (Erysiphales) of Europe. Gustav Fischer Verlag, Jena

Braun, U. 2011. The current systematics and taxonomy of the powdery mildews (Erysiphales): an overview. Mycoscience 52: 210-212

Cohen, R. 1993. A leaf disk assay for detection of resistance of melons to *Sphaerotheca fuliginea* race 1. Plant Disease 77: 513-517

Cook, R.T.A., U. Braun. 2009. Conidial germination patterns in powdery mildews. Mycological Research 101: 616-636

Cook, R.T.A., A.J. Inman, C. Billings. 1997. Identification and classification of powdery mildew anamorphs using light and scanning electron microscopy and host range data. Mycological Research 101: 975-1002

Daughtrey, M.L., K.T. Hodge, N. Shishkoff. 2008. The powdery mildews. *In*: Trigiano, R.M., Windham, M.T., Windham, A.S. 2008. Plant Pathology - Concepts and Laboratory Exercises. 2nd Edition. CRC Press, Boca Raton, 131-141

Del Pino, D., L. Olalla, A. Pérez-García, M.E. Rivera, S. García, R. Moreno, A. de Vicente, J.A. Torés. 2002. Occurrence of races and pathotypes of cucurbit powdery mildew in southeastern Spain. *Phytoparasitica* 30: 459-466

Fernández-Ortuño, D., A. Pérez-García, F. López-Ruiz, D. Romero, A. de Vicente, J.A. Torés. 2006. Occurrence and distribution of resistance to QoI fungicides of *Podosphaera fusca* in south central Spain. *European Journal of Plant Pathology* 115: 215-222

FRAC-Fungicide Resistance Action Committee. 2013. FRAC Pathogen Risk List[®] 2014 (adapted from EPPO 2002, FRAC Monograph No. 3, Russell, 2003). France

Koch, E., E. Moll, A. Schmitt, C. Seifried. 2012. Echter Gurkenmehltau – Erreger, Regulierungsmöglichkeiten und Vorstellung einer Webanwendung zur Befallsbonitur. *Journal für Kulturpflanzen* 65: 162-168

Křístková, E.A., A. Lebeda, B. Sedláková. 2007. Temporal and spatial dynamics of powdery mildew on cucurbits in the Czech Republic. *Acta Horticulture* 731: 337-343

Lebeda, A., E. Křístková, B. Sedláková, M.D. Coffey, J.D. Mc Creight. 2011. Gaps and perspectives of pathotype and race determination in *Golovinomyces cichoracearum* and *Podosphaera xanthii*. *Mycoscience* 52: 159-164

Lebeda, A., B. Sedláková, E. Křístková. 2004. Distribution, harmfulness and pathogenic variability of cucurbit powdery mildew in the Czech Republic. *Acta fytotechnica et zootechnica* 7, Special number, proceedings of the XVI. Slovak and Czech Plant Protection Conference at Slovak Agricultural University in Nitra, Slovakia

Miazzi, M., C. Laguardia, F. Faretra. 2011. Variation in *Podosphaera xanthii* on cucurbits in Southern Italy. *Journal of Phytopathology* 159: 538-545

Nicot, P.C., M. Bardin, A.J. Dik. 2002. Basic methods for epidemiological studies of powdery mildews: culture and preservation of isolates, production and delivery of inoculum, and disease assessment. *In*: Bélanger, R.R., W.R. Bushnell, A.J. Dik, T.L.W. Carver (eds). 2002. The Powdery Mildews - A Comprehensive Treatise. APS Press, St. Paul, Minnesota: 83-99

Pérez-García, A., D. Romero, D. Fernández-Ortuno, F. López-Ruiz, A. de Vicente, J.A. Torés. 2009. The powdery mildew fungus *Podosphaera fusca* (Syn.: *Podosphaera xanthii*), a constant threat to cucurbits. *Molecular Plant Pathology* 10: 153-160

Pirondi, A. 2013. Epidemiology and population genetics of *Podosphaera fusca* and *Golovinomyces orontii*, causal agents of cucumber powdery mildew. Dissertationsschrift. Alma Mater Studiorum Università di Bologna.

Ratna-Hadi, B.A. 2005. Interaction between two powdery mildew pathogens (*Podosphaera xanthii* & *Golovinomyces orontii*) on cucumber. MSc-Arbeit. Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Leibniz-Universität Hannover

Schepers, H.T.A.M. 1984. A pattern in the appearance of cucumber powdery mildew in Dutch glasshouses. *Netherlands Journal of Plant Pathology* 90: 247-256

Shin, H.D., H.J. Lee. 2002. Morphology of penicillate cells in the genus *Phyllactinia* and its taxonomic application. *Mycotaxon* 83: 301-325

Shin, H.D., R.Y. Zheng. 1998. Anamorphic morphology of *Uncinula* and allied genera (I). *Mycotaxon* 66: 243-266

Vakalounakis, D.J., E. Klironomou. 2001. Taxonomy of *Golovinomyces* on cucurbits. *Mycotaxon* 80: 489-491

Vakalounakis, D.J., E. Klironomou, A. Papadakis. 1994. Species spectrum, host range and distribution of powdery mildews on Cucurbitaceae in Crete. *Plant Pathology* 43: 813-818

Wichura, A. 2007. Entwicklung einer PCR basierten Methode zur Quantifizierung der Erreger des Echten Gurkenmehltaus, *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii*, in Mischinfektionen. Dissertationsschrift. Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz der Leibniz Universität Hannover

Anhang

Tabelle A- 1: Detailangaben der eingeschickten Proben

Probe	Entnahme- datum	Ort, Bundesland	GH/FL	Wirt	Sorte/Züchter	Resistenz*	Fungizideinsatz (Wirkstoffgruppe nach FRAC**)	Erreger
1	26.05.08	Erfurt, TH	GH	Gurke	Grendel, S & G	IR	nein	n. bestimmt
2	23.05.08	Heidelberg, BW	GH	Gurke	Samona, Rijk Zwaan	k.A.	Switch	n. bestimmt
3	02.06.08	Manschnow, BB	GH	Gurke	Bornand, Nunhems	IR	Euparen, Flint	n. bestimmt
4	05.06.08	Breisach, BW	GH	Kürbis	Halloween Expert F1	k.A.	nein	<i>G. orontii</i>
5	18.06.08	Heubach, BW	GH	Gurke	unbekannt	k.A.	nein	<i>G. orontii</i>
6.1	02.07.08	Buchheim, BW	FL	Zierkürbis	Bicolor Spoon/ Enza Zaden	k.A.	nein	<i>G. orontii</i>
6.2	02.07.08	Fußgönheim, RP	FL	Zucchini	Alister/SG	keine	Score, Collis	<i>G. orontii</i>
6.3	02.07.08	Schauernheim, RP	FL	Kürbis	Sweet Lightning/Hild	k.A.	nein	<i>G. orontii</i>
7	10.08.08	Oedelsheim, HE	FL	Kürbis	unbekannt	k.A.	nein	<i>G. orontii</i>
8	10.08.08	Oedelsheim, HE	FL	Zucchini	unbekannt	k.A.	nein	<i>P. xanthii</i>
9	11.08.08	Gröbzig, ST	FL	Zucchini	Quine, Schwanteland(S&G)	IR	nein	<i>G. orontii</i>
10	13.08.08	Vinnhorst, NI	FL	Zucchini	unbekannt	k.A.	nein	<i>G. orontii</i>
11	12.08.08	Rastede, NI	FL	Zucchini	Gold Rush F1, Kiepenkerl	k.A.	nein	n. bestimmt
12	12.08.08	Uplengen, NI	FL	Zucchini	Black Beauty	k.A.	nein	<i>P. xanthii</i>
13	12.08.08	Uplengen, NI	FL	Kürbis	Benary Rocket	k.A.	nein	<i>P. xanthii</i>
14	20.08.08	Gülzow, MV	FL	Kürbis	Red Küri, Bingenheimer S.	k.A.	nein	<i>G. orontii</i>
15	19.08.08	Gr. Gaglow, BB	GH	Gurke	Bornand / Schwanteland	IR	Div.!	<i>P. xanthii</i>
16	27.08.08	Luthe, NI	FL	Zucchini	unbekannt	k.A.	nein	<i>G. orontii</i>

Kapitel 1: Verteilung von *P. xanthii* und *G. orontii* an Cucurbitaceen in Deutschland

Probe	Entnahmedatum	Ort, Bundesland	GH/FL	Wirt	Sorte/Züchter	Resistenz*	Fungizideinsatz (Wirkstoffgruppe nach FRAC**)	Erreger
17	27.08.08	Liethe, NI	FL	Zucchini	unbekannt	k.A.	nein	<i>P.x./G.o.</i>
18	28.08.08	Küstr. Vorland, BB	GH	Gurke	Exposa /Enza Zaden	k.A.	nein	<i>P. xanthii</i>
19	28.08.08	Lehrte, NI	FL	Zucchini	unbekannt	k.A.	nein	<i>G. orontii</i>
20	02.09.08	Weener, NI	GH	Gurke	Confida, RZ	k.A.	Switch	n. bestimmt
21	02.09.08	Weener, NI	GH	Gurke	Euphoria, Grow Group	k.A.	Score,Switch	n. bestimmt
22	02.09.08	Weener, NI	GH	Gurke	Balance, v.d.Lucht, RZ	IR	Score	n. bestimmt
23	09.09.08	Strubensee, BB	GH	Gurke	Pepinova, S & G	IR	nein	<i>G. orontii</i>
24	09.09.08	Strubensee, BB	GH	Kürbis	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
25	09.09.08	Strubensee, BB	GH	Gurke	unbekannt	k. A.	nein	<i>P. xanthii</i>
26	10.09.08	Frankfurt (Oder), BB	FL	Kürbis	Hokaido	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
27	15.09.08	Hannover, IPP, NI	GH	Bellis	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
28	09.09.08	Aschendorf, NI	GH	Gurke	Confida, RZ	k. A.	Switch	<i>P. xanthii</i>
29	09.09.08	Papenburg, NI	GH	Gurke	Confida, RZ	k. A.	Collis	<i>P. xanthii</i>
30	07.09.08	Trebbin, BB	GH	Kürbis	unbekannt	k. A.	nein	<i>P. xanthii</i>
31	17.09.08	Trebbin, BB	GH	Gurke	unbekannt	k. A.	nein	<i>P. xanthii</i>
32	17.09.08	Trebbin, BB	GH	Zucchini	unbekannt	k. A.	nein	<i>P. xanthii</i>
33	22.09.08	Gülzow, MV	FL	Kürbis	Red Kuri/Bingenheimer	k. A.	nein	n. bestimmt
34	09.06.09	Gr. Gaglow, BB	GH	Gurke	Sacha/Schwanteland	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
35	15.06.09	Hannover, NI	GH	Gurke	Bornand F1	IR	nein	<i>P. xanthii</i>
36	17.06.10	Kassel, HE	GH	Zucchini	unbekannt	k. A.	nein	<i>P.x./G.o.</i>
37	17.06.10	Kassel, HE	GH	Gurke	unbekannt	k. A.	nein	<i>P.x./G.o.</i>

Kapitel 1: Verteilung von *P. xanthii* und *G. orontii* an Cucurbitaceen in Deutschland

Probe	Entnahmedatum	Ort, Bundesland	GH/FL	Wirt	Sorte/Züchter	Resistenz*	Fungizideinsatz (Wirkstoffgruppe nach FRAC**)	Erreger
38	04.08.10	Erfurt, TH	GH	Gurke	Roxanna, Rijkzwaan	nein	nein	<i>P. xanthii</i>
39	02.08.10	Frankenthal, RP	FL	Kürbis	Rocket	k. A.	Collis,Ortiva,Score	<i>G. orontii</i>
40	02.08.10	Fußgönheim, RP	FL	Zucchini	Syros, SG	IR	Rovral,Score,Ortiva	<i>G. orontii</i>
41	02.08.10	Dannstadt, RP	FL	Kürbis	Patisson/Custard White Ufer	k. A.	Kumulus,Ortiva,Collis	<i>G. orontii</i>
42	02.08.10	Dannstadt, RP	FL	Kürbis	Spaghettikürbis	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
43	21.08.10	Goslar, NI	FL	Kürbis	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
44	30.08.10	Langenhagen, NI	FL	Kürbis	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
45	31.08.10	Hitzacker, NI	FL	Gurke	Travito/Kiepenkerl	nein	nein	<i>P. xanthii</i>
46	05.09.10	Sehestedt, SH	FL	Kürbis	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
47	01.09.10	Erfurt, TH	GH	Gurke	Roxanna, Rijkzwaan	nein	nein	<i>P. xanthii</i>
48	01.09.10	Erfurt, TH	FL	Zucchini	Geode/Nebelung	nein	nein	<i>P. xanthii</i>
49	20.09.10	Cremlingen, NI	FL	Kürbis	Hokaido	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
50	20.09.10	Veltheim, NW	FL	Kürbis	Weißer Patisson	k. A.	nein	<i>P.x./G.o.</i>
51	28.09.10	Neunkirchen, NW	FL	Kürbis	unbekannt	k. A.	nein	<i>P.x./G.o.</i>
52	20.10.10	Hannover, IPP, NI	GH	Gurke	Bornand, Nunhems	IR	nein	<i>P. xanthii</i>
53	16.03.11	Hannover, IPP, NI	GH	Gurke	Bornand, Nunhems	IR	nein	<i>P. xanthii</i>
54	02.05.11	Hannover, NI	GH	Gurke	Chinesische Schlange	nein	nein	<i>P. xanthii</i>
55	30.06.11	Nordbruch, NI	GH	Gurke	Rawa/Pötschke	IR/HR	nein	<i>P. xanthii</i>
56	04.07.11	Hattenhofen, BW	FL	Zucchini	Naxos/Syngenta	IR	nein	<i>G. orontii</i>
57	05.07.11	Schemmerhofen, BW	GH	Gurke	Sudica/Nebelung	HR	nein	<i>G. orontii</i>
58	05.07.11	Ulm, BW	GH	Gurke	Flamingo/Hild	IR	Ortiva	<i>P. xanthii</i>

Kapitel 1: Verteilung von *P. xanthii* und *G. orontii* an Cucurbitaceen in Deutschland

Probe	Entnahmedatum	Ort, Bundesland	GH/FL	Wirt	Sorte/Züchter	Resistenz*	Fungizideinsatz (Wirkstoffgruppe nach FRAC**)	Erreger
59	08.07.11	Marbach, BW	GH	Gurke	unbekannt	k. A.	?	n. bestimmt
60	12.07.11	Emmendingen, BW	FL	Zucchini	Partenon F1/Hild	nein	nein	<i>G. orontii</i>
61	12.07.11	Emmendingen, BW	GH	Gurke	Torreon/Enza Zaden	IR	nein/ViCare	<i>G. orontii</i>
62	12.07.11	Erfingen, BW	FL	Zucchini	unbekannt	k. A.	?	<i>G. orontii</i>
63	20.07.11	Hannover, IPP, NI	FL	Zucchini	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
64	19.07.11	Ragow, BB	GH	Gurke	Saladin/Chrestensen	nein	nein	<i>P. xanthii</i>
65	19.07.11	Bernau, BB	FL	Zucchini	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
66	25.07.11	Hamburg, HH	GH	Gurke	Delikatess/Enza	nein	nein	<i>P. xanthii</i>
67	26.07.11	Jagsthausen, BW	FL	Zucchini	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
68	28.07.11	Bonn, NW	FL	Kürbis	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
69	26.07.11	Freising, BY	GH	Gurke	Palladium/Hild	IR	nein	<i>P. xanthii</i>
70	29.07.11	Hamburg, HH	GH	Gurke	unbekannt	k. A.	Ortiva/Collis	<i>G. orontii</i>
71	07.08.11	Ihme-Roloven, NI	FL	Zucchini	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
72	09.08.11	Nordbruch, NI	FL	Kürbis	Early Butternut, Sperli	k. A.	nein	<i>P.x./G.o.</i>
73	10.08.11	Erfurt, TH	GH	Gurke	Roxanna, Rijkzwaan	nein	nein	<i>P. xanthii</i>
74	10.08.11	Erfurt, TH	FL	Kürbis	Howden, Nebelung	k. A.	nein	<i>P. xanthii</i>
75	15.08.11	Schöffengrund, HE	FL	Zucchini	Black Forest	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
76	15.08.11	Schöffengrund, HE	FL	Zucchini	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
77	22.08.11	Freising, BY	GH	Gurke	Palladium/Flamingo, Hild	IR	Plenum, Spintor	<i>G. orontii</i>
78	25.08.11	Küstr. Vorland, BB	GH	Gurke	Bornand / Schwanteland	IR	Flint, Collis, Score	<i>P.x./G.o.</i>
79	29.08.11	Waldsiefersdorf, BB	GH	Gurke	Sudica/Nebelung	HR	Ortiva (3x)	<i>G. orontii</i>

Probe	Entnahmedatum	Ort, Bundesland	GH/FL	Wirt	Sorte/Züchter	Resistenz*	Fungizideinsatz (Wirkstoffgruppe nach FRAC**)	Erreger
80	30.08.11	Mirow, MV	GH	Gurke	Pepinova, S & G	HR	nein	<i>P.x./G.o.</i>
81	30.08.11	Münzenberg, HE	FL	Kürbis	Atlantic Giant, Hild	k. A.	nein	<i>P. xanthii</i>
82	30.08.11	Michendorf, BB	GH	Gurke	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
83	12.09.11	Köln-Auweiler, NW	FL	Kürbis	Uchiki Kuri, Hild	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
84	13.09.11	Mattenhofen, BY	GH	Gurke	Jazzer F1, Enza Zaden	IR	Topas	<i>P.x./G.o.</i>
85	27.09.11	Erfurt, TH	FL	Kürbis	Howden, Nebelung	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
86	17.10.11	Gundelfingen, BW	FL	Zucchini	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
87	17.10.11	Emmendingen, BW	GH	Zucchini	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>
88	18.10.11	Egringen, BW	GH	Gurke	unbekannt	k. A.	nein	<i>G. orontii</i>

* IR=Intermediäre Resistenz, k. A. = keine Angabe, HR = Hohe Resistenz

** FRAC = Fungicide Resistance Action Comitée

Tabelle A- 2 Breite, Länge und Längen: Breitenverhältnis der vermessenen Proben

Isolat Nr.	Datum	Bundesland	GH / FL	Wirt	Ø Länge [µm]	Ø Breite [µm]	L : B	Erreger
4	05.06.08	BW	GH	Kürbis	34,00	18,14	1,87	<i>G. orontii</i>
6.1	02.07.08	BW	FL	Kürbis	33,70	15,66	2,15	<i>G. orontii</i>
6.2	02.07.08	RP	FL	Zucchini	29,75	17,48	1,70	<i>G. orontii</i>
6.3	02.07.08	RP	FL	Kürbis	31,59	17,56	1,80	<i>G. orontii</i>
10	13.08.08	NI	FL	Zucchini	34,22	17,40	1,97	<i>G. orontii</i>
16	27.08.08	NI	FL	Zucchini	33,06	18,53	1,78	<i>G. orontii</i>
17	27.08.08	NI	FL	Zucchini	30,17	17,30	1,74	<i>P.x./G.o.</i>
19	28.08.08	NI	FL	Zucchini	31,72	17,65	1,80	<i>G. orontii</i>
26	10.09.08	BR	FL	Kürbis	32,84	17,84	1,84	<i>G. orontii</i>
35	15.06.09	NI	GH	Gurke	29,80	17,10	1,74	<i>P. xanthii</i>
36	17.06.10	HE	GH	Zucchini	35,23	19,05	1,85	<i>P.x./G.o.</i>
37	17.06.10	HE	GH	Gurke	35,97	18,70	1,92	<i>P.x./G.o.</i>
38	04.08.10	TH	GH	Gurke	33,08	17,70	1,87	<i>P. xanthii</i>
40	02.08.10	RP	FL	Zucchini	34,20	19,03	1,80	<i>G. orontii</i>
41	02.08.10	RP	FL	Kürbis	29,98	17,23	1,74	<i>G. orontii</i>
42	02.08.10	RP	FL	Kürbis	30,98	17,25	1,80	<i>G. orontii</i>
43	21.08.10	NI	FL	Kürbis	30,20	16,55	1,82	<i>G. orontii</i>
45	31.08.10	NI	FL	Gurke	32,24	20,81	1,55	<i>P. xanthii</i>
46	05.09.10	SH	FL	Kürbis	30,98	18,35	1,69	<i>G. orontii</i>
47	01.09.10	TH	GH	Gurke	34,07	19,95	1,71	<i>P. xanthii</i>
49	20.09.10	NI	FL	Kürbis	29,68	18,30	1,62	<i>G. orontii</i>
50	20.09.10	NW	FL	Kürbis	31,38	18,73	1,68	<i>P.x./G.o.</i>
52	18.02.11	NI	GH	Gurke	34,45	19,20	1,79	<i>P. xanthii</i>
54	02.05.11	NI	GH	Gurke	31,50	20,43	1,54	<i>P. xanthii</i>
56	04.07.11	BW	FL	Zucchini	31,30	17,55	1,78	<i>G. orontii</i>
57	05.07.11	BW	GH	Gurke	33,85	17,25	1,96	<i>G. orontii</i>

Kapitel 1: Verteilung von *P. xanthii* und *G. orontii* an Cucurbitaceen in Deutschland

Isolat Nr.	Datum	Bundesland	GH / FL	Wirt	Ø Länge [µm]	Ø Breite [µm]	L : B	Erreger
58	05.07.11	BW	GH	Gurke	31,30	19,35	1,62	<i>P. xanthii</i>
60	12.07.11	BW	FL	Zucchini	33,55	16,50	2,03	<i>G. orontii</i>
61	12.07.11	BW	GH	Gurke	32,40	16,80	1,93	<i>G. orontii</i>
62	12.07.11	BW	FL	Zucchini	32,05	18,60	1,72	<i>G. orontii</i>
63	14.07.11	NI	FL	Zucchini	32,80	17,55	1,87	<i>G. orontii</i>
64	19.07.11	BR	GH	Gurke	32,70	19,85	1,65	<i>P. xanthii</i>
66	25.07.11	HH	GH	Gurke	32,30	19,50	1,66	<i>P. xanthii</i>
67	26.07.11	BW	FL	Zucchini	34,55	18,50	1,87	<i>G. orontii</i>
69	26.07.11	BY	GH	Gurke	32,50	20,70	1,57	<i>P. xanthii</i>
70	29.07.11	HH	GH	Gurke	35,35	18,55	1,91	<i>G. orontii</i>
71	08.08.11	NI	FL	Zucchini	33,85	17,95	1,89	<i>G. orontii</i>
72	09.08.11	NI	FL	Kürbis	34,95	19,35	1,81	<i>P.x./G.o.</i>
73	10.08.11	TH	GH	Gurke	32,40	19,60	1,65	<i>P. xanthii</i>
74	10.08.11	TH	FL	Kürbis	33,15	20,90	1,59	<i>P. xanthii</i>
75	15.08.11	HE	FL	Zucchini	32,09	17,85	1,80	<i>G. orontii</i>
76	15.08.11	HE	FL	Zucchini	32,33	17,62	1,83	<i>G. orontii</i>
77	22.08.11	BY	GH	Gurke	35,29	17,79	1,98	<i>G. orontii</i>
78	25.08.11	BR	GH	Gurke	34,65	18,60	1,86	<i>P.x./G.o.</i>
79	29.08.11	BR	GH	Gurke	36,04	17,79	2,05	<i>G. orontii</i>
80	30.08.11	MV	GH	Gurke	36,05	19,36	1,86	<i>P.x./G.o.</i>
81	30.08.11	HE	FL	Kürbis	32,50	19,24	1,69	<i>P. xanthii</i>
84	13.09.11	BY	GH	Gurke	32,62	18,49	1,76	<i>P.x./G.o.</i>
85	27.09.11	TH	FL	Kürbis	36,05	19,01	1,90	<i>G. orontii</i>
86	17.10.11	BW	FL	Zucchini	34,13	18,08	1,89	<i>G. orontii</i>
87	17.10.11	BW	GH	Zucchini	35,35	18,55	1,91	<i>G. orontii</i>
88	18.10.11	BW	GH	Gurke	34,83	18,43	1,89	<i>G. orontii</i>

KAPITEL 2

Dynamik der Gradienten des Echten Gurkenmehltaus ohne den Einfluss des Wirtschaftswachstums

Einleitung

Pflanzen und insbesondere Kulturpflanzen, die unter Bedingungen, die optimal für die Entwicklung und Ertragsbildung sind, angebaut werden, sind anfällig für eine Vielzahl von Krankheiten. Die optimalen Anbaubedingungen sind meist auch förderlich für die jeweiligen Krankheiten und Schädlinge dieser Kultur. Oberstes Ziel ist daher, einen nicht-tolerierbaren Aufbau der Krankheit oder einer Schädlingspopulation in einem Bestand zu verhindern (Madden et al., 2007). Dieses ist bei monozyklischen Krankheiten einfacher als bei polyzyklischen, bei denen ein geringer Befall ausreicht, um innerhalb kurzer Zeit eine schwere Epidemie verursachen zu können (Kable et al., 1980). Verbesserungen von Pflanzenschutzmaßnahmen zur Kontrolle von Krankheiten und Schädlingen können mit dem Wissen über die zeitliche und räumliche Entwicklung von Krankheiten oder Schädlingen erreicht werden (Fontem et al., 1991). Modelle dienen dabei der vereinfachten Darstellung des Krankheitsverlaufs in der Realität und der Beschreibung der raum-zeitlichen Dynamik der Krankheiten (Van Maanen & Xu, 2003). Damit kann der richtige Zeitpunkt für Pflanzenschutzmaßnahmen abgeschätzt werden, oder es können Epidemien unter verschiedenen Bedingungen verglichen werden.

Der Echte Gurkenmehltau verursacht Ertragsminderungen bei Gurken (*Cucumis sativus*) im Gewächshaus durch Eingriff auf die Photosynthese, die Transpiration der Blätter und den Entzug von Assimilaten (Pérez-García et al., 2009). Er ist weltweit sowohl im Gewächshaus als auch im Freilandanbau verbreitet und zählt zu den wichtigsten Krankheiten im Unter-Glas-Anbau von Gurken (Sitterly, 1978; Lebeda et al., 2011). In Deutschland sind die beiden Erreger *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii* endemisch und sowohl im Freiland als auch im Gewächshaus nachgewiesen (Wichura, 2007). Aufgrund der geringeren Luftbewegungen, der reduzierten Lichtintensität, der höheren Temperaturen und des meist ganzjährigen Anbaus ist der Echte Mehltau im Gewächshaus ausgeprägter als im Freiland (Sitterly, 1978) und trotz Erfolgen in der Resistenzzüchtung ein großes Problem im Anbau (Koch, 2012).

Als polyzyklische Krankheit mit einem kurzen Entwicklungszyklus von 5-6 Tagen unter optimalen Bedingungen sowie durch die leichte Verbreitung einer hohen Anzahl von Konidien durch Wind und Luftbewegungen breitet sich der Echte Mehltau schnell im Bestand aus (Bardin, 1996). Ausgehend von einer primären Inokulumquelle entstehen durch neue Infektionen schnell sekundäre Quellen, die zu einer raschen Ausbreitung des Mehltaus im Bestand führen. Insbesondere im Gewächshaus bleibt meist nur ein kurzer Zeitraum zwischen dem Auftreten erster Symptome und dem Erreichen der Schadensschwelle.

Die räumliche Verteilung wird begrenzt durch Faktoren wie die Überlebensfähigkeit des Pathogens, die Quelle des Primärinokulums sowie Art, Menge und Dauer der Inokulumverteilung (Viljanen-Rollinson et al., 1998). Die Pflanzen nahe der Inokulumquelle sind zu Beginn einer Epidemie stärker befallen als weiter entfernte stehende Pflanzen. Es entstehen Befallsgradienten, die in der Epidemiologie in zwei Arten unterschieden werden: primäre Gradienten, die aus den Infektionen eines einzigen Lebenszyklus des Pathogens entstehen bzw. durch die Konidien, die aus der Inokulumquelle stammen. Sekundäre Gradienten gehen aus den Läsionen hervor, die durch die ersten Infektionen entstanden sind (Campbell & Madden, 1990). Sobald sekundäre Inokulumquellen vorhanden sind, breitet sich die Krankheit schneller im Bestand aus (Berger & Luke, 1979). Jede infizierte Pflanze im Bestand kann dann eine Inokulumquelle sein und es gilt den Bestand genau zu beobachten und rechtzeitig entsprechende Maßnahmen einzuleiten, um wirtschaftliche Schäden zu verhindern (Madden et al., 2007).

Eine Epidemie beschreibt die Veränderung der Befallsintensität in einer Wirtspflanzenpopulation in Raum und Zeit (Madden et al., 2007). Gemessen wird diese mit der Befallsstärke, d.h. dem Anteil befallener Blattfläche an der gesamten Blattfläche zum Beispiel einer Pflanze oder in einem gesamten Bestand, oder mit der Befallshäufigkeit, die die Anzahl befallener Blätter oder Pflanzen in Relation zur Gesamtzahl angibt. Befallsgradienten beschreiben die räumliche Ausbreitung einer Krankheit im Bestand, Befallskurven die Veränderung mit der Zeit. Ausgehend von einer Inokulumquelle entstehen sowohl Dispersions- als auch Befallsgradienten.

Für viele Pathosysteme wurden Gradienten ausgehend von einer Infektionsquelle untersucht und mit entsprechenden Modellen beschrieben. Koch (1980) zeigte Gradienten für den Echten Gerstenmehltau, Hau et al. (1995) beschrieben die raumzeitliche Ausbreitung von *Peronosclerospora sorghi* in Mais. Am Beispiel des Bohnenrostes (*Uromyces appendiculatus*) verglichen Madden et al. (2007) die Anpassung der Gradienten an das exponentielle und das Power-Modell. Ein typisches Merkmal vieler Gradienten polyzyklischer Krankheiten ist ein Abflachen im Verlauf der Zeit, u.a. beschrieben von Aylor & Ferrandino (1989) für Bohnenrost und Lim (1978) für den Falschen Mehltau an Sojabohnen.

Minogue und Fry (1983) stellten fest, dass der Verlauf und die Ausbreitung vieler Krankheiten mit logistischen Funktionen beschrieben werden können und die Ausbreitungsgeschwindigkeit einer bestimmten Befallsstärke nach einer bestimmten Zeit konstant ist. Die Ausbreitung einer Krankheit von einer Infektionsquelle aus folgt dabei einem ringförmigen Muster mit Linien gleicher Befallsstärke, den sogenannten Isopfaden (Berger & Luke, 1979).

Lange wurde darüber diskutiert, ob sich jede Pflanzenkrankheit generell mit gleichbleibender oder mit zunehmender Geschwindigkeit in einem Pflanzenbestand ausbreitet (Cowger et al., 2005). Frantzen & van den Bosch (2000) stellten in Frage, ob sich eine Krankheit im Bestand grundsätzlich entweder mit gleicher oder mit sich ändernder Geschwindigkeit ausbreitet. Nach Ansicht von van den Bosch et al. (1988) wird die Geschwindigkeit nach einer Etablierungsphase der Krankheit konstant. Die Isopfadgeschwindigkeit kann als konstant angenommen werden, wenn sich Umwelteinflüsse nicht ändern oder keine störende Verbreitung zum Beispiel durch Arbeiten im Bestand hinzukommt (Berger & Luke, 1979). Man spricht dann von einer sogenannten wandernden Welle. Im Gegensatz dazu entsteht eine dispersive Welle, wenn sich die Isopfadgeschwindigkeit im Verlauf einer Epidemie ändert. Davon ging Ferrandino (1993) bei der Untersuchung der Blattfleckenkrankheit (*Cercosporidium personatum*) an Erdnuss aus und schlussfolgerte, dass die Isopfadgeschwindigkeit mit der Zeit und zunehmender Entfernung von der Inokulumquelle zunimmt.

Eine bestimmte Befallsstärke breitet sich dann mit zunehmender Distanz von der Inokulumquelle und/oder fortschreitender Dauer der Epidemie schneller aus (Scherer, 1996; Cowger et al., 2005).

In dieser Arbeit wurde in drei Gewächshausversuchen die raum-zeitliche Entwicklung des Echten Gurkenmehltaus, die Dynamik der Gradienten und die Isopfadgeschwindigkeit ausgewählter Befallsstärken ohne den Einfluss des Wirtswachstums untersucht. Dafür wurden nur die unteren 4-6 Blätter der Versuchspflanzen, die sich zwischen 0 und 50 cm über der Substratoberfläche befanden und die zum Zeitpunkt der Versuchsaufstellung vorhanden waren, ausgewertet. Insbesondere resistente oder weniger anfällige Gurkensorten haben trotz Krankheitsbefalls ein nahezu unbegrenztes vegetatives Wachstum. Die immer neu hinzukommende unbefallene Blattfläche „reduziert“ die Befallsstärke der Gesamtpflanze, wobei sie auf einzelnen, insbesondere älteren Blättern, hohe Intensitäten erreichen kann (Cowger et al., 2005). Die Dynamik des Befalls unter dem Einfluss des Wirtswachstums wird in Kapitel 3 untersucht.

Material & Methoden

Versuchspflanzen

Für die Versuche wurden Salatgurken der Sorte Bornand F1 (Fa. Nunhems) mit einer intermediären Resistenz gegenüber *P. xanthii* und *G. orontii* verwendet. Diese Sorte zeigt deutliche Symptome, ist aber im Vergleich zu einer anfälligen Sorte, auch bei starkem Befall mehrere Wochen im Versuch verwendbar.

Die Gurken wurden in Aussaatschalen gesät, nach 10-12 Tagen in 12-cm Töpfe pikiert und bei 20-22 °C in einer speziellen Anzuchtkabine weitere 2-3 Wochen unter befallsfreien Bedingungen angezogen. Nach der Entwicklung von 2-3 Laubblättern wurden die Jungpflanzen in 10 l Töpfe in Fruhstorfer Erde Typ P (Hawita Gruppe GmbH, Vechta) unter Zugabe von 50 g Azet Tomatendünger (Fa. Neudorff, Emmerthal) gepflanzt. Anschließend wurden diese im Gewächshaus dem Versuchsaufbau entsprechend aufgestellt und an Schnüren aufwärts geleitet. Bei Bedarf wurden die Pflanzen 3 Wochen nach Versuchsbeginn mit 25 g/Pflanze Azet Tomatendünger nachgedüngt.

Zur Bekämpfung von Thripsen und Trauermücken wurden *Amblyseius cucumeris* und *Steinernema feltiae* eingesetzt. Die Pflanzen wurden per Hand gegossen, um den Echten Mehltau auf den Blättern nicht zu beeinflussen.

Inokulumpflanzen

Drei bis vier Wochen vor den Versuchspflanzen wurden die Inokulumpflanzen unter den gleichen Bedingungen angezogen und nach dem Umpflanzen in 10 l Töpfe in einer separaten Gewächshauskabine aufgestellt. Für die Inokulation wurde ein am Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz der Universität Hannover (IPP) in Erhaltung befindliches *Podosphaera xanthii*-Isolat von Gurke (Pg 04.1) verwendet. Mit einem Pinsel wurden Konidien von gut sporulierenden Kolonien der Kotyledonen abgenommen und auf die Inokulumpflanzen übertragen. Bei einer Befallsstärke von 60 – 70 % wurden die Pflanzen als linienförmige Inokulumquelle im Abstand von 0,5 m (Versuch 1) bzw. 0,7 m (Versuche 2 und 3) vor der ersten Reihe Versuchspflanzen aufgestellt (Abbildung 7 – Abbildung 9).

Versuchsaufbau

Die Versuche wurden in einem Glas-Gewächshaus durchgeführt. Die Kabine lag zwischen einem Außengang und anderen Gewächshauskabinen und verfügte daher nur über eine Firstlüftung und keine seitlichen Lüftungsklappen. Die Temperatur wurde auf 22 - 24 °C Tagestemperatur und 16 °C Nachttemperatur eingestellt, schwankte aber je nach Außentemperatur und Einstrahlung tagsüber zwischen 22°C und kurzfristig bis zu 40 °C.

Versuch 1

In 8 Reihen mit einem Abstand von 0,7 m wurden jeweils 4 Pflanzen (= 4 Wiederholungen) im Gewächshaus aufgestellt (Abbildung 7). Zwischen der 2. und 3. Pflanze jeder Reihe betrug der Abstand 1 m, um während der Arbeit im Bestand die künstliche Verbreitung des Echten Mehltaus möglichst gering zu halten (Maffia & Berger, 1999). Die Befallsstärke wurde über folgende Distanzen von der Inokulumquelle über die Zeit erfasst: 0,5; 1,2; 1,9; 2,6; 3,3; 4,0; 4,7 und 5,4 m. Die Bestandesdichte betrug 1,6 Pflanzen/m².

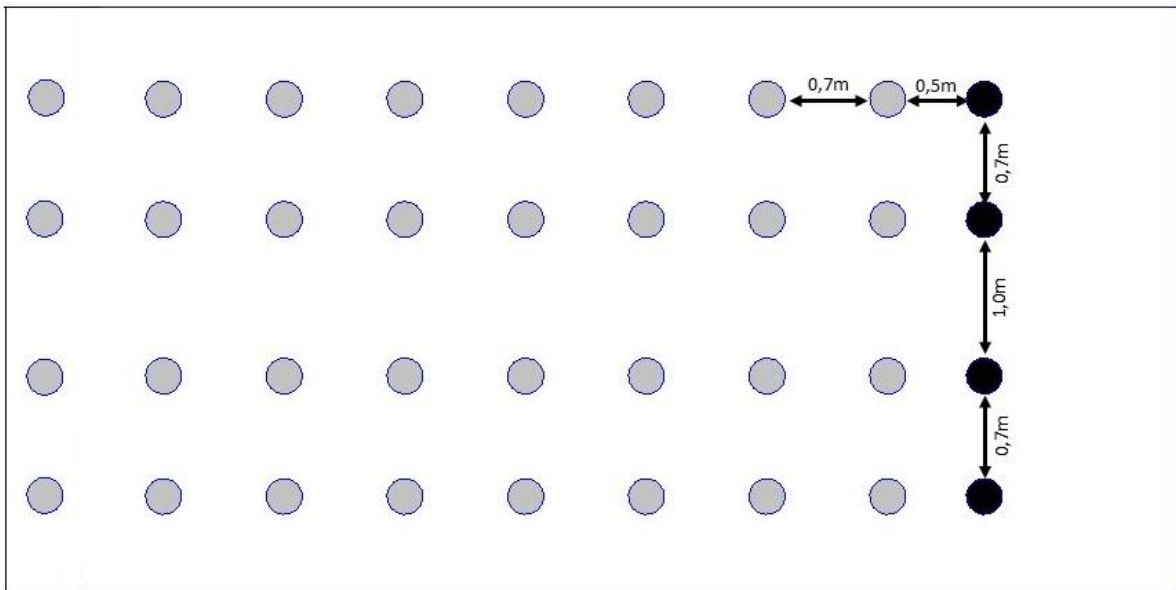


Abbildung 7: Versuchsaufbau Versuch 1 (grau=Versuchspflanzen, schwarz=Inokulumpflanzen)

Versuch 2

In Versuch 2 wurden pro Reihe 5 Pflanze aufgestellt (= 5 Wiederholungen) und die Befallsstärke über folgende Distanzen von der Inokulumquelle über die Zeit erfasst: 0,7; 1,4; 2,1; 2,8; 3,5; 4,2; 4,9; 5,6; 6,3 und 7,0 m. Zwischen den Reihen betrug der Abstand wie in Versuch 1 0,7 m. Aus arbeitstechnischen Gründen wurde der Abstand zwischen den Pflanzen 2 und 3 bzw. 4 und 5 einer Reihe auf 1 m erhöht (Abbildung 8). Die Bestandesdichte betrug 1,5 Pflanzen/m².

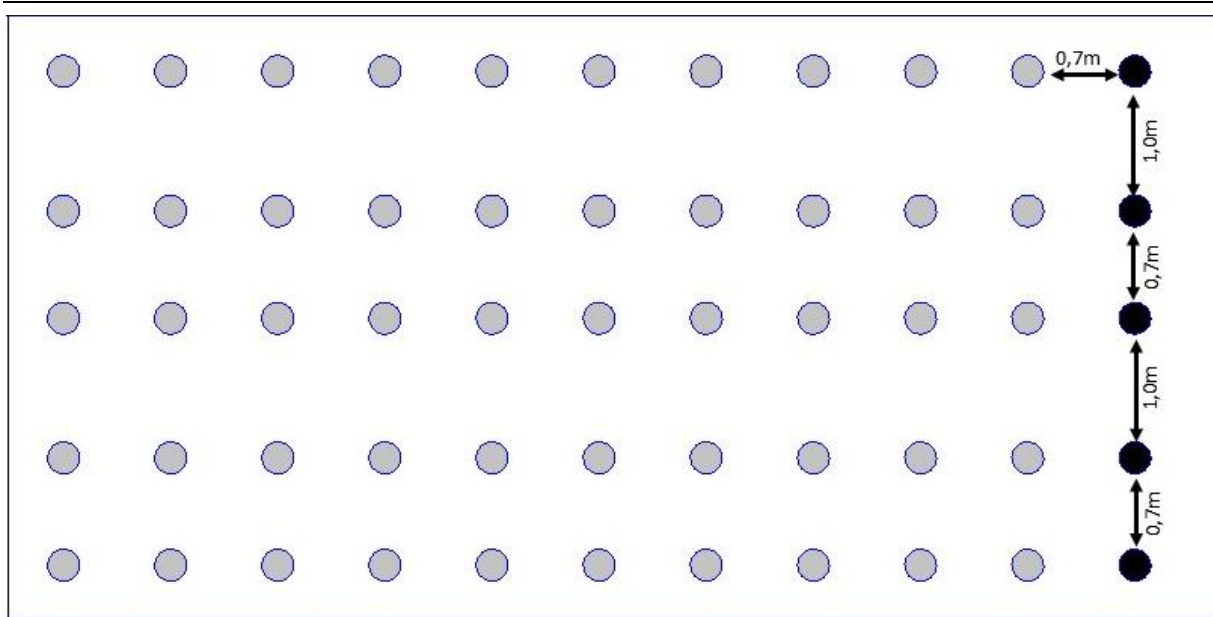


Abbildung 8: Versuchsaufbau Versuch 2 (grau=Versuchspflanzen,
schwarz=Inokulumpflanzen)

Versuch 3

Versuch 3 wurde mit 7 Reihen à 10 Pflanzen durchgeführt. Der Abstand zwischen den Reihen betrug 0,7 m und innerhalb der Reihen 0,2 m (Abbildung 9). Durch die geringeren Abstände zwischen den Pflanzen einer Reihe sollte geprüft werden, welchen Einfluss eine höhere Pflanzendichte auf die Ausbreitung des Echten Mehltau hatte.

Die Inokulumpflanzen wurden 0,7 m vor der ersten Reihe Versuchspflanzen aufgestellt und die Befallsstärke in folgenden Distanzen von der Inokulumquelle geschätzt: 0,7; 1,4; 2,1; 2,8; 3,5; 4,2 und 4,9 m. Die Bestandesdichte erhöhte sich auf 2,3 Pflanzen/m².

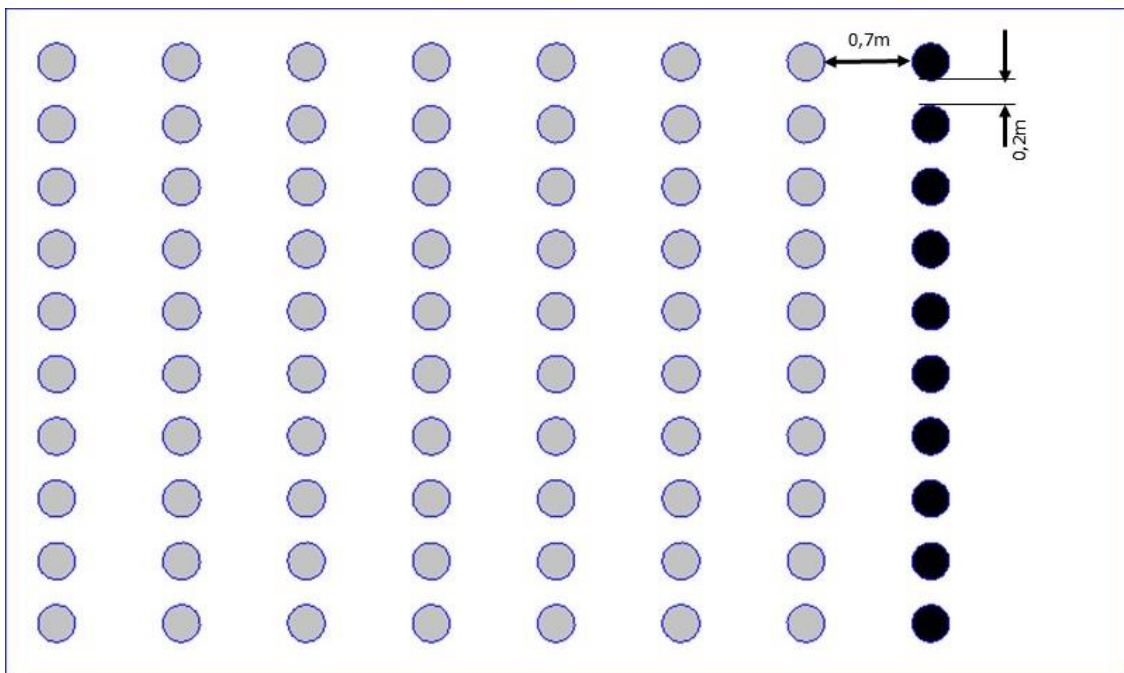


Abbildung 9: Versuchsaufbau Versuch 3 (grau=Versuchspflanzen, schwarz=Inokulumpflanzen)

Versuchszeiträume

Die Experimente wurden in 3 aufeinanderfolgenden Jahren zu unterschiedlichen Zeiten im Frühjahr und Herbst sowie mit verschiedenen Entfernungsstufen und Bestandesdichten durchgeführt Tabelle 9.

Tabelle 9: Übersicht der Versuche

Versuch Nr.	Versuchszeitraum	Entfernung zur Inokulumquelle [m]	Bestandesdichte [Pflanzen/m ²]	Anzahl der Bonituren
1	01.10.-06.11.2009	0,5 – 5,4	1,6	9
2	12.05.-14.06.2010	0,7 – 7,0	1,5	10
3	26.04.-31.05.2011	0,7 – 4,9	2,3	9

Aufstellen der Inokulumpflanzen

Die stark befallenen Inokulumpflanzen wurden mit einem Abstand von 0,5 m bzw. 0,7 m vor der ersten Reihe Versuchspflanzen aufgestellt. Eine vorzeitige Verbreitung von Konidien und daraus entstehenden Sekundärquellen im Gewächshaus wurde verhindert, indem die Inokulumpflanzen erst nach den Versuchspflanzen in den Bestand gebracht wurden. So konnte davon ausgegangen werden, dass die Primärinfektionen ausschließlich aus der künstlichen Inokulumquelle stammten.

Befallsbonituren

Die Bonituren wurden in allen drei Versuchen in nicht-destruktiven Verfahren durchgeführt, um die Pflanzen mehrere Wochen im Bestand nutzen zu können. Die Pflanzen wurden in mehrere Blattetagen mit jeweils 4-6 Blättern aufgeteilt, beginnend mit dem ersten Blatt oberhalb des Substrats in 50 cm Schritten. In dieser Arbeit wurde die Befallsstärke der unteren Blattetage (0-50 cm) als Anteil befallener Blattfläche im Vergleich zur gesamten Blattfläche geschätzt und als Proportion ($0 \leq y \leq 1$) angegeben. Die „Reduzierung“ der Befallsstärke, die durch nachwachsende neue Blattfläche entsteht, wurde so ausgeschlossen. Abgestorbene Blätter wurden mit $y = 1$ erfasst. Die Bonituren wurden an allen Terminen von derselben Person durchgeführt, um subjektive Schätzfehler zu vermeiden. Durch den Mehltau bedingte chlorotische und nekrotische Blattflächen wurden in den Anteil befallener Blattfläche einbezogen (Berger & Luke, 1979). Die durchschnittliche Befallsstärke pro Entfernungsstufe wurde aus dem Mittelwert aller Blätter dieser Entfernungsstufe berechnet.

Die Befallshäufigkeit der Blätter und Pflanzen wurde täglich erfasst, in den folgenden Auswertungen aber nicht weiter betrachtet, da diese bei polyzyklischen Krankheiten mit einer hohen Reproduktionsrate sehr schnell den maximalen Wert 1 (d.h. alle Pflanzen befallen) erreicht und nicht mehr aussagekräftig ist.

Datenanalyse

Für jeden Boniturtermin wurde die Befallsstärke gegen die Zeit t in TNI (Tage nach Aufstellen der Versuchspflanzen) aufgetragen. Die Befallskurve gibt einen ersten Überblick über den Verlauf und die Höhe des Befalls.

Die Gradienten zeigen die Entwicklung des Echten Mehltau-Befalls ausgehend von der linienförmigen Inokulumquelle in Abhängigkeit von der Entfernung.

Alle beobachteten Gradienten wurden einzeln mit $\text{logit}(y)$ und der Gompertz-Transformation linearisiert, wobei die Entfernung x jeweils einmal untransformiert blieb und einmal mit $\ln(x)$ transformiert wurde. Unter Berücksichtigung der besten Anpassung und der Annahme, dass die Befallsstärke auf den unteren Blättern gegen $y = 1$ läuft, wurde für die weiteren Berechnungen die logit -Transformation gewählt. Für jeden linearisierten Gradienten wurde die Regressionsgerade $\text{logit}(y)$ gegen x berechnet. Die Werte des Achsenabschnitts stiegen mit zunehmender Zeit an, während die Werte der Steigungen abnahmen. Zur Überprüfung der zeitlichen Abhängigkeit der Achsenabschnitte und der Steigungen der Gradienten wurden diese gegen die Zeit (t) aufgetragen und einfache Funktionen angepasst, z. B. eine lineare Funktion für die Achsenabschnitte $A(t) = c + d \cdot t$ und eine fallende Hyperbel für die Steigungen $B(t) = 1/(a + b \cdot t)$.

Mit diesen Zeitfunktionen $A(t)$ und $B(t)$ konnte ein Modell für die Gradientendynamik erstellt werden, welches nur wenige Parameter enthielt, beispielsweise bei den genannten Funktionen nur vier Parameter. Dieses Modell wurde dann simultan an alle transformierten Gradienten angepasst:

$$\text{logit } y(x, t) = A(t) - B(t) \cdot x \quad \text{Gleichung 1}$$

Mit der Umkehrung der logit -Transformation wurden dann die Originalgradienten beschrieben und deren Parameterwerte geschätzt:

$$y(x, t) = 1/(1 + \exp(-(A(t) - B(t) \cdot x))) \quad \text{Gleichung 2}$$

Die Funktion für die Beschreibung der Gradienten ist sowohl für die transformierten als auch die Originalgradienten nur gültig, wenn t größer ist als die „kritische Zeit“ $t_c = -a/b$, da andernfalls in der Funktion $B(t)$ durch 0 dividiert würde. Biologisch bedeutet dies, dass die ersten Symptome des Befalls nach diesem Zeitpunkt t_c auftreten müssen.

Durch Auflösung der Gleichung 1 nach x und partielle Differentiation nach t erhält man die allgemeine Formel zur Berechnung der Isopfadgeschwindigkeit ausgewählter Befallsstärken:

$$v(y,t) = \delta x / \delta t = [A'(t) \cdot B(t) - B'(t) \cdot (A(t) - \text{logit } y)] / B(t)^2 \quad \text{Gleichung 3}$$

Setzt man in Gleichung 3 $A(t) = c + d \cdot t$ und $B(t) = 1 / (a + b \cdot t)$, ergibt sich dann:

$$v(y,t) = (d \cdot a + b \cdot c - b \cdot \text{logit } y) + 2 \cdot b \cdot d \cdot t \quad \text{Gleichung 4}$$

Alle Regressionsanalysen wurden mit SigmaPlot 10.0 (Systat Software Inc., 2006) durchgeführt.

Ergebnisse

Versuch 1

Am Versuchsbeginn waren in der unteren Etage zwischen 0 und 50 cm über der Substratoberfläche 4 Blätter vorhanden. Nach 33 Tagen hatten die Pflanzen im Mittel 22 Blätter, während in der unteren Etage keine neuen Blätter hinzukamen. Es gab keinen Unterschied in der Anzahl der Blätter zwischen den Pflanzen nahe oder weiter entfernt von der Inokulumquelle.

Erste Symptome zeigten sich nach 8 Tagen auf den Pflanzen nahe der Inokulumquelle. Bereits nach 12 Tagen war ein Befall auf den Pflanzen 4 m von der Inokulumquelle entfernt zu beobachten. Die Befallskurve der Befallsstärke y verlief in der Reihe 0,5 m von der Inokulumquelle entfernt zunächst sehr steil und dann asymptotisch gegen 1. Die Befallsstärke der übrigen Entfernungsstufen entwickelte sich die ersten 15 Tage nach Aufstellen der Inokulumpflanzen (TNI) etwas langsamer, stieg dann deutlich an und verlief asymptotisch gegen Werte von $y = 0,9-0,98$ (Abbildung 10).

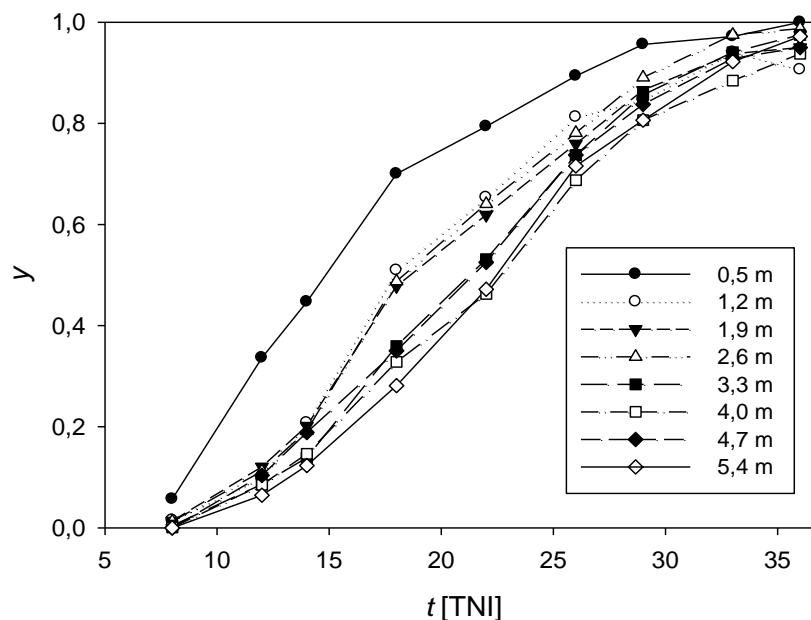


Abbildung 10: Verlauf der Befallsstärke y in den einzelnen Reihen mit unterschiedlichen Entfernungen zur Inokulumquelle in Abhängigkeit von der Zeit t in Tagen nach Aufstellen der Inokulumpflanzen (TNI)

Bereits nach 8 Tagen war ein leichter Gradient zwischen der ersten Pflanzenreihe (0,5 m) und den übrigen Reihen erkennbar. Zwischen 12 und 22 Tagen verliefen die Gradienten zunächst recht steil, flachten aber mit zunehmender Entfernung ab. An den letzten 3 Boniturterminen (26 - 33 TNI) waren die Gradienten sehr flach (Abbildung 11).

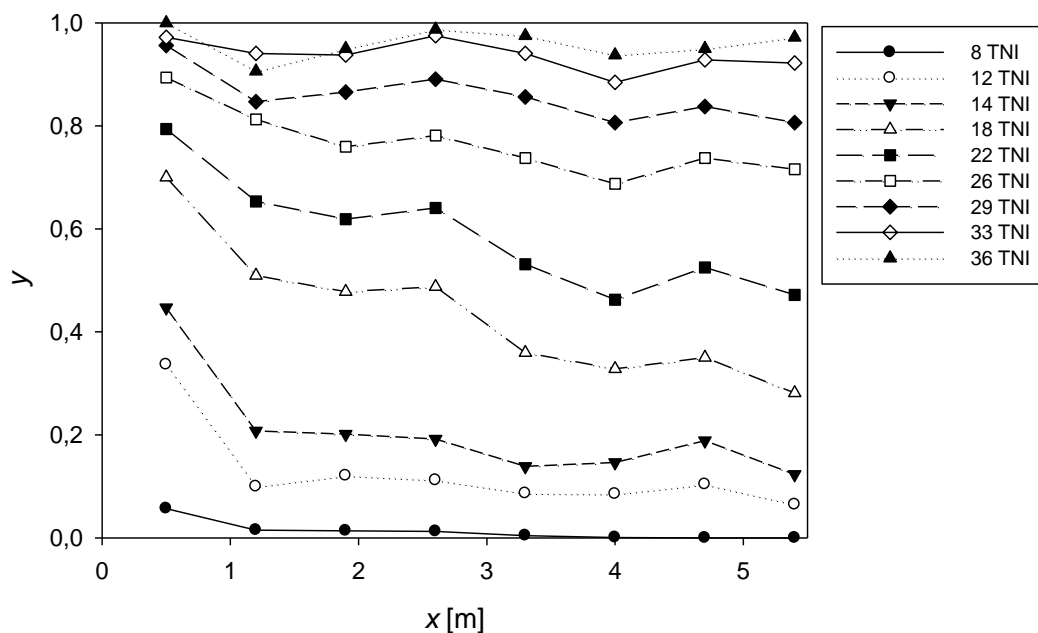


Abbildung 11: Gradienten der Befallsstärke an 9 Boniturterminen

Die Gradienten der 9 Boniturtermine (8 bis 36 TNI) wurden linearisiert, indem die Befallsstärke y mit $\text{logit}(y) = \ln(y/(1-y))$ transformiert wurde, die Entfernung x aber untransformiert blieb (Abbildung 12). Die Befallsstärken 0 und 1 können nicht logit-transformiert werden und wurden daher aus den Berechnungen herausgenommen. Die folgenden Zwischenschritte dienen der ersten Abschätzung der Parameterwerte für das zu entwickelnde Modell.

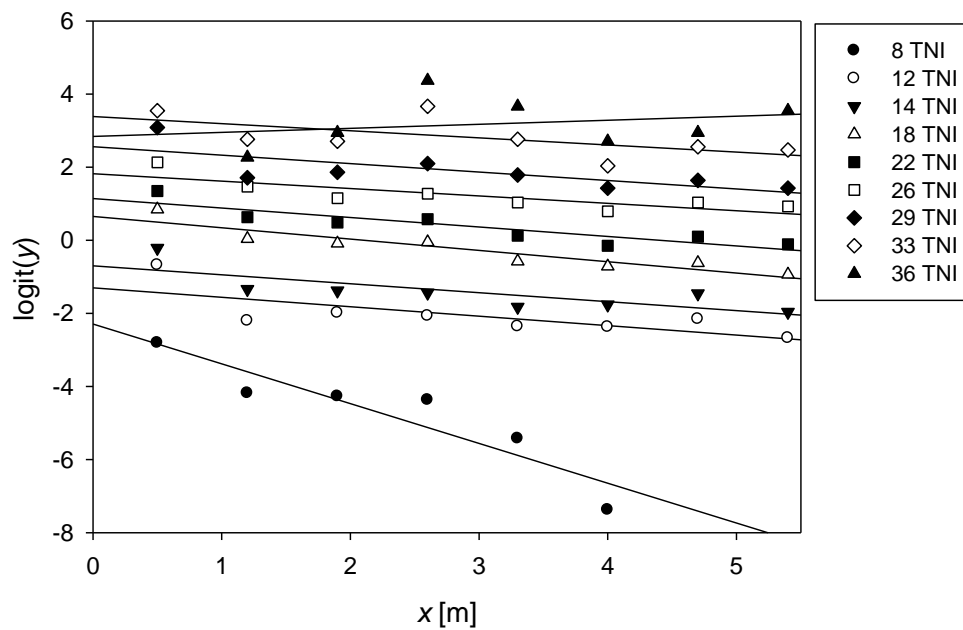


Abbildung 12: Logit-transformierte Gradienten der Befallsstärke (y) an 9 Boniturterminen sowie die zugehörigen Regressionsgraden

Aus den Abbildung 11 und Abbildung 12 ist erkennbar, dass die Achsenabschnitte mit der Zeit ansteigen, was die Zunahme des Befalls widerspiegelt, und die Steigungen durch das Abflachen der Gradienten abnehmen.

Die zeitliche Abhängigkeit der Achsenabschnitte und der Steigungen wurden durch Auftragen gegen die Zeit t [TNI] überprüft. Die Steigungen der transformierten Gradienten konnten gut mit einer fallenden Hyperbel $B(t) = 1/(a+b*t)$, die gegen 0 läuft, beschrieben werden ($R^2 = 0,86$) (Abbildung 13).

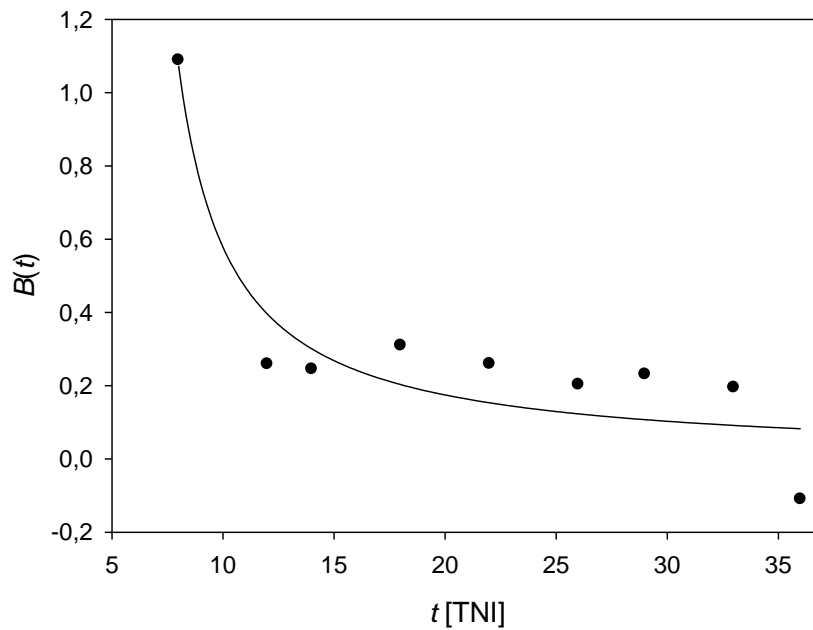


Abbildung 13: Verlauf der Steigungen der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t [TNI] sowie die angepasste Hyperbelfunktion

Die Achsenabschnitte der transformierten Gradienten stiegen linear an und wurden mit der Funktion $A(t) = c + d \cdot t$ dargestellt ($R^2 = 0,95$) (Abbildung 14).

Die geschätzten Parameterwerte für a , b , c und d sind in Tabelle 10 aufgeführt.

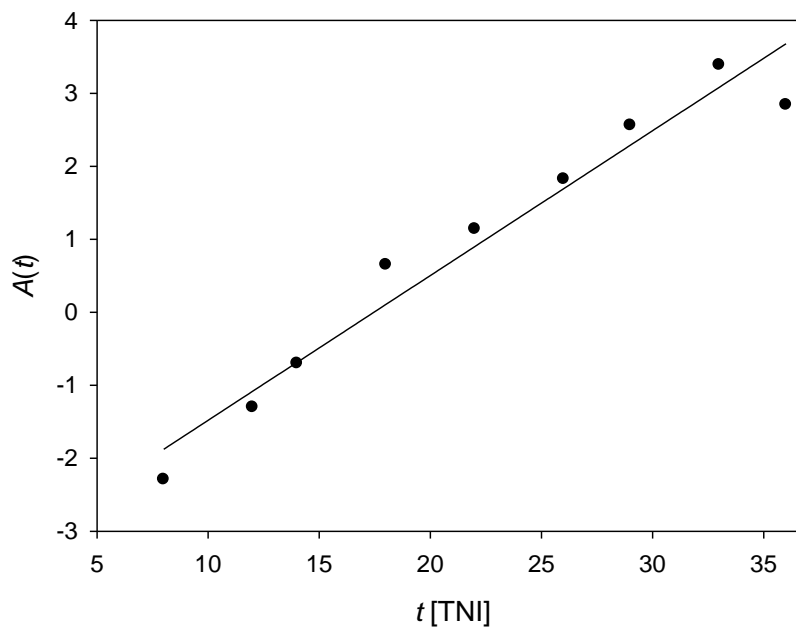


Abbildung 14: Verlauf der Achsenabschnitte der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t [TNI] sowie die angepasste lineare Funktion

Tabelle 10: Geschätzte Parameterwerte (und Standardfehler) der Steigungen und Achsenabschnitte

Steigung $B(t) = 1/(a+b*t)$			Achsenabschnitte $A(t) = c+d*t$		
R^2	a	b	R^2	c	d
0,86	-2,2625 (0,9738)	0,3993 (0,1190)	0,95	-3,4631 (0,3945)	0,1984 (0,0165)

Mit $A(t)$ und $B(t)$ ergibt sich folgende Funktion zur Beschreibung der Gradienten in Abhängigkeit von der Entfernung zur Inokulumquelle x und der Zeit t :

$$\text{logit } y(x,t) = c+d*t-1/(a+b*t)*x \quad \text{Gleichung 5}$$

Diese Funktion wurde simultan an die 9 transformierten Gradienten angepasst (Abbildung 15). Das Modell mit 4 Parametern beschrieb die Entwicklung des Befalls der unteren Blattetage in Abhängigkeit der Zeit und der Entfernung zur Inokulumquelle sehr gut ($R^2 = 0,97$) (Tabelle 11).

Tabelle 11: Geschätzte Parameter a bis d (und Standardfehler) für die logit-transformierten Gradienten ($\text{logit } y(x,t) = c+d*t-x/(a+b*t)$) und die kritische Zeit t_c

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,97	-3,1762 (0,7679)	0,4974 (0,0984)	-3,3195 (0,2278)	0,1892 (0,0075)	6,39

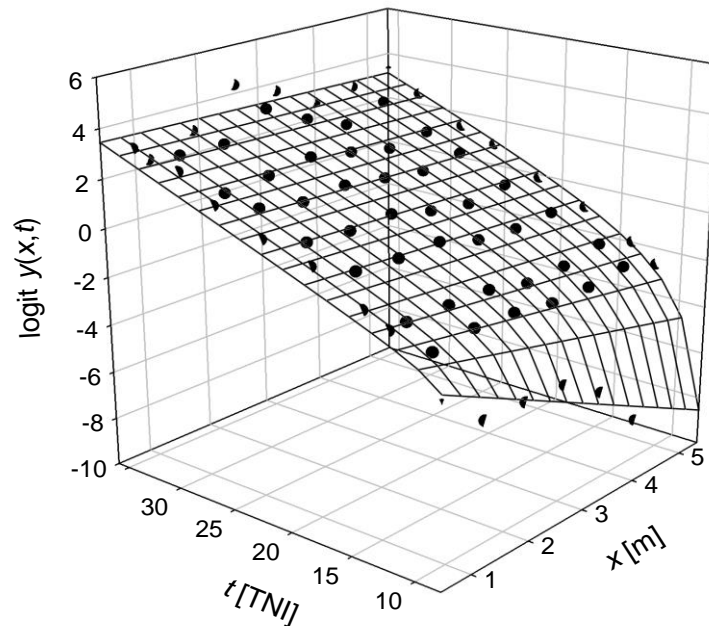


Abbildung 15: Raum-zeitliche Dynamik des Echten Gurkenmehltaus beschrieben durch $\text{logit } y(x,t) = c + d^*t - x/(a + b^*t)$ mit den Parameterwerten der Tabelle 11

Die Originalgradienten der geschätzten Befallsstärke wurden anschließend mit der Umkehrung der logit-Transformation bestimmt:

$$y(x,t) = 1 / (1 + \exp(-((c + d^*t) - x / (a + b^*t)))) \quad \text{Gleichung 6}$$

Die Parameter a bis d wurden simultan für alle 9 Originalgradienten geschätzt. Das Modell mit nur 4 Parametern lieferte eine gute Anpassung an die Versuchsdaten ($R^2 = 0,98$) (Tabelle 12; Abbildung 16).

Tabelle 12: Geschätzte Parameter a bis d (und Standardfehler) für die Originalgradienten aus der Funktion $y(x,t) = 1 / (1 + \exp(-((c + d^*t) - x / (a + b^*t))))$ und die kritische Zeit t_c

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,98	-2,1487 (0,4128)	0,3203 (0,0374)	-2,5635 (0,1811)	0,1646 (0,0075)	6,71

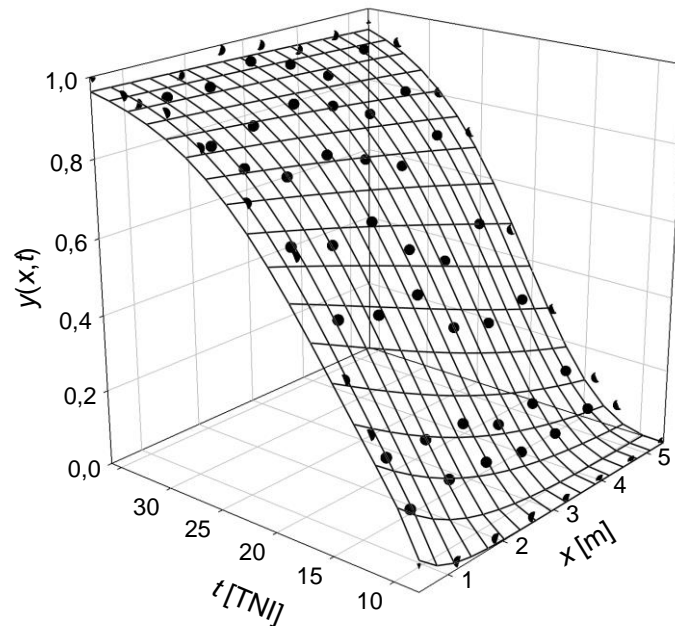


Abbildung 16: Raum-zeitliche Entwicklung des Echten Mehltaus beschrieben durch $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ mit den Parameterwerten der Tabelle 12

Die Beschreibung von Epidemien bzw. Befallsgradienten dient auch der Abschätzung, wann Pflanzenschutzmaßnahmen erforderlich werden. Wird eine bestimmte/kritische Befallsstärke überschritten, ist es unter Umständen zu spät für eine erfolgreiche Bekämpfung. Mit der Isopfadgeschwindigkeit einer bestimmten Befallsstärke kann abgeschätzt werden, wann die Krankheit an einer bestimmten Entfernung von der Inokulumquelle ein kritisches Niveau erreicht.

Für die Befallsstärken $y = 0,1$, $0,25$ und $0,5$ sind die zwischen 2 Boniturterminen zurückgelegten Distanzen, die horizontalen durchgehenden Linien, ablesbar (Abbildung 17). Für die Befallsstärke $y = 0,25$ und den Zeitraum $\Delta t = 20-15$ TNI ergibt sich daraus eine zurückgelegte Distanz von $5,1$ m. Das entspricht einer mittleren Geschwindigkeit von $v = 1,02$ m/Tag. Die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung der Befallsstärke bei der Entfernung $x = 1$ m. Für den Zeitraum $\Delta t = 15-10$ TNI liegt die zurückgelegte Distanz bei $3,64$ m, für $\Delta t = 20-15$ TNI $3,95$ m (Abbildung 17).

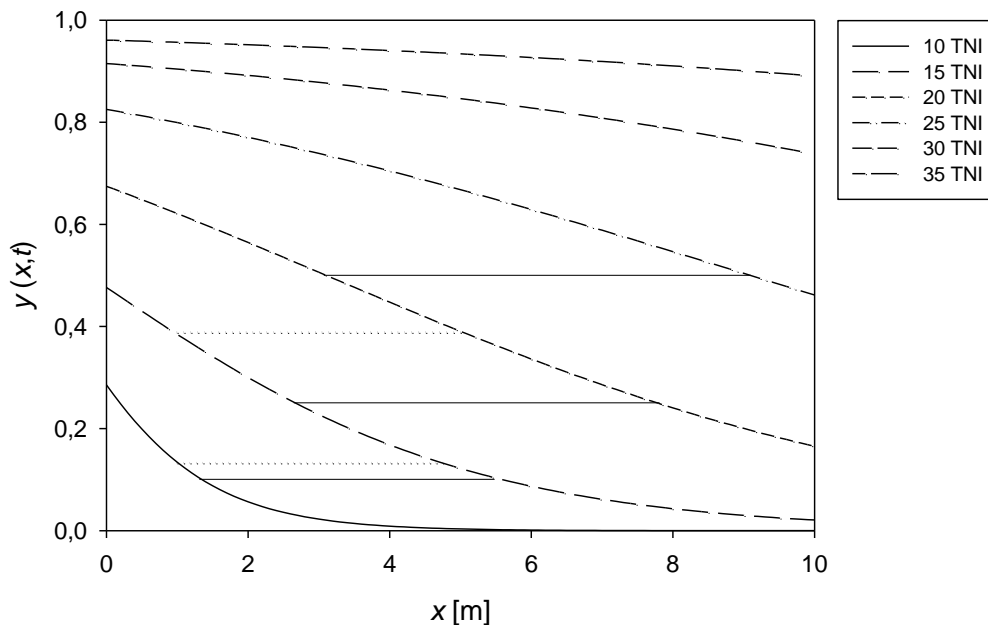


Abbildung 17: Gradienten des Echten Mehltaus an 6 ausgewählten Zeitpunkten, berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$. Die horizontalen durchgehenden Linien zeigen die zurückgelegte Entfernung für $y(x,t) = 0,1; 0,25$ und $0,5$ zwischen 2 Boniturterminen, die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung unterschiedlicher $y(x,t)$ bei der Entfernung $x = 1$ m

Die Geschwindigkeit der Isopfade wurde über die partielle Ableitung von $\delta x/\delta t$ mit folgender Formel berechnet:

$$v(y,t) = (d*a+b*c-b*\logit(y))+2*b*d*t \quad \text{Gleichung 4}$$

Die Isopfadgeschwindigkeit einer gegebenen Befallsstärke y nimmt linear mit der Zeit t zu. Die Geschwindigkeit steigt um $2*b*d = 0,074$ m/Tag an. An einem festen Zeitpunkt betrachtet, nimmt sie jedoch mit zunehmender Befallsstärke ab. Die Isopfadgeschwindigkeiten in m/Tag für die Befallsstärken $y = 0,05; 0,1; 0,25$ und $0,5$ sind in Abbildung 18 dargestellt.

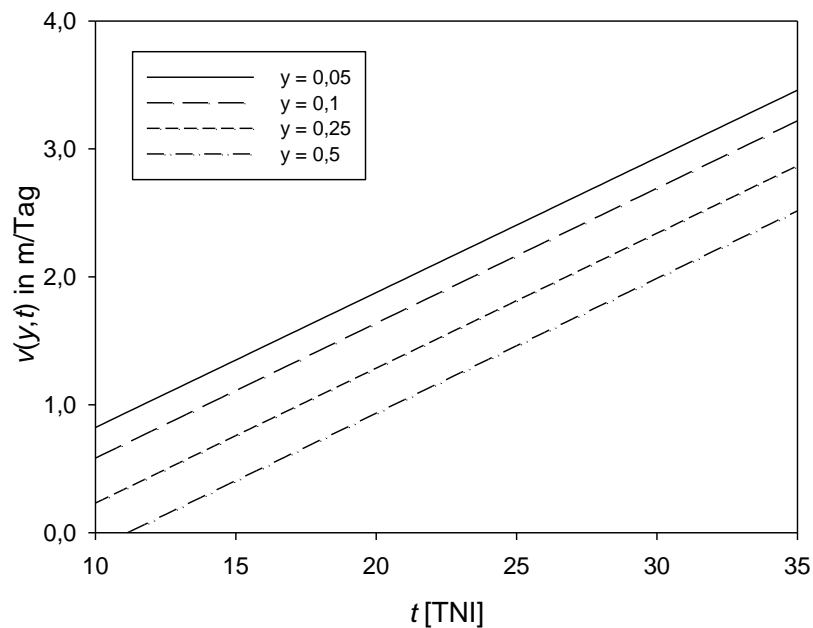


Abbildung 18: Isopfadgeschwindigkeiten in m/Tag für die Befallsstärken $y = 0,05; 0,1; 0,25$ und $0,5$ in Abhängigkeit von der Zeit t

Die berechneten Isopfadgeschwindigkeiten zeigen, dass sich die niedrigeren Befallsstärken schneller im Bestand ausbreiteten als die höheren (Abbildung 18). Dabei blieb die Isopfadgeschwindigkeit aller Befallsstärken nicht konstant, sondern stieg mit der Zeit t linear an. Der Echte Gurkenmehltau breitete sich demnach in Form einer dispersiven Welle aus.

Die mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x)/(a+b^*t)))$ berechneten Befallskurven für 3 ausgewählte Entfernungen zeigt einen höheren Anstieg der Befallsstärke nahe der Inokulumquelle als bei 2,5 und 4,5 m. Ab ungefähr 25 Tagen nach Inokulation zeigen die Kurven einen ähnlichen Verlauf und erreichen in allen Entfernungen zum Ende des Versuchs eine Befallsstärke von $y = 0,95 - 0,96$ (Abbildung 19).

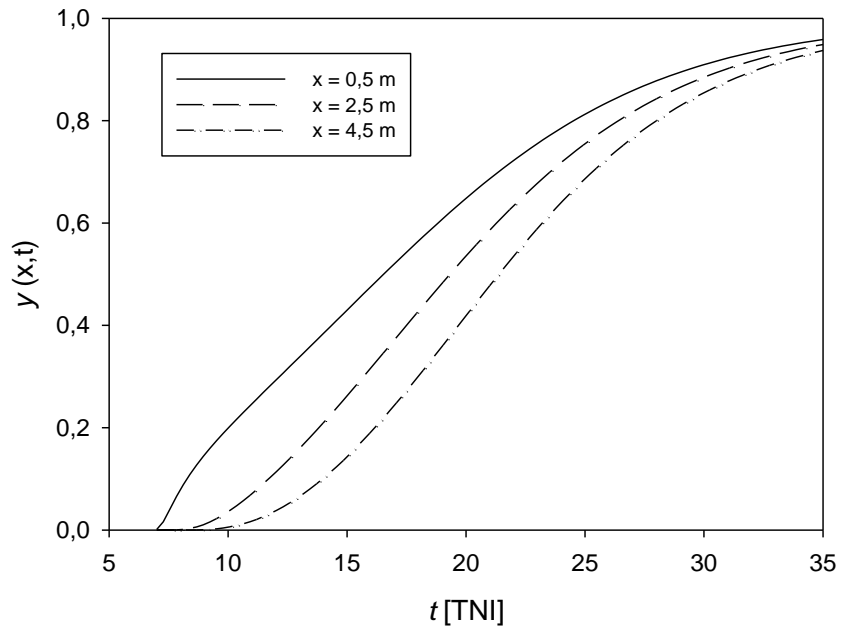


Abbildung 19: Befallskurven der Befallsstärke berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ für 3 Entfernungsstufen

Versuch 2

Zum Zeitpunkt des Aufstellens der Inokulumpflanzen hatten die Versuchspflanzen durchschnittlich 7 Blätter, von denen aber nur die 4 Blätter in der unteren Etage zwischen 0 – 50 cm in den Auswertungen berücksichtigt wurden. Zum Versuchsende hatten die Pflanzen im Mittel 31,5 Blätter, wobei es keine Unterschiede in der Anzahl der Blätter zwischen den verschiedenen Entfernungen zur Inokulumquelle gab. Erste Symptome zeigten sich nach 7 Tagen, nach 12 Tagen waren bereits alle Versuchspflanzen befallen.

Die Befallskurven verliefen bis 16 Tage nach Aufstellen der Inokulumpflanzen (TNI) relativ flach, stiegen dann sprunghaft an und erreichten gegen Ende des Versuchs Befallsstärken zwischen $y = 0,8$ und $y = 1,0$ (Abbildung 20).

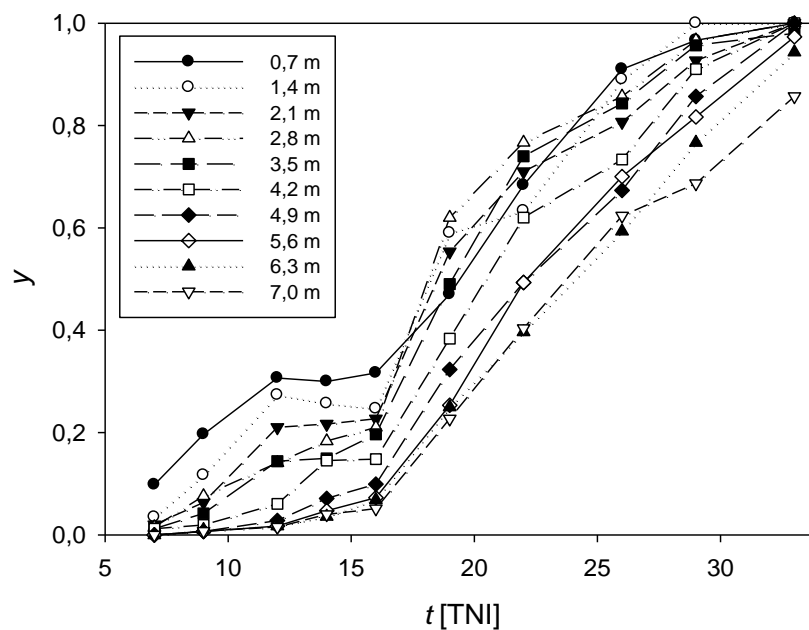


Abbildung 20: Verlauf der Befallsstärke in den einzelnen Reihen mit unterschiedlicher Entfernung zur Inokulumquelle in Abhängigkeit von der Zeit t in Tagen nach Aufstellen der Inokulumpflanzen (TNI)

Befallsgradienten entwickelten sich ab 7 TNI. Nahe der Inokulumquelle waren diese zunächst steiler, flachten dann ab der Entfernung von 4,2 m zur Inokulumquelle ab.

An den letzten 5 Boniturterminen (19-33 TNI) verliefen die Gradienten ungleichmäßig mit einem Anstieg der Befallsstärke zwischen 1,4 und 2,8 m von der Inokulumquelle verglichen mit dem Befall der ersten Reihe (0,7 m) (Abbildung 21).

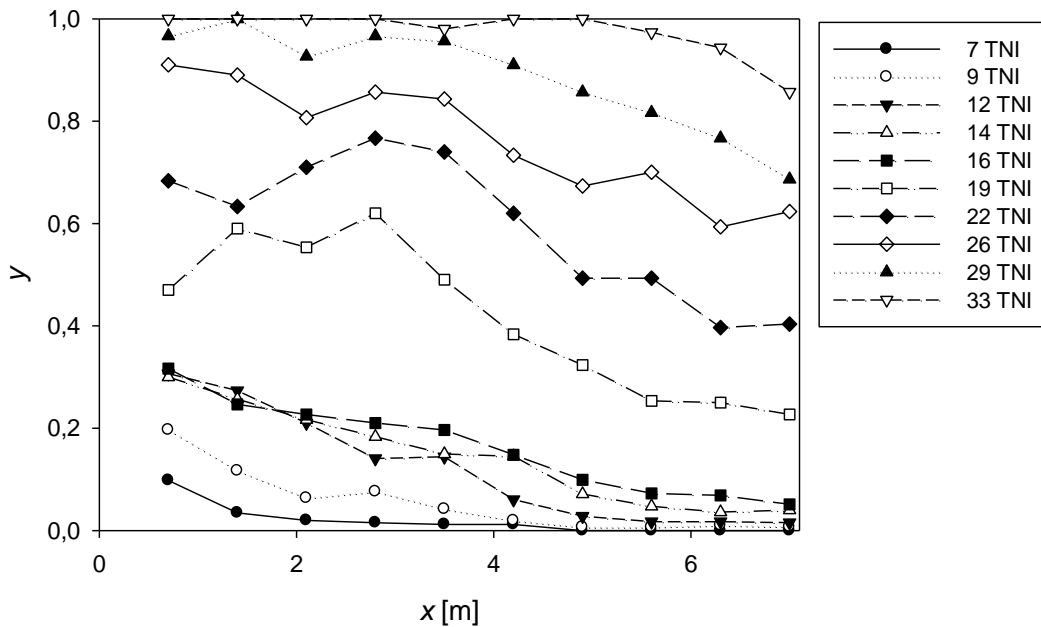


Abbildung 21: Gradienten der Befallsstärke an 10 Boniturterminen

Wie in Versuch 1 wurden die Gradienten linearisiert, indem die Befallsstärke y logit-transformiert wurde, die Entfernung x aber untransformiert blieb (Abbildung 22).

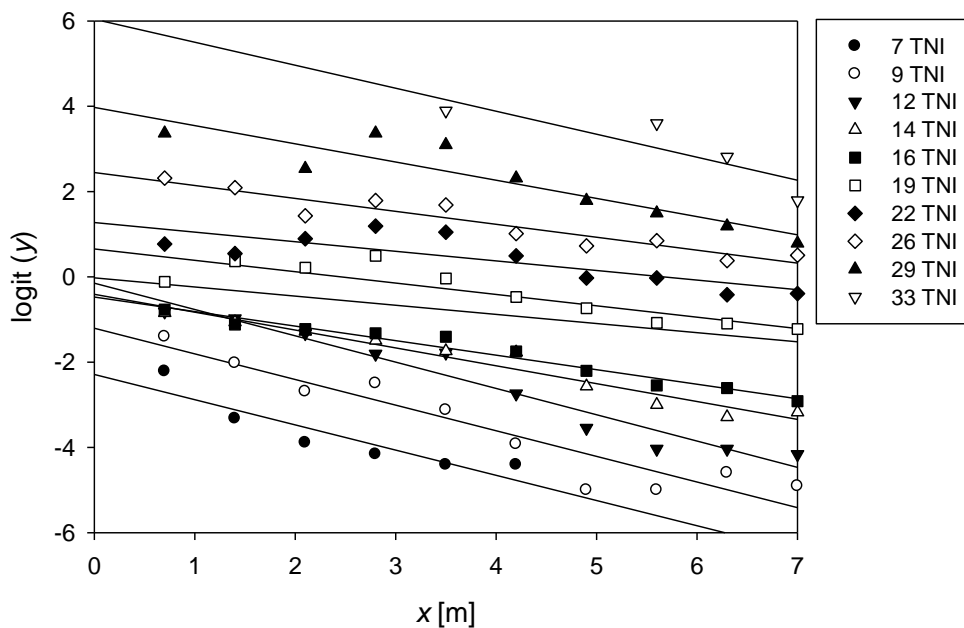


Abbildung 22: Logit-transformierte Gradienten der Befallsstärke y an 10 Boniturterminen sowie die dazugehörigen Regressionsgraden

Der unregelmäßige Verlauf der Gradienten an den letzten 5 Boniturterminen zeigte sich in der Abweichung der Einzelwerte von der Regressionsgraden (Abbildung 22). Die weitere Analyse der Gradienten wurde wie in Versuch 1 durchgeführt. Die Zwischenschritte bei der Berechnung werden hier nur kurz dargestellt; die entsprechenden Abbildungen und Tabellen sind in Anhang 1 enthalten.

Die Steigungen und Achsenabschnitte der transformierten Gradienten wurden gegen die Zeit aufgetragen (Abbildung A1.1, Abbildung A1.2).

Die fallende Hyperbel lieferte eine weniger gute Anpassung ($R^2 = 0,27$) an die Steigungen als in Versuch 1, konnte aber aufgrund des unregelmäßigen Verlaufs der Gradienten auch mit einer exponentiell fallenden oder einer linearen Regression nicht besser beschrieben werden (Daten nicht gezeigt).

Der Verlauf der Achsenabschnitte wurde mit einer linearen Funktion gut beschrieben ($R^2 = 0,94$) (Tabelle A1.1).

Das aus den beiden Funktionen $A(t)$ und $B(t)$ entwickelte Modell wurde simultan an die transformierten Gradienten angepasst (Abbildung A1.3) und beschrieb die Entwicklung des Echten Mehltaus in Raum und Zeit sehr gut ($R^2 = 0,97$) (Tabelle A1.2).

Die Daten der Originalgradienten wurden anschließend an das Modell $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ angepasst. Wie in Versuch 1 beschrieb das aus 4 Parametern bestehende Modell die Originalgradienten an 9 Zeitpunkten und in 10 Distanzen sehr gut ($R^2 = 0,98$) (Tabelle 13). Da a nicht signifikant unterschiedlich von 0 war, wurde dieser Parameter gleich 0 gesetzt. Mit den 3 Parametern b , c und d beschrieb das Modell die Gradienten genauso gut.

Tabelle 13: Geschätzte Parameter a bis d (Abbildung 23 und Standardfehler) für die Originalgradienten des Versuchs 2 ($y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$) und die kritische Zeit t_c

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,98	0	0,1797 (0,0133)	-3,3874 (0,1708)	0,2122 (0,0078)	0

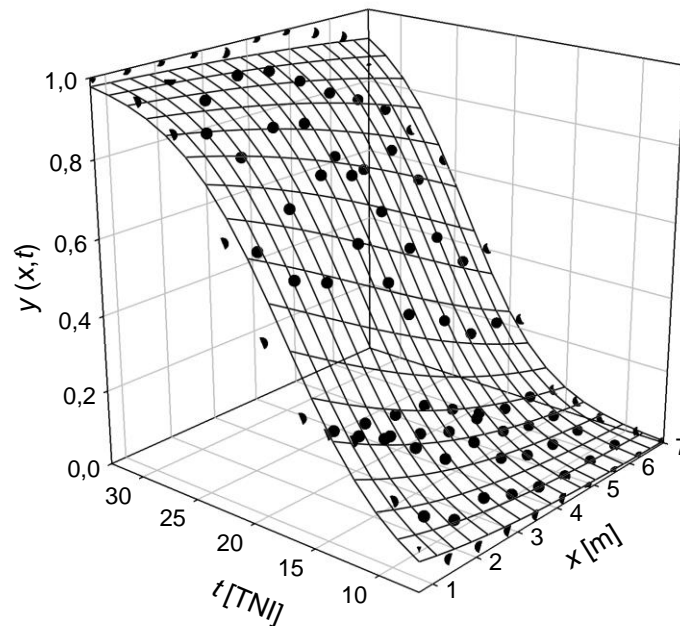


Abbildung 23: Raum-zeitliche Entwicklung des Echten Mehltaus beschrieben durch: $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ mit den Parameterwerten aus Tabelle 13

Beispielhaft wurden die in 5 Tagen zurückgelegten Distanzen für die Befallsstärken $y = 0,1$; $0,25$ und $0,5$ in Abbildung 24 dargestellt (horizontale durchgezogene Linien).

Die Entwicklung der Befallsstärke an der Stelle $x = 1$ m zeigen die horizontalen gepunkteten Linien.

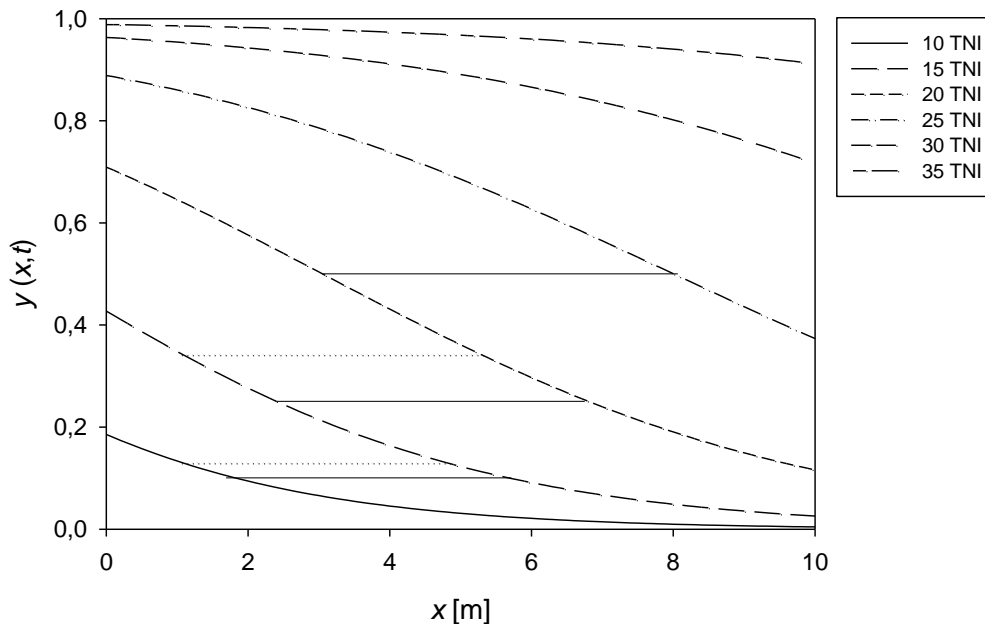


Abbildung 24: Gradienten des Echten Mehltaus an 6 ausgewählten Zeitpunkten, berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x)/(a+b^*t)))$. Die horizontalen durchgehenden Linien zeigen die zurückgelegte Entfernung für $y(x,t) = 0,1; 0,25$ und $0,5$ zwischen 2 Boniturterminen, die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung unterschiedlicher $y(x,t)$ bei der Entfernung $x = 1$ m

Die für die Befallsstärken $y = 0,05; 0,1; 0,25$ und $0,5$ mit der Formel $v(y,t) = (d^*a+b^*c-b^*\text{logit}(y))+2^*b^*d^*t$ berechneten Isopfadgeschwindigkeiten sind in Abbildung 25 dargestellt. Vergleicht man dieselbe Befallsstärke an verschiedenen Zeitpunkten wird deutlich, dass die Isopfadgeschwindigkeit mit der Zeit zunimmt und sich der Echte Mehltau in Form einer dispersiven Welle ausbreitet. Die niedrigeren Befallsstärken breiteten sich schneller im Bestand aus als die höheren.

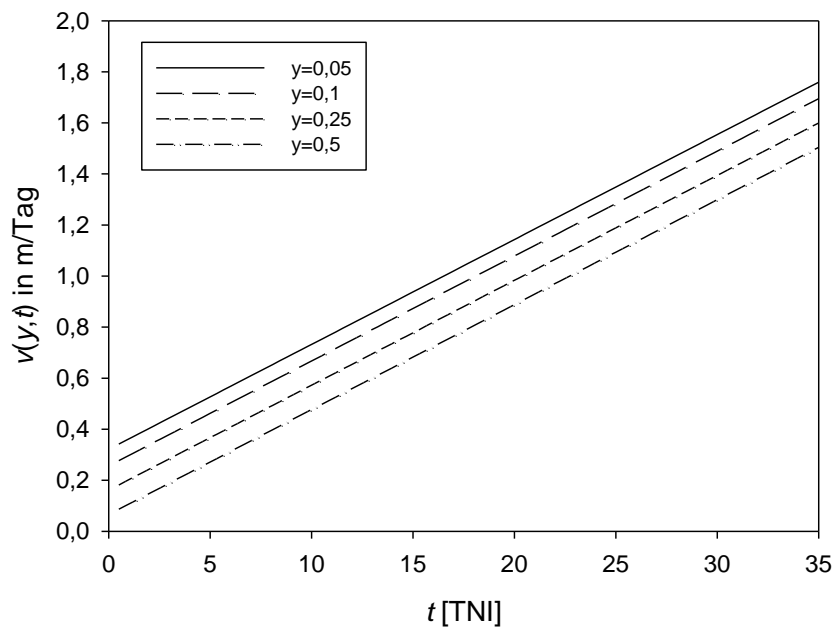


Abbildung 25: Isopfadgeschwindigkeiten in m/Tag für die Befallsstärken 0,05; 0,1; 0,25 und 0,5 in Abhängigkeit von der Zeit t

Die mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x/(a+b^*t))))$ berechneten Befallskurven für 3 ausgewählte Entfernungen von der Inokulumquelle zeigen einen ähnlichen Verlauf für alle Distanzen (Abbildung 26). Zum Ende des Versuchs werden in allen Entfernungen Befallsstärken zwischen $y = 0,97$ und $0,98$ erreicht.

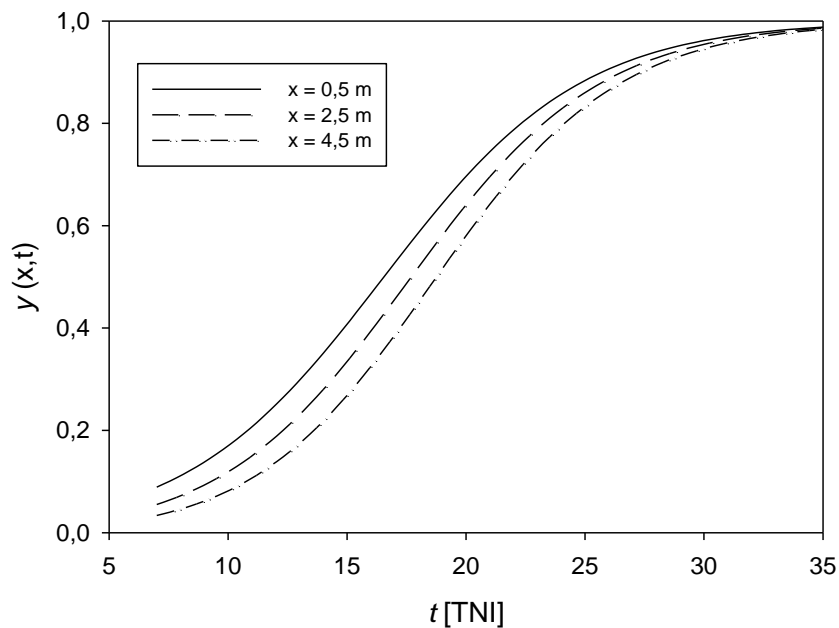


Abbildung 26: Befallskurven der Befallsstärke berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x/(a+b^*t))))$ für 3 Entfernungsstufen

Versuch 3

In diesem Versuch mit der höchsten Bestandesdichte lag das Befallsniveau der ersten Reihe (0,7 m) bis 25 Tage nach Aufstellen der Versuchspflanzen (TNI) deutlich über den anderen Entfernungsstufen. Die untere Etage zwischen 0 und 50 cm über der Substratoberfläche hatte durchschnittlich 5,4 Blätter, die ganzen Pflanzen am Versuchsende im Mittel 26 Blätter. Die Befallsstärke der Distanzen 1,4 – 4,9 m lag bis 16 TNI relativ niedrig zwischen $y = 0,01$ und $y = 0,2$, stieg dann aber deutlich an und näherte sich wie die Werte der ersten Reihe asymptotisch der maximalen Befallsstärke $y = 1$ (Abbildung 27).

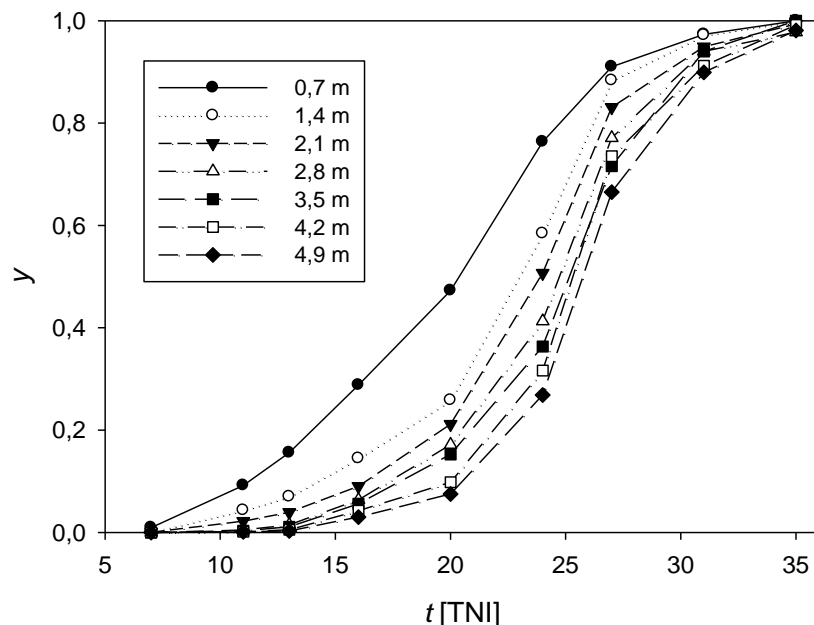


Abbildung 27: Verlauf der Befallsstärke in den einzelnen Reihen mit unterschiedlicher Entfernung zur Inokulumquelle in Abhängigkeit von der Zeit t in Tagen nach Aufstellen der Versuchspflanzen (TNI)

Elf Tage nach Versuchsbeginn entwickelten sich Befallsgradienten, die bis 24 TNI nahe der Inokulumquelle recht steil verliefen und mit zunehmender Entfernung abflachten. An den letzten 3 Boniturterminen verliefen die Gradienten sehr flach mit Befallsstärken zwischen 0,9 und 1,0 (Abbildung 28).

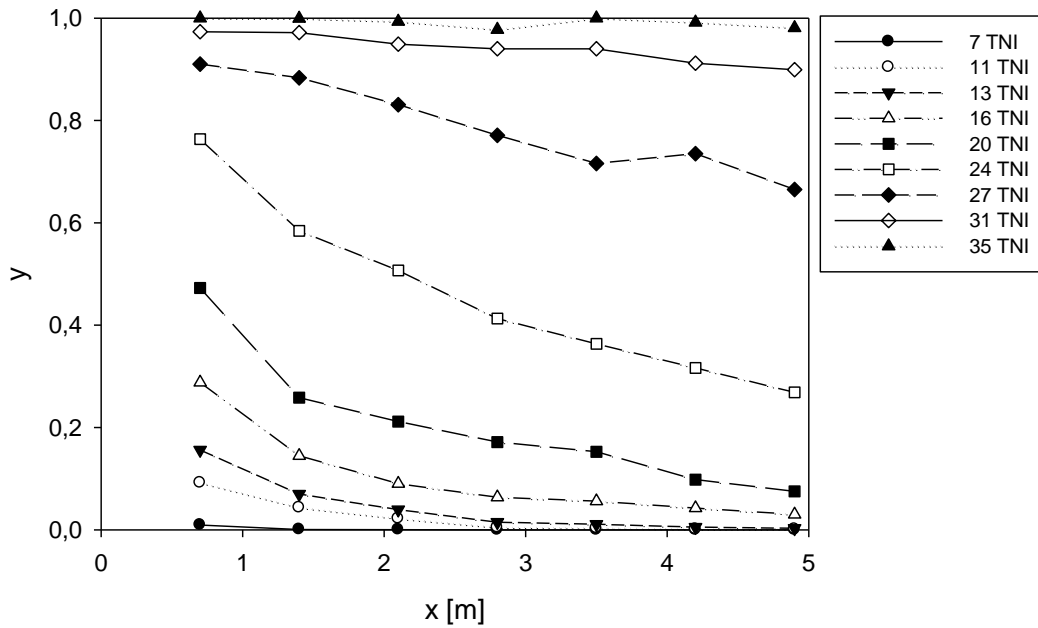


Abbildung 28: Gradienten der Befallsstärke an 9 Boniturterminen

Wie in den Versuchen 1 und 2 wurden die Gradienten linearisiert, indem die Befallsstärke y logit-transformiert wurde, die Entfernung x aber untransformiert blieb (Abbildung 29).

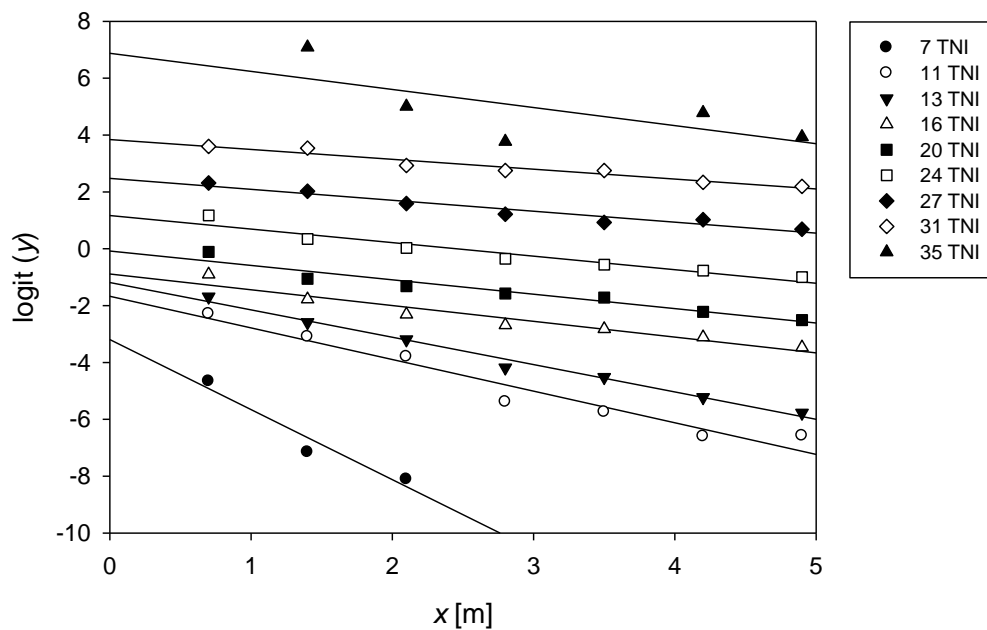


Abbildung 29: Logit-transformierte Gradienten der Befallsstärke y an 9 Boniturterminen sowie die dazugehörige Regressionsgeraden

Die weitere Analyse der Gradienten erfolgte wie in Versuch 1. Die Zwischenschritte bei der Berechnung werden hier wieder nur zusammengefasst; die Abbildungen und Tabellen dazu sind in Anhang 2.

Die zeitliche Abhängigkeit der Steigungen und Achsenabschnitte wurde durch Auftragen gegen die Zeit t [TNI] überprüft. Die Steigungen konnten mit einer fallenden Hyperbel gut beschrieben werden ($R^2 = 0,96$) (Abbildung A2.1).

An die Achsenabschnitte wurde eine lineare Funktion $A(t) = c+d*t$ angepasst ($R^2 = 0,95$) (Abbildung A2.2). In Tabelle A2.1 sind die in der Regression geschätzten Parameter a bis d aufgeführt.

Mit den beiden Zeitfunktionen für den Achsenabschnitt und die Steigung konnte die raum-zeitliche Entwicklung des Echten Gurkenmehltaus im transformierten System recht gut beschrieben werden ($R^2 = 0,97$) (Abbildung A2.3, Tabelle A2.2).

Die Originalgradienten von 9 Zeitpunkten und 7 Distanzen wurden an das Modell $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ angepasst ($R^2 = 0,99$) (Abbildung 30).

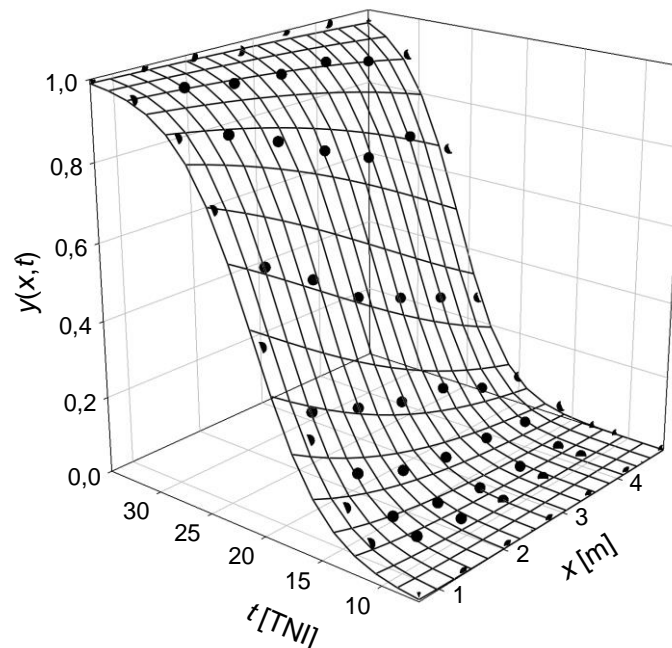


Abbildung 30: Raum-zeitliche Entwicklung des Echten Mehltaus beschrieben durch $y(x,t)=1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ mit den Parameterwerten der Tabelle 14

Das Modell mit nur 4 Parametern beschrieb die raum-zeitliche Dynamik der Gradienten sehr gut ($R^2 = 0,99$) (Tabelle 14). Wie in Versuch 2 war der Parameter a nicht signifikant unterschieden von 0, das Modell mit 3 Parametern beschrieb auch hier die Gradienten genauso gut wie mit 4 Parametern.

Tabelle 14: Geschätzte Parameter a bis d (und Standardfehler) für die Originalgradienten ($y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$) und die kritische Zeit t_c

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,99	0	0,0903 (0,0072)	-6,3095 (0,3146)	0,3192 (0,0135)	0

Die zwischen 2 Boniturterminen zurückgelegte Distanz einer Befallsstärke wurde beispielhaft für die Befallsstärken $y = 0,1; 0,25$ und $0,5$ in Abbildung 31 dargestellt (horizontale durchgehende Linien). Die Entwicklung der Befallsstärke an der Stelle $x = 1$ m zeigen die horizontalen gepunkteten Linien.

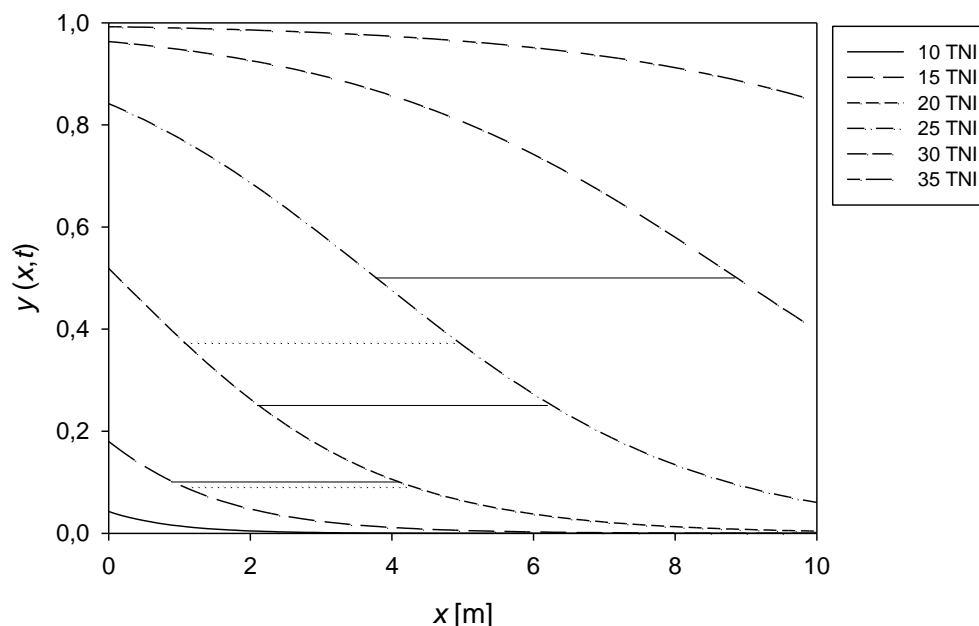


Abbildung 31: Gradienten des Echten Mehltaus an 6 ausgewählten Zeitpunkten, berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$. Die horizontalen durchgehenden Linien zeigen die zurückgelegte Entfernung für $y(x,t) = 0,1; 0,25$ und $0,5$ zwischen 2 Boniturterminen; die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung unterschiedlicher $y(x,t)$ bei der Entfernung $x = 1$ m

Die über die partielle Ableitung von $\delta x/\delta t$ berechneten Isopfadgeschwindigkeiten für die Befallsstärken $y = 0,05; 0,1; 0,25$ und $0,5$ zeigten wie in den ersten Versuchen einen deutlichen Anstieg der Ausbreitungsgeschwindigkeit für alle Befallsstärken (Abbildung 32). Dabei breiten sich die niedrigen Befallsstärken auch bei hoher Bestandesdichte schneller aus als die höheren und der Echte Mehltau breitet sich in Form einer dispersiven Welle aus.

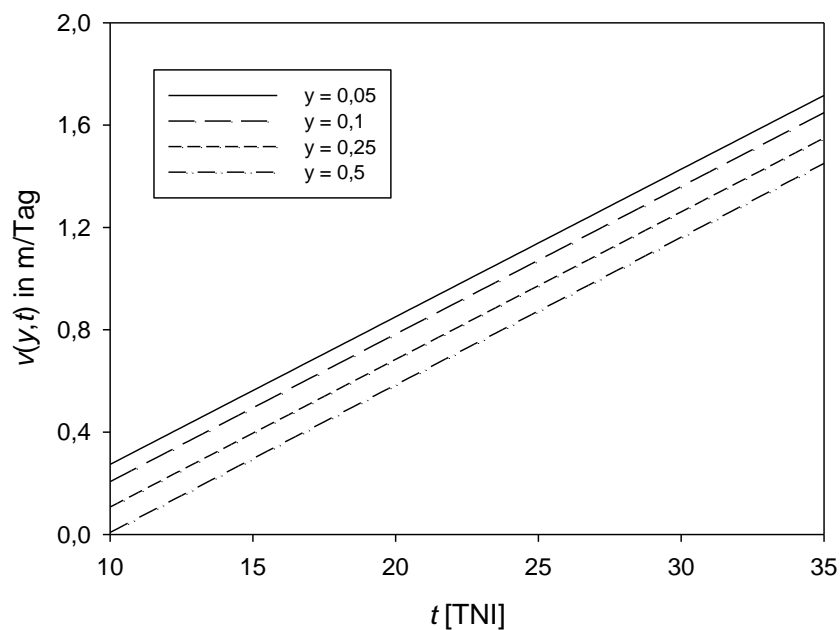


Abbildung 32: Isopfadgeschwindigkeiten in m/Tag für die Befallsstärken $y = 0,05; 0,1; 0,25$ und $0,5$ in Abhängigkeit von der Zeit t

Die mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x/(a+b^*t))))$ berechneten Befallskurven für 3 ausgewählte Entfernungen von der Inokulumquelle zeigen einen ähnlichen Verlauf für alle Distanzen (Abbildung 33). Zum Ende des Versuchs werden in allen Entfernungen Befallsstärken zwischen $y = 0,97$ und $0,99$ erreicht.

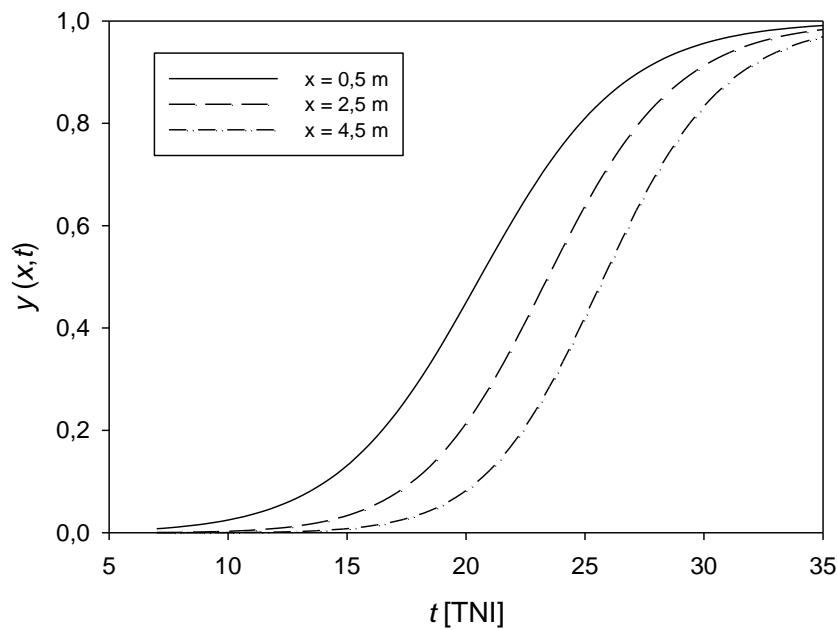


Abbildung 33: Befallskurven der Befallsstärke berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ für 3 Entfernungsstufen

Vergleich der drei Versuche

In 3 Versuchen, die sich in der Bestandesdichte und der maximal gemessenen Entfernung zur Inokulumquelle unterschieden, wurde die Entwicklung der Befallsstärke in Abhängigkeit von der Entfernung x und der Zeit t untersucht. Die Befallskurven zeigten in allen 3 Versuchen einen sigmoiden Kurvenverlauf mit einem schnellen Anstieg an den ersten Boniturterminen in den Versuchen 1 und 2 und einen mit der höheren Bestandesdichte zu erklärenden flacheren Anstieg im 3. Versuch. Die Gradienten entwickelten sich 7-11 Tage nach Versuchsbeginn und verliefen nahe den Inokulumquellen zunächst recht steil und flachten dann mit zunehmender Entfernung ab. An den letzten Boniturterminen der einzelnen Versuche nahm die Steigung ab und die Befallsstärke war in allen gemessenen Entfernungen ähnlich, mit Ausnahme der untypisch verlaufenden Gradienten im Versuch 2 mit der geringsten Bestandesdichte. Die geschätzten Parameter und Bestimmtheitsmaße nach Anpassung des entwickelten Modells an die Originalgradienten sind in Tabelle 15 aufgeführt.

Die Auswirkungen einer höheren Bestandesdichte auf die Mehltau-Epidemie zeigt die Abbildung 34. Für alle drei Versuche wurden mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x/(a+b^*t))))$ die Befallskurven für die Distanz $x = 3$ m berechnet. Für den Versuch 3 mit 2,3 Pflanzen/m² ist ein deutlich langsamerer Anstieg der Befallsstärke bis 25 Tage nach Inokulation erkennbar als in den beiden Versuchen mit der geringeren Bestandesdichte. Der Versuch 2 mit der geringen Bestandesdichte (1,5 Pflanzen/m²) erreicht die insgesamt höchste Befallsstärke. Denkbar ist eine durch den lichten Bestand nur geringe Verdünnung der Sporenwolke durch die Pflanzen, so dass sich der Echte Mehltau besser als in dem ersten und dritten Versuch ausbreiten konnte. Einen Vergleich der Gradienten zum Zeitpunkt 20 TNI zeigt die Abbildung 35. Die Gradienten verlaufen in allen Versuchen sehr ähnlich, die Befallsstärke y in den Versuchen 1 und 2 ist zu diesem Zeitpunkt aber deutlich höher als im Versuch 3 mit der höheren Bestandesdichte.

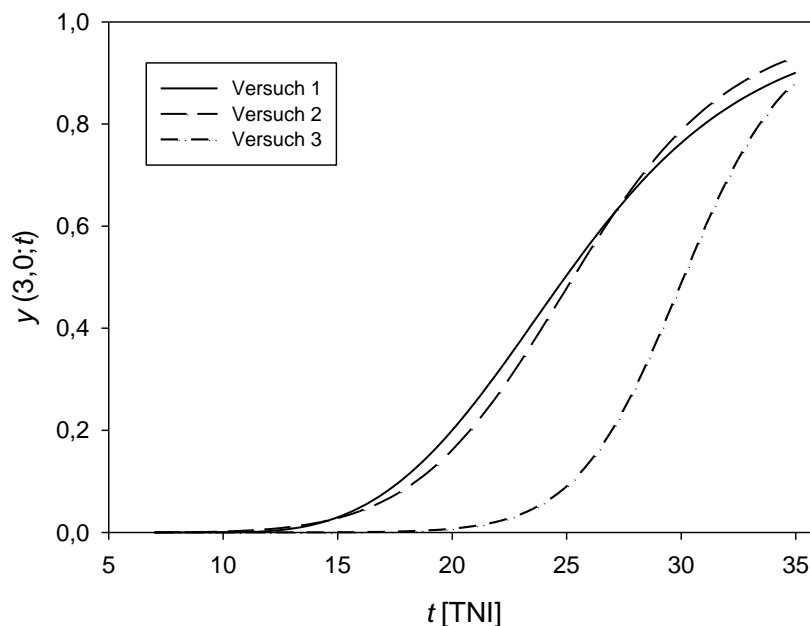


Abbildung 34: Befallskurven der Befallsstärke y berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x/(a+b^*t))))$ für die Entfernung $x = 3$ m

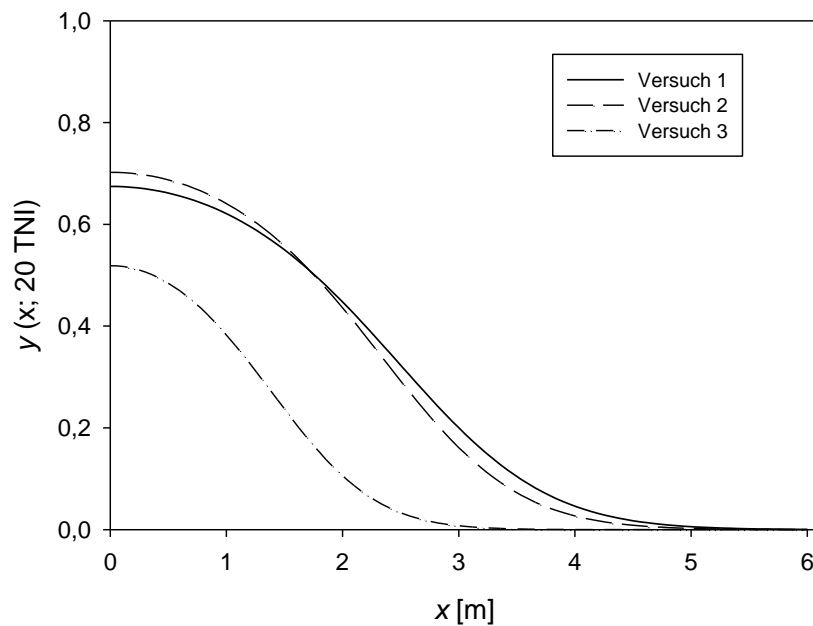


Abbildung 35: Gradienten der Befallsstärke y berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x/(a+b^*t))))$ zum Zeitpunkt $t = 20$ TNI

Tabelle 15: Geschätzte Parameter (\pm Standardfehler) und Bestimmtheitsmaße (R^2) nach Anpassung des Modell $y(x,t)=1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x/(a+b^*t))))$ an die Originalgradienten

	R^2	a	b	c	d
Versuch 1	0,98	-2,1487 (0,4128)	0,3203 (0,0374)	-2,5635 (0,1811)	0,1646 (0,0075)
Versuch 2	0,98	0	0,1797 (0,0133)	-3,3874 (0,1708)	0,2122 (0,0078)
Versuch 3	0,99	0	0,0905 (0,0072)	-6,3095 (0,3146)	0,3192 (0,0135)

Die Zunahme der Isopfadgeschwindigkeit wurde mit der Steigung der Gleichung 4 ($v(y,t) = (d^*a+b^*c-b^*\text{logit } y) + 2^*b^*d^*t$) berechnet (Tabelle 16). Die Isopfadgeschwindigkeit steigt im Versuch 2 mit der geringsten Bestandesdichte am schnellsten, in Versuch 3 mit der höchsten Bestandesdichte am geringsten. Ein dichter Pflanzbestand kann demnach die Ausbreitung des Echten Mehltaus verlangsamen.

Tabelle 16: Zunahme der Isopfadgeschwindigkeit

	2^*b^*d
Versuch 1	0,0738
Versuch 2	0,0763
Versuch 3	0,0578

Diskussion

In drei Gewächshausversuchen mit Salatgurken wurde die raum-zeitliche Entwicklung des Echten Gurkenmehltaus und die Dynamik der Befallsgradienten untersucht. Die Versuche unterschieden sich in der Bestandesdichte und den maximalen Entfernungen zu der linienförmigen Inokulumquelle.

Ziel dieser Arbeit war die Beschreibung der Dynamik der Gradienten des Echten Gurkenmehltaus (*Podosphaera xanthii*) ohne den Einfluss des Wirtswachstums. Dafür wurden nur die Befallsstärken der unteren Blätter, die sich zwischen 0 - 50 cm über der Substratoberfläche befanden, ausgewertet, so dass die „Reduzierung“ der Befallsintensität durch neu hinzukommende Blattfläche ausgeschlossen wurde (Ferrandino, 2008).

Die ersten Symptome an den Versuchspflanzen waren nach 7-8 Tagen sichtbar. Wie von Bardin (1996) beschrieben, hat der Echte Gurkenmehltau, verursacht durch die Erreger *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii*, unter optimalen Bedingungen einen Entwicklungszyklus von nur 5-6 Tagen. Die Bedingungen im Gewächshaus für die Entwicklung der Krankheit waren daher gut und die Voraussetzungen für die Durchführung der Versuche gegeben.

In den beiden Versuchen mit der geringeren Bestandesdichte (1,5 und 1,6 Pflanzen/m²) stieg die Befallsstärke bereits nach 14-16 Tagen deutlich an, während sie im Versuch 3 mit dem dichteren Pflanzenbestand (2,3 Pflanzen/m²) erst nach rund 21 Tagen schneller zunahm. Am Versuchsende wurde unabhängig von der Bestandesdichte in allen Versuchen eine hohe Befallsstärke zwischen $y = 0,8$ und $1,0$ erreicht. Der Verlauf der Befallskurven ähnelte dem vieler polyzyklischer Krankheiten mit einem exponentiellen Wachstum im Frühstadium der Epidemie übergehend in einen logistischen Verlauf, der das Abflachen der Kurve bedingt durch schwindendes Inokulum und/oder abnehmendes befallsfreies Gewebe, ungünstige Witterung und andere Umweltwiderstände berücksichtigt (Kranz, 1996). Jede neue Läsion im Bestand stellt eine neue Inokulumquelle dar, von der aus sich wiederum neue Konidien verbreiten (Madden et al., 2007).

Nach 7-11 Tagen entwickelten sich Befallsgradienten, die an den ersten Boniturterminen und nahe der Inokulumquelle zunächst steil verliefen. Bereits nach 12-14 Tagen waren alle Pflanzen des Bestandes befallen und die Gradienten flachten mit der Zeit zunehmend ab. Bedingt durch die Entstehung von Sekundärquellen auch auf den Pflanzen mit höherer Entfernung zur Inokulumquelle, konnte sich der Echte Mehltau von diesen Infektionsquellen ausgehend im Bestand zunehmend schneller ausbreiten (Berger & Luke, 1979). Verschiedene Studien zeigten dabei ähnliche Verläufe von Befallsgradienten für verschiedene Pathosysteme mit polyzyklischen Krankheiten: Bohnenrost (*Uromyces appendiculatus*) (Aylor & Ferrandino, 1989); Kartoffelkraut- und -knollenfäule (*Phytophthora infestans*) (Minogue & Fry, 1983) sowie Schwarzer Blattschimmel an Tomate (*Pseudocercospora fuligena*) (Mersha, 2008). Ferrandino (1993) entwickelte ein Modell, das Gradienten generierte, die mit fortschreitendem Krankheitsverlauf ebenfalls abflachten.

Zur Vergleichbarkeit der Gradienten wurden diese mit verschiedenen Modellen linearisiert. Die beste Anpassung wurde erreicht, indem die Befallsstärke mit $\text{logit}(y) = \ln(y/(1-y))$ transformiert wurde, die Entfernung x aber untransformiert blieb. Dieselbe Transformation verwendeten auch Maffia & Berger (1999) für die Linearisierung von Gradienten des Bohnenrostes sowie Minogue & Fry (1983) für die Gradienten der Kraut- und Knollenfäule der Kartoffel. Das zunehmende Befallsniveau im Bestand zeigte sich im Anstieg der Achsenabschnitte im Verlauf des Versuchs und wurde später im Modell durch die lineare Funktion $A(t)$ beschrieben. Das Abflachen der Gradienten, also die mit fortschreitender Versuchsdauer abnehmende Steigung, konnte mit einer fallenden Hyperbel beschrieben werden und wurde im Modell mit $B(t)$ berücksichtigt. Im Versuch mit der geringsten Bestandesdichte (Versuch 2) war die Anpassung aufgrund des unregelmäßigen Verlaufs der Gradienten aber nur mäßig. Die simultane Anpassung mit dem Modell $\text{logit } y(x,t) = c + d \cdot t - 1 / (a + b \cdot t) \cdot x$, das die zeitliche Abhängigkeit der Steigungen und Achsenabschnitte berücksichtigt, an jeweils alle transformierten Gradienten eines Versuchs, lieferte sehr gute Anpassungen ($R^2 = 0,97$).

Die Überprüfung des Modells an den Originalgradienten lieferte mit der Umkehrung der logit-Transformation: $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-1/(a+b^*t)*x)))$ eine etwas bessere Anpassung an die Daten als im folgenden Kapitel 3, in dem die Gesamtpflanze betrachtet wird ($R^2 = 0,98$ und $0,99$). Dabei wurden sowohl die steileren Gradienten zu Beginn des Versuchs als auch die flacheren Gradienten im weiteren Verlauf sehr gut beschrieben. Fontem et al. (1991) entwickelten ein Modell, das ebenfalls unterschiedlich verlaufende Gradienten für *Alternaria brassicicola* auf Kohl anpasste.

Für den gezielten Einsatz von Pflanzenschutzmitteln sind möglichst genaue Kenntnisse über die Ausbreitung einer Krankheit im Bestand wichtig (Mersha, 2008). Die Isopfadgeschwindigkeit beschreibt, wie schnell sich eine bestimmte Befallsstärke von einer Infektionsquelle fortbewegt (Kranz, 1996). Oft ist die Schadschwelle von Bedeutung, bei der eine Bekämpfung erforderlich wird. Beispielhaft wurden hier die Isopfadgeschwindigkeiten für die Befallsstärken $y = 0,05, 0,1, 0,25$ und $0,5$ berechnet, wobei der Wert $0,05$ oft als Schadschwelle für den Echten Gurkenmehltau im Gewächshaus angesehen wird. Unabhängig von der Bestandesdichte breiteten sich die niedrigeren Befallsstärken schneller im Bestand aus als die höheren. Die Isopfadgeschwindigkeit nahm für alle Befallsintensitäten im Verlauf der Zeit linear zu. Ähnliche Beobachtungen machten Berger & Luke (1979), die einen Anstieg der Isopfadgeschwindigkeit von $0,2$ auf $1,2$ m/Tag feststellten und dies mit zunehmender Anzahl der sekundären Infektionsquellen im Bestand begründeten. Zunehmende Isopfadgeschwindigkeiten für alle Befallsintensitäten beschrieben auch Cowger et al. (2005) für den Gelbrost (*Puccinia striiformis*) in Weizen. Aufgrund der zunehmenden Isopfadgeschwindigkeit (in m/Tag) spricht man von einer dispersiven Welle, mit der sich der Echte Mehltau im Gurkenbestand ausbreitet (Campbell & Madden, 1990). Dies entspricht den Ergebnissen von Scherm (1996) und Ferrandino (1993), die davon ausgehen, dass die Isopfadgeschwindigkeit mit der Zeit und zunehmender Entfernung zur Inokulumquelle zunimmt.

Die Entwicklung der Befallsstärke für drei ausgewählte Entfernungen zur Inokulumquelle wurde mit der Funktion $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-1/(a+b^*t)*x)))$ für $x = 0,5$ m, $x = 2,5$ m und $x = 4,5$ m berechnet.

Die Befallskurven verliefen trotz der unterschiedlichen Distanzen nahezu parallel, wobei das Befallsniveau bei 0,5 m am höchsten und bei 4,5 m am geringsten war. Befallskurven, die ebenfalls ähnlich verliefen, sich dabei aber in den Befallsstärken in Abhängigkeit des Austriebzeitpunktes, des Behandlungszeitpunktes, den Resistenzeigenschaften oder des Standortes der Pflanzen im Bestand unterschieden, beschrieben Calonnec et al. (2014) für den Echten Mehltau an Wein. Bedingt durch die Entstehung von Sekundärinfektionen entstehen im Bestand neue Inokulumquellen, von denen aus die Verbreitung in gleicher Weise wie von der primären (künstlichen) Inokulumquelle ausgehend erfolgt.

Der direkte Vergleich der Befallskurven für die unterschiedlichen Bestandesdichten wurde beispielhaft für die Entfernung $x = 3$ m ebenfalls mit der Funktion $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-1/(a+b*t)*x)))$ berechnet. Die Befallskurven zeigten abhängig von der Bestandesdichte unterschiedliche Verläufe. In den Versuchen mit weniger Pflanzen pro Quadratmeter stieg die Befallsstärke schneller an und die beiden Kurven verliefen nahezu parallel. Im Versuch mit der höheren Bestandesdichte entwickelte sich der Befall zunächst langsamer, stieg dann aber steiler an und erreichte zum Ende des Versuchs das Befallsniveau der anderen Versuche. Einen ähnlichen Einfluss der Struktur des Pflanzenbestandes und der Produktion neuer Blattfläche auf die Befallsstärke und die Entwicklung des Echten Mehltaus im Bestand zeigten Calonnec et al. (2009) in Wein.

Bei Versuchen mit diesem oder ähnlichem Versuchsaufbau muss beachtet werden, dass die Arbeiten im Bestand trotz entsprechendem Aufbau und nötiger Vorsicht die Ausbreitung beeinflussen können (Berger & Luke, 1979). Die ungleichmäßigen Gradienten im Versuch mit der geringsten Bestandesdichte, in dem die Befallsstärke in den mittleren Entfernungen zeitweise höher lag als nahe der Inokulumquelle, entstanden möglicherweise durch eine defekte Schattierung, die dazu führte, dass die Luftverwirbelungen in diesem Bereich größer waren und die Konidien stärker verteilt.

Das entwickelte Modell mit nur drei bzw. vier Parametern beschrieb die Gradienten bei unterschiedlichen Bestandesdichten, verschiedenen Entfernungen und für mehrere Boniturtermine sehr gut ($R^2 = 0,98 - 0,99$).

Das Modell wurde relativ einfach gehalten und biologische Prozesse sowie Faktoren wie die Temperatur nicht berücksichtigt. Es ist aber ausreichend komplex, um die Dynamik der Gradienten zu beschreiben und zu vergleichen (Van Maanen & Xu, 2003).

In dieser Arbeit wurde nur die untere Blattetage berücksichtigt, grundsätzlich sollte aber die Veränderung der Fläche des anfälligen Wirtsgewebes im Verlauf einer Saison berücksichtigt werden (Cunniffe et al., 2015). Der Echte Gurkenmehltau breitete sich schon bei niedrigen Befallsstärken mit einer Geschwindigkeit bis zu 1,5 m/Tag im Bestand aus. Pflanzenschutzmaßnahmen sollten daher rechtzeitig getroffen werden, da sich der Echte Mehltau bereits zu Beginn der Epidemie schnell ausbreitet und Sekundärquellen diese Ausbreitung beschleunigen.

Literaturverzeichnis

Aylor, D.E., F.J. Ferrandino. 1989. Temporal and spatial development of bean rust epidemics initiated from an inoculated line source. *Phytopathology* 79: 146-151

Bardin, M. 1996. Diversité phénotypique et génétique des oïdiums des cucurbitacées, *Sphaerotheca fuliginea* et *Erysiphe cichoracearum*. Dissertationsschrift. Université Claude Bernard, Lyon

Berger, R.D. & H.H. Luke 1979. Spatial and temporal spread of oat crown rust. *Phytopathology* 69: 1199-1201

Calonnec, A., J.B. Burie, M. Langlais, Y. Mammeri. 2014. Modelling of powdery mildew spread over a spatially heterogeneous growing grapevine. *IOBC-WPRS Bullentin* Vol. 105, 137-148

Calonnec, A., P. Catolaro, J. Chadoeuf. 2009. Highlighting features of spatiotemporal spread of powdery mildew epidemics in the vineyard using statistical modeling on field experimental data. *Phytopathology* 99: 411-422

Campbell, C.L. & L.V. Madden. 1990. *Introduction to Plant Disease Epidemiology*. John Wiley & Sons, New York

Cowger, C., L. D. Wallace, C. C. Mundt. 2005. Velocity of spread of wheat stripe rust epidemics. *Phytopathology* 95: 972-982

Cunniffe, N.J., B. Koskella, C.J.E. Metcalf, S. Parnell, T.R. Gottwlad, C.A. Gilligan. 2015. Thirteen challenges in modelling plant disease epidemics. *Epidemics* 10: 6-10

Ferrandino, F.J. 1993. Dispersive Epidemic Waves: I. Focus expansion within a linear planting. *Phytopathology* 83: 795-802

Ferrandino, F.J. 2008. Effect of the crop growth and canopy filtration on the dynamics of plant disease epidemics spread by aerially dispersed spores. *Phytopathology* 98: 492-503

Fontem, D.A., R.D. Berger, D.P. Weingartner und J.A. Bartz. 1991. Progress and spread of dark leaf spot in cabbage. *Plant Disease* 75: 269-274

Frantzen, J., F. van den Bosch. 2000. Spread of organism: can travelling and dispersive waves be distinguished?. *Basic and Applied Ecology* 1: 83-92

Hau, B., W.J. Drepper, O. Prasertkit, J. Kranz, B.L. Renfro. 1995. Temporal and spatial aspects of the epidemiology of sorghum downy mildew on maize. *Plant Pathology* 44: 897-908

Kable, P.F., P.M. Fried, D.R. MacKenzie. 1980. The spread of a powdery mildew of peach. *Phytopathology* 70: 601-604

Koch, H. 1980. Räumliche Befallsmuster beim Echten Mehltau der Gerste. *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz* 87:731-737

Koch, E., E. Moll, A. Schmitt, C. Seifried. 2012. Echter Gurkenmehltau – Erreger, Regulierungsmöglichkeiten und Vorstellung einer Webanwendung zur Befallsbonitur. *Journal für Kulturpflanzen* 65: 162-168

Kranz, J. 1996. *Epidemiologie der Pflanzenkrankheiten: eine Einführung in Grundlagen, Methoden und praktische Anwendung*. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

Lebeda, A., E. Křistková, B. Sedláková, Coffey, M.D., J.D. McCreight. 2011. Gaps and perspectives of pathotype and race determination in *Golovinomyces cichoracearum* and *Podosphaera xanthii*. *Mycoscience* 52: 159-164

Lim, S.M. 1978. Disease severity gradient of soybean downy mildew from a small focus of infection. *Phytopathology* 68: 1774-1778

Madden, L.V., G. Hughes, F. van den Bosch. 2007. *The Study of Plant Disease Epidemics*. APS Press, St. Paul, MN.

Maffia, L. A. und R. D. Berger. 1999. Models of Plant disease epidemics. II: Gradients of bean rust. *Phytopathology* 147: 199-206

Mersha, Z. 2008. Epidemiological investigations of Black Leaf Mold (*Pseudocercospora fuligena* (Roldan) Deighton) on Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) under protected cultivation. *Dissertationschrift*. Gottfried Wilhelm Leibniz Universität Hannover

Minogue, K.P. & W.E. Fry. 1983. Models for the spread of disease: some experimental results. *Phytopathology* 73: 1173-1176

Pérez-García, A., D. Romero, A. Fernández-Ortuño, F. López-Ruiz, A. De Vicente, J. A. Torés. 2009. The powdery mildew fungus *Podosphaera fusca* (synonym *Podosphaera xanthii*), a constant threat to cucurbits. *Molecular Plant Pathology* 10: 153-160

Scherm, H. 1996. On the velocity of epidemic waves in model plant disease epidemics. *Ecological Modelling* 87: 217-222

Sitterly, W.R. 1978. Powdery mildews of cucurbits. *In*: Spencer, D.M. *The powdery mildews*. Glasshouse Crop Research Institute. Littlehampton, Sussex, England. Academic Press, London, New York, San Francisco

Van den Bosch, F., J.C. Zadoks, J.A.J. Metz. 1988. Focus expansion in plant disease. I: The constant rate of focus expansion. *Phytopathology* 78: 54-58

Van Maanen, A., X.-M. Xu. 2003. Modelling plant disease epidemics. *European Journal of Plant Pathology* 109: 669-682

Viljanen-Rollinson, S.L.H., C.M.A. Frampton, R.E. Gaunt, R.E. Falloon, D.L. McNeil. 1998. Spatial and temporal spread of powdery mildew (*Erysiphe pisi*) in peas (*Pisum sativum*) varying in quantitative resistance. *Plant Pathology* 47: 148-156

Anhang 1

Zwischenschritte bei der Auswertung des Versuchs 2

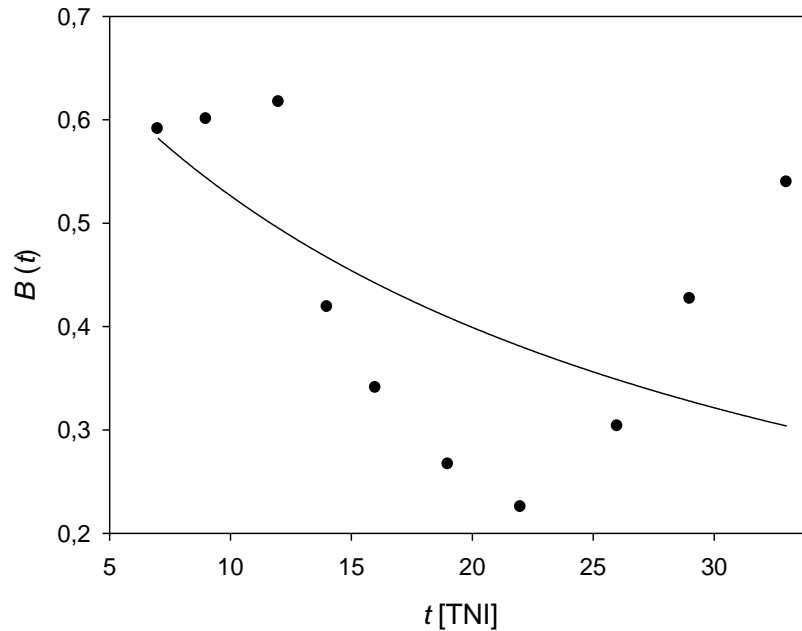


Abbildung A1.1: Verlauf der Steigungen der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t [TNI] sowie die angepasste Hyperbelfunktion

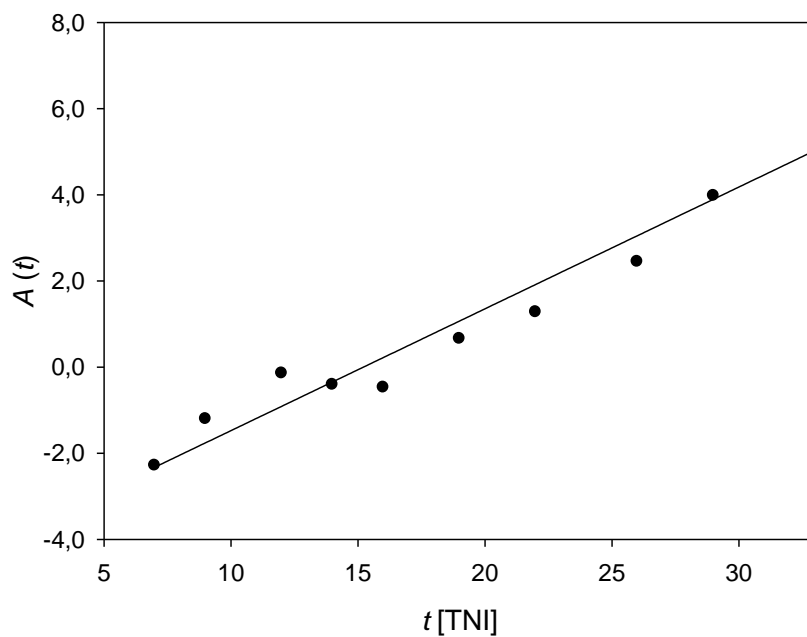


Abbildung A1.2 Verlauf der Achsenabschnitte der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t [TNI] sowie die angepasste lineare Funktion

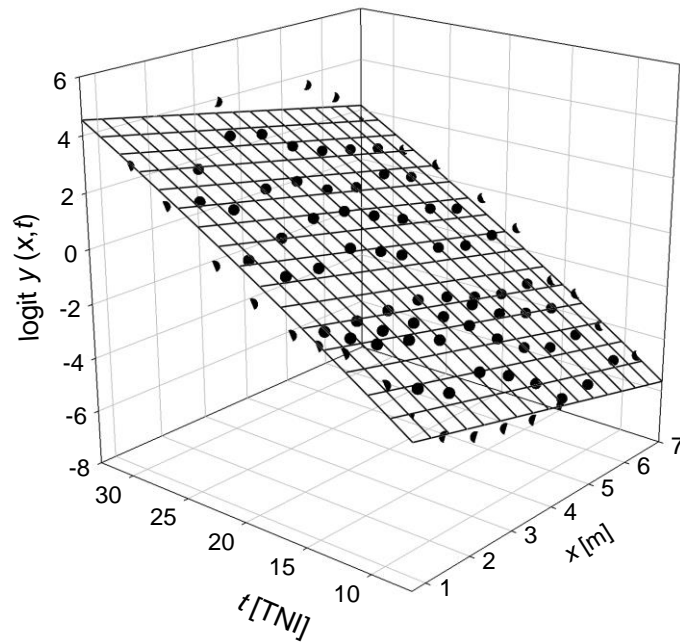


Abbildung A1.3: Raum-zeitliche Dynamik des Echten Gurkenmehltaus im Gewächshaus beschrieben durch $\text{logit } y(x,t) = c + d^*t - x/(a + b^*t)$ mit den Parameterwerten aus Tabelle A1.2.

Tabelle A1.1: Geschätzte Parameter (und Standardfehler) der Steigungen und Achsenabschnitte

Steigung $B(t) = 1/(a + b^*t)$			Achsenabschnitte $A(t) = c + d^*t$		
R^2	a	b	R^2	c	d
0,27	1,2937 (0,4593)	0,0606 (0,0319)	0,94	-4,3012 (0,5081)	0,2828 (0,0249)

Tabelle A1.2: Geschätzte Parameter (und Standardfehler) für die logit-transformierten Gradienten ($\text{logit } y(x,t) = c + d^*t - x/(a + b^*t)$) und die kritische Zeit t_c

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,97	0,9872 (0,2614)	0,0920 (0,0194)	-3,7472 (0,2132)	0,2432 (0,01070)	-10,73

Anhang 2

Zwischenschritte bei der Auswertung des Versuchs 3

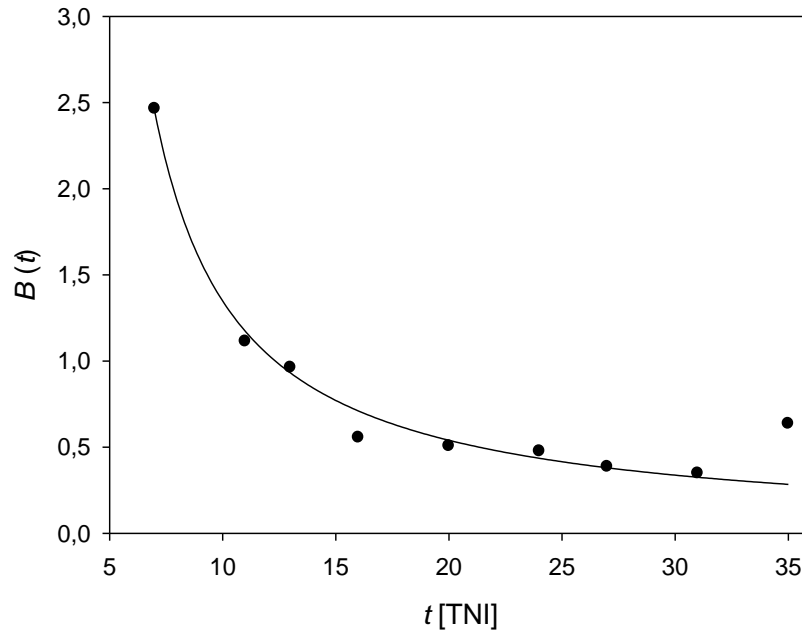


Abbildung A2.1: Verlauf der Steigungen der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t [TNI] sowie die angepasste Hyperbelfunktion

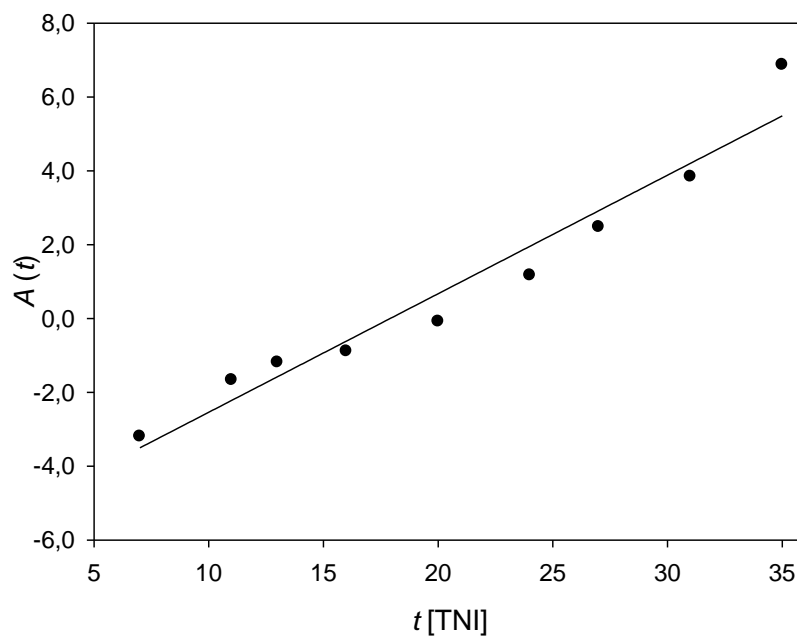


Abbildung A2.2: Verlauf der Achsenabschnitte der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t (TNI) sowie die angepasste lineare Funktion

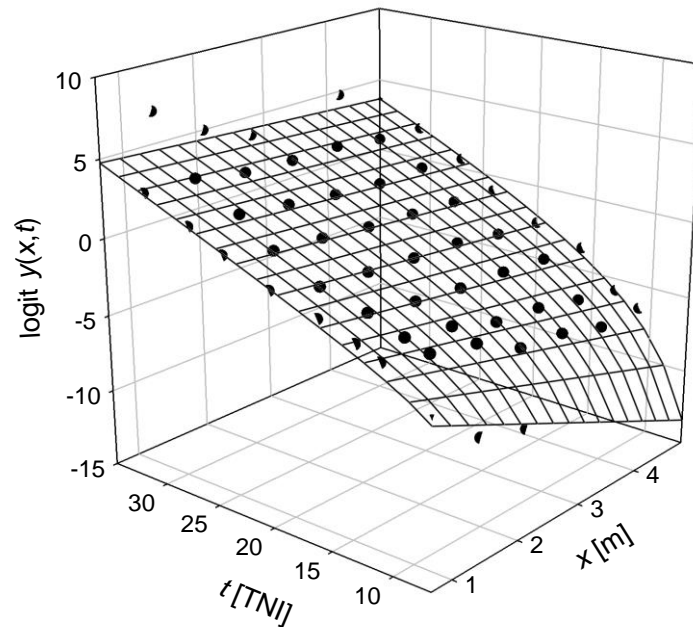


Abbildung A2.3: Raum-zeitliche Dynamik des Echten Gurkenmehltaus im Gewächshaus beschrieben durch: $\text{logit } y(x,t) = c + d \cdot t - 1 / (a + b \cdot t) \cdot x$ mit den Parameterwerten der Tabelle A2.2.

Tabelle A2.1: Geschätzte Parameterwerte (und Standardfehler) der Steigungen und Achsenabschnitte

Steigung $B(t) = 1/(a+b \cdot t)$			Achsenabschnitte $A(t) = c+d \cdot t$		
R^2	a	b	R^2	c	d
0,96	-0,3681 (0,1060)	0,1110 (0,0139)	0,95	-5,7489 (0,6314)	0,3211 (0,0283)

Tabelle A2.2: Geschätzte Parameterwerte (und Standardfehler) der logit-transformierten Gradienten ($\text{logit } y(x,t) = c + d \cdot t - x / (a + b \cdot t)$) und die kritische Zeit t_c

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,97	-0,3254 (0,0947)	0,1177 (0,0143)	-5,7078 (0,3153)	0,3044 (0,0107)	2,76

KAPITEL 3

Dynamik der Gradienten des Echten Gurkenmehltaus auf der Gesamtpflanze

Einleitung

Der Echte Gurkenmehltau ist eine der häufigsten Krankheiten an Kürbisgewächsen weltweit und besonders im Gewächshausanbau aufgrund der für Pflanze und Pilz optimalen Bedingungen trotz Erfolgen in der Resistenzzüchtung ein großes Problem (Koch, 2012).

Die Krankheit beginnt mit der Infektion einer anfälligen Pflanze. Nach der Inkubationszeit zeigen sich Symptome in weißen, pudrigen Kolonien auf der Blattoberseite, die sich rasch ausdehnen, Chlorosen und Nekrosen verursachen können und im weiteren Verlauf die gesamte Blattoberfläche, aber auch die Unterseite und die Stängel befallen. Der obligat biotrophe Pilz vermindert so die photosynthetisch aktive Blattfläche und entzieht der Pflanze Assimilate, wodurch Quantität und Qualität der Früchte verringert werden (Pérez-García et al., 2009).

Der unter günstigen Bedingungen kurze Entwicklungszyklus von 5-6 Tagen, die hohe Anzahl Konidien und die Verbreitung über Luftbewegungen und Wind ermöglichen den beiden Erregern des Echten Gurkenmehltaus *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii* eine schnelle Verbreitung im Bestand (Bardin, 1996).

Für angepasste Pflanzenschutzmaßnahmen und -strategien sind Kenntnisse über die Biologie und Epidemiologie der Schadpilze sowie ein genaues Beobachten des Bestandes unerlässlich (Mersha, 2008). Als Epidemie wird dabei die Veränderung oder Entwicklung einer Krankheit in Raum und Zeit bezeichnet (Van der Plank, 1963). Der zeitliche Verlauf wird mit Befallskurven, die räumliche Entwicklung mit Befallsgradienten beschrieben. Die räumliche Ausbreitung spielte in der Epidemiologie bei Pflanzenkrankheiten lange keine große Rolle, wurde aber bei der Betrachtung von Krankheiten und deren Bekämpfung immer wichtiger (Maffia & Berger, 1999). Zum Vergleich von Epidemien und Befallsverläufen oder um den Befall zu einem bestimmten Zeitpunkt an einer bestimmten Stelle im Bestand vorherzusagen, können Gradienten mit mathematischen Modellen analysiert werden. Berger & Luke (1979) beschrieben zum Beispiel die Gradienten des Bohnenrosts mit einem logistischen Modell.

Der Verlauf der Gradienten wird neben abiotischen Faktoren wie Temperatur und Windrichtung auch von Resistenzeigenschaften und dem Wachstum der Pflanzen beeinflusst. Durch den ontogenetisch bedingten Zuwachs und Abgang von anfälligem Wirtsgewebe verändern sich die Befallsintensitäten während einer Epidemie (Kranz, 1996).

Die Gurke hat ein nahezu unbegrenztes vegetatives Wachstum, was dazu führt, dass insbesondere bei Pflanzen mit einer intermediären Resistenz gegen den Echten Mehltau trotz fortschreitendem Befall stets neue unbefallene Blattfläche nachwächst. Daher steht immer wieder neue Blattfläche für Neuinfektionen durch Konidien zur Verfügung, so dass die weitere Ausbreitung der Krankheit durch Infektion und Besiedlung der neuen Blattfläche und damit wiederum die Produktion neuer Konidien ermöglicht wird. Die immer wieder neu hinzukommende unbefallene Blattfläche führt zu einer „Reduzierung“ der Befallsstärke auf der Gesamtpflanze, während auf einzelnen, insbesondere älteren Blättern hohe Befallsintensitäten erreicht werden können (Ferrandino, 2008).

Ausgehend von befallenen Pflanzen breitet sich der der Echte Mehltau in einem Bestand aus. Zunächst werden Pflanzen nahe der Inokulumquelle befallen, später auch weiter entfernt stehende Pflanzen. Es entstehen Befallsgradienten, die aus zwei Gründen im Verlauf der Zeit abflachen. Zunächst durch die für Neuinfektionen begrenzt zur Verfügung stehende unbefallene Blattfläche; des Weiteren durch die Verbreitung der Sporen ausgehend von unterschiedlich stark befallenen Blattflächen, die zu einem Ausgleich der Wachstumsrate in verschiedenen Bereichen des Bestandes führt (Aylor & Ferrandino, 1988).

Fried et al. (1979) fanden heraus, dass die Gradienten des Echten Mehltaus in Weizen besser mit dem Potenz-Modell als mit dem exponentiellen Modell beschrieben werden konnten. Obwohl die Gradienten des Gelbrostes auf Weizen (*Puccinia striiformis*) steiler verliefen als die von Blatt- und Stängelrost, passten beide genannten Modelle die Daten der Rost-Gradienten äquivalent an (Rapilly, 1991).

Für ein gezieltes Pflanzenschutzmanagement sind Kenntnisse über den Verlauf der Epidemie und insbesondere über die Geschwindigkeit, mit der sich bestimmte Befallsstärken (z.B. Schad-/Bekämpfungsschwellen) ausbreiten, unabdingbar. Die Isopfadgeschwindigkeit (in m/Tag) zeigt, wie sich Linien gleicher Befallsstärke im Bestand fortbewegen. Breitet sich eine Befallsstärke mit gleicher Geschwindigkeit im Bestand aus spricht man von einer sogenannten wandernden Welle (Cowger et al., 2005). Steigt die Isopfadgeschwindigkeit entsteht eine dispersive Welle. Berger & Luke (1979) beschrieben über die Isopfadgeschwindigkeit die zeitliche und räumliche Ausbreitung des Haferkronenrostes (*Puccinia coronata*) und verglichen so den Befallsverlauf auf unterschiedlichen Hafersorten.

In dieser Arbeit wurde in drei Versuchen mit unterschiedlicher Bestandesdichte und verschiedenen Entfernungen zu einer linienförmigen Inokulumquelle die Entwicklung des Befalls mit Echem Mehltau auf Salatgurken im Gewächshaus untersucht.

Ein Modell, das die raum-zeitliche Dynamik der Gradienten im Bestand beschreiben sollte, wurde entwickelt und die Isopfadgeschwindigkeit ausgewählter Befallsstärken berechnet.

Material & Methoden

Versuchspflanzen

Für die Versuche wurden Salatgurken der Sorte Bornand F1 (Fa. Nunhems) mit einer intermediären Resistenz gegenüber *P. xanthii* und *G. orontii* verwendet. Diese Sorte zeigt deutliche Symptome, ist aber im Vergleich zu anfälligen Sorten auch bei starkem Befall mehrere Wochen im Versuch verwendbar.

Die Gurken wurden in Aussaatschalen gesät, nach 10-12 Tagen in 12-cm Töpfe pikiert und bei 20-22 °C in einer speziellen Anzuchtkabine weitere 2-3 Wochen unter befallsfreien Bedingungen angezogen. Nach der Entwicklung von 2-3 Laubblättern wurden die Jungpflanzen in 10 l Töpfe in Fruhstorfer Erde Typ P (Hawita Gruppe GmbH, Vechta) unter Zugabe von 50 g Azet Tomatendünger (Fa. Neudorff, Emmerthal) gepflanzt. Anschließend wurden diese im Gewächshaus dem Versuchsaufbau entsprechend aufgestellt und an Schnüren aufwärts geleitet. Bei Bedarf wurden die Pflanzen 3 Wochen nach Versuchsbeginn mit 25 g/Pflanze Azet Tomatendünger nachgedüngt. Zur Bekämpfung von Thripsen und Trauermücken wurden *Amblyseius cucumeris* und *Steinernema feltiae* eingesetzt. Die Pflanzen wurden per Hand direkt im Topf gegossen, um den Echten Mehltau auf den Blättern nicht zu beeinflussen.

Inokulumpflanzen

Drei bis vier Wochen vor den Versuchspflanzen wurden die Inokulumpflanzen unter den gleichen Bedingungen angezogen und nach dem Umpflanzen in 10 l Töpfe in einer separaten Gewächshauskabine aufgestellt. Für die Inokulation wurde ein am Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz der Universität Hannover in Erhaltung befindliches *Podosphaera xanthii*- Isolat von Gurke (Pg 04.1) verwendet.

Mit einem Pinsel wurden Konidien von gut sporulierenden Kolonien der Kotyledonen abgenommen und auf die Inokulumpflanzen übertragen. Bei einer Befallsstärke von 60 – 70 % wurden die Pflanzen als linienförmige Inokulumquelle im Abstand von 0,5 m (Versuch 1) bzw. 0,7 m (Versuche 2 und 3) vor der ersten Reihe Versuchspflanzen aufgestellt (Abbildung 36 bis Abbildung 38).

Versuchsaufbau

Die Versuche wurden in einem Glas-Gewächshaus durchgeführt. Die Kabine lag zwischen einem Außengang und anderen Gewächshauskabinen und verfügte daher nur über eine Firstlüftung und keine seitlichen Lüftungsklappen. Die Temperatur wurde auf 22 – 24 °C Tagestemperatur und 16° C Nachttemperatur eingestellt, schwankte aber je nach Außentemperatur und Einstrahlung tagsüber zwischen 22 °C und kurzfristig bis zu 40 °C.

Versuch 1

In 8 Reihen mit einem Abstand von 0,7 m, wurden jeweils 4 Pflanzen (= 4 Wiederholungen) im Gewächshaus aufgestellt (Abbildung 7).

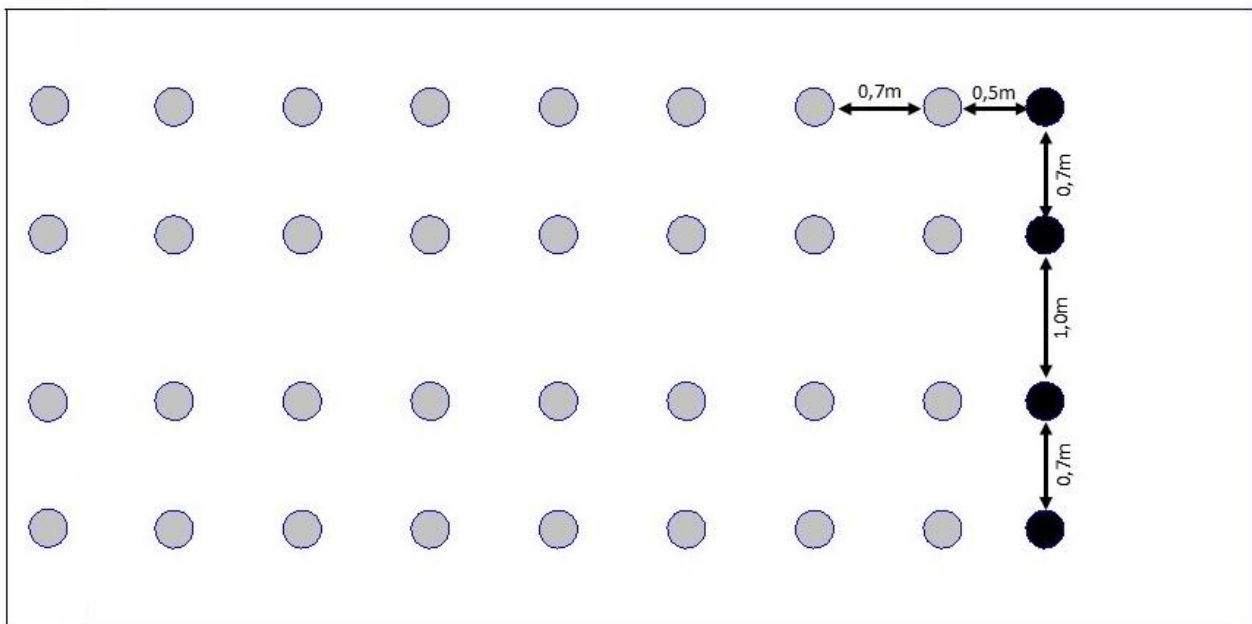


Abbildung 36: Versuchsaufbau Versuch 1 (grau=Versuchspflanzen, schwarz=Inokulumpflanzen)

Zwischen der 2. und 3. Pflanze jeder Reihe betrug der Abstand 1 m, um während der Arbeit im Bestand die künstliche Verbreitung des Echten Mehltaus möglichst gering zu halten (Maffia & Berger, 1999). Die Befallsstärke wurde über folgende Distanzen von der Inokulumquelle über die Zeit erfasst: 0,5; 1,2; 1,9; 2,6; 3,3; 4,0; 4,7 und 5,4 m. Die Bestandesdichte betrug 1,6 Pflanzen/m².

Versuch 2

In Versuch 2 wurden pro Reihe 5 Pflanze aufgestellt (= 5 Wiederholungen) und die Befallsstärke über folgende Distanzen von der Inokulumquelle über die Zeit erfasst: 0,7; 1,4; 2,1; 2,8; 3,5; 4,2; 4,9; 5,6; 6,3 und 7,0 m. Im Vergleich zu Versuch 1 wurde damit der Einfluss einer größeren Entfernung zur Inokulumquelle auf die Dynamik der Gradienten untersucht. Zwischen den Reihen betrug der Abstand wie im ersten Versuch 0,7 m. Aus arbeitstechnischen Gründen wurde der Abstand zwischen den Pflanzen 2 und 3 bzw. 4 und 5 einer Reihe auf 1 m erhöht (Abbildung 8). Die Bestandesdichte betrug 1,5 Pflanzen/m².

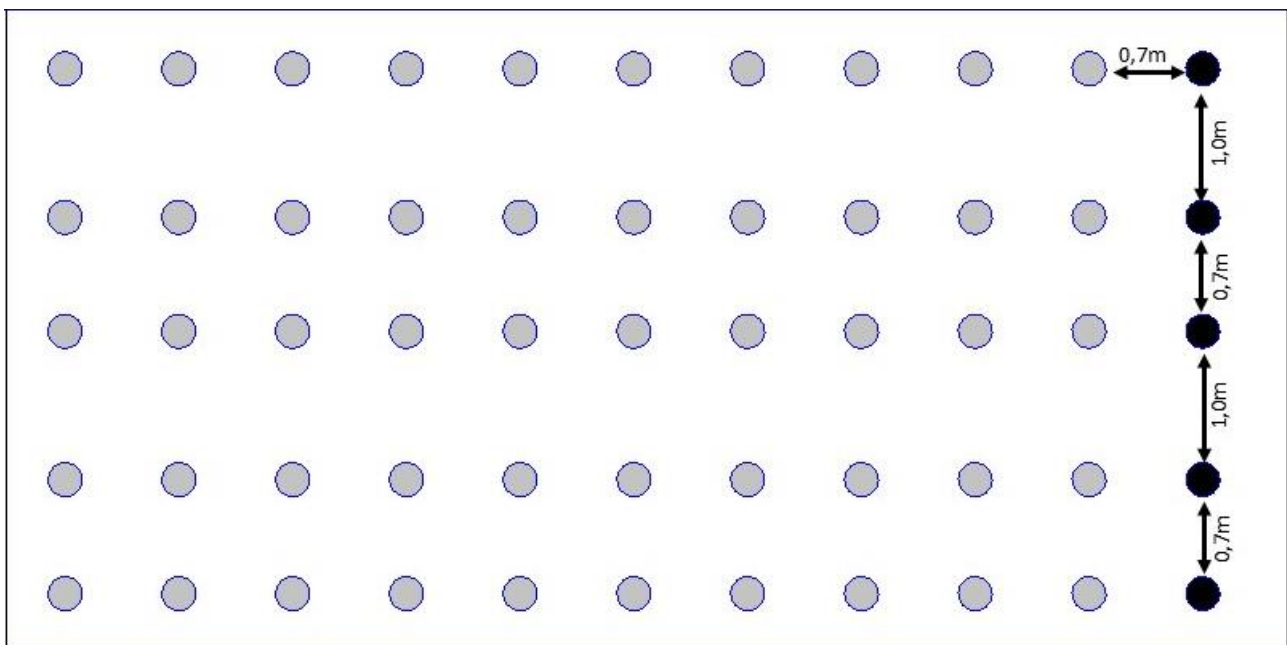


Abbildung 37: Versuchsaufbau Versuch 2 (grau=Versuchspflanzen, schwarz=Inokulumpflanzen)

Versuch 3

Versuch 3 wurde mit 7 Reihen à 10 Pflanzen durchgeführt. Der Abstand zwischen den Reihen betrug 0,7 m und innerhalb der Reihen 0,2 m (Abbildung 9). Durch die geringeren Abstände zwischen den Pflanzen einer Reihe sollte geprüft werden, welchen Einfluss eine höhere Pflanzendichte auf die Ausbreitung des Echten Mehltau hatte.

Die Inokulumpflanzen wurden 0,7 m vor der ersten Reihe Versuchspflanzen aufgestellt und die Befallsstärke in folgenden Distanzen von der Inokulumquelle geschätzt: 0,7; 1,4; 2,1; 2,8; 3,5; 4,2 und 4,9 m. Die Bestandesdichte erhöhte sich auf 2,3 Pflanzen/m².

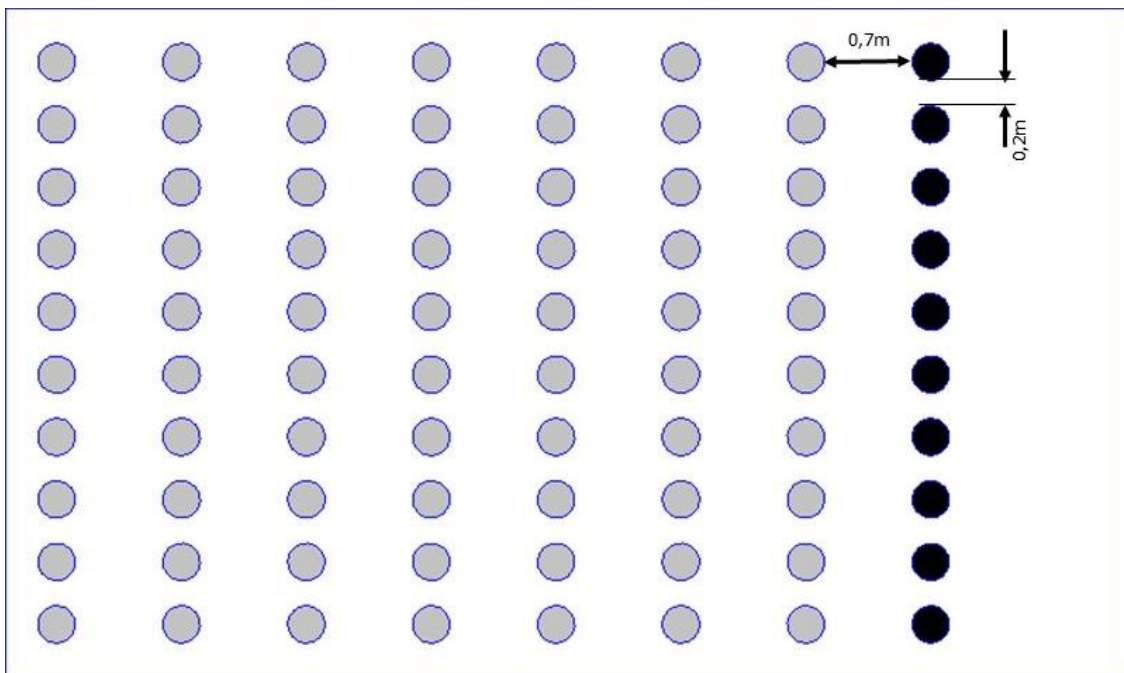


Abbildung 38: Versuchsaufbau Versuch 3 (grau=Versuchspflanzen, schwarz=Inokulumpflanzen)

Versuchszeiträume

Die Experimente wurden in 3 aufeinanderfolgenden Jahren zu unterschiedlichen Zeiten im Frühjahr und Herbst sowie mit verschiedenen Entfernungsstufen und Bestandesdichten durchgeführt (Tabelle 17).

Tabelle 17: Übersicht der Versuche

Versuch Nr.	Versuchszeitraum	Entfernung zur Inokulumquelle [m]	Bestandesdichte [Pflanzen/m ²]	Anzahl der Bonituren
1	01.10.-06.11.2009	0,5 – 5,4	1,6	9
2	12.05.-14.06.2010	0,7 – 7,0	1,5	10
3	26.04.-31.05.2011	0,7 – 4,9	2,3	9

Aufstellen der Inokulumpflanzen

Die stark befallenen Inokulumpflanzen wurden mit einem Abstand von 0,5 m bzw. 0,7 m vor der ersten Reihe Versuchspflanzen aufgestellt. Eine vorzeitige Verbreitung von Konidien und daraus entstehenden Sekundärquellen im Gewächshaus wurde verhindert, indem die Inokulumpflanzen erst nach den Versuchspflanzen in den Bestand gebracht wurden. So konnte davon ausgegangen werden, dass die Primärinfektionen ausschließlich aus der künstlichen Inokulumquelle stammten.

Befallsbonituren

Alle Bonituren wurden nicht-destruktiv durchgeführt, da die Pflanzen für die Versuche mehrere Wochen im Bestand verblieben. Ab dem Sichtbarwerden der ersten Symptome wurde die Befallsstärke aller Blätter alle 3-4 Tage über einen Zeitraum von 4-6 Wochen geschätzt. Die Schätzungen wurden an jedem Boniturtermin von derselben Person durchgeführt, um subjektive Schätzfehler zu vermeiden. Die Befallsstärke jedes einzelnen Blattes wurde als der befallene Anteil Blattoberfläche im Vergleich zur gesamten Blattfläche geschätzt und als Proportion ($0 \leq y \leq 1$) angegeben. Die durch den Mehлтаubefall hervorgerufenen chlorotischen und nekrotischen Blattteile wurden in die Schätzung der Befallsstärke einbezogen (Berger & Luke, 1979). Abgestorbene Blätter wurden mit $y = 1$ in allen folgenden Bonituren berücksichtigt. Im Versuch 1 wurde die Befallsstärke neunmal bonitiert (8-36 Tage nach Inokulation (TNI)), im Versuch 2 zehnmals (7-33 TNI) und im Versuch 3 neunmal (7-35 TNI).

Aus dem Mittelwert der Befallsstärken aller Blätter berechnete sich die Befallsstärke der gesamten Pflanze.

Aus der Anzahl Pflanzen einer Reihe (= Wiederholungen) wurde die mittlere Befallsstärke jeder Entfernungsstufe zur Inokulumquelle berechnet. Die Analysen wurden mit dem Mittelwert der Befallsstärke aus den 4, 5 bzw. 10 Pflanzen derselben Distanz zur Inokulumquelle durchgeführt.

Die Befallshäufigkeit der Blätter und Pflanzen und die Anzahl der Blätter wurde täglich erfasst, in die folgenden Berechnungen aber nicht weiter einbezogen, da die Befallshäufigkeit bei polyzyklischen Krankheiten mit einem kurzen Lebenszyklus und hoher Reproduktionsrate zu schnell nicht mehr aussagekräftig ist.

Datenanalyse

Für jeden Boniturtermin wurde die Befallsstärke gegen die Zeit (Tage nach der Inokulation) aufgetragen. Die Befallskurve gibt einen ersten Überblick über den Verlauf und die Höhe des Befalls. Die Gradienten zeigen die Entwicklung des Echten Mehltau-Befalls ausgehend von der linienförmigen Inokulumquelle in Abhängigkeit von der Entfernung.

Alle beobachteten Gradienten wurden einzeln mit der logit- und der Gompertz - Transformation linearisiert, wobei die Entfernung x jeweils untransformiert blieb. Aufgrund der besseren Anpassung wurden die Gradienten mit $\text{logit}(y)$ gegen x linearisiert. In der Regel stiegen die Werte des Achsenabschnitts mit zunehmender Zeit an, während die Werte der Steigungen abnahmen. Zur Überprüfung der zeitlichen Abhängigkeit der Achsenabschnitte und der Steigungen der Gradienten wurden diese gegen die Zeit (t) aufgetragen und einfache Funktionen angepasst, z. B. eine lineare Funktion für die Achsenabschnitte $A(t) = c + d \cdot t$ und eine fallende Hyperbel für die Steigungen $B(t) = 1/(a + b \cdot t)$.

Mit diesen Zeitfunktionen $A(t)$ und $B(t)$ konnte ein Modell für die Gradientendynamik erstellt werden, welches nur wenige Parameter enthielt, beispielsweise bei den genannten Funktionen nur vier Parametern. Dieses Modell wurde dann simultan an alle transformierten Gradienten angepasst:

$$\text{logit } y(x,t) = A(t) - B(t) \cdot x$$

Gleichung 1

Mit der Umkehrung der logit-Transformation wurden dann die Originalgradienten beschrieben und deren Parameterwerte geschätzt:

$$y(x,t) = 1/(1+\exp(-(A(t)-B(t)*x))) \quad \text{Gleichung 2}$$

Die Funktion für die Beschreibung der Gradienten ist sowohl für die transformierten als auch die Originalgradienten nur gültig, wenn t größer ist als die „kritische Zeit“ $t_c = -a/b$, da andernfalls in der Funktion $B(t)$ durch 0 dividiert würde. Biologisch bedeutet das, dass die ersten Symptome des Befalls nach diesem Zeitpunkt t_c auftreten müssen.

Durch Auflösung der Gleichung 1 nach x und partielle Differentiation nach t erhält man die allgemeine Formel für die Isopfadgeschwindigkeit:

$$v(y,t) = \delta x / \delta t = [A'(t)*B(t) - B'(t)*(A(t) - \text{logit } y)] / B(t)^2 \quad \text{Gleichung 3}$$

Setzt man in Gleichung 3 $A(t) = c + d*t$ und $B(t) = 1/(a + b*t)$ ergibt sich dann:

$$v(y,t) = (d*a + b*c - b*\text{logit } y) + 2*b*d*t \quad \text{Gleichung 4}$$

Alle Regressionsanalysen wurden mit SigmaPlot 10.0 (Systat Software Inc., 2006) durchgeführt.

Ergebnisse

Versuch 1

Erste Symptome traten 8 Tage nach Aufstellen der Inokulumpflanzen (TNI) in den Reihen nahe der Inokulumquelle auf. Bereits nach 12 Tagen waren alle Pflanzen im Bestand befallen. In der unteren Etage zwischen 0 und 50 cm über der Substratoberfläche waren während der gesamten Versuchsdauer 4 Blätter vorhanden, während die Gesamtpflanzen zum Ende im Mittel 22 Blätter hatten. Da die Befallshäufigkeit damit nach nur wenigen Tagen gleich 1 war, wurden diese bei der Beschreibung der Gradienten nicht weiter berücksichtigt. Die Befallskurve der Befallsstärke dagegen entwickelte sich zunächst langsam und stieg ab 14 TNI an, bis sie je nach Entfernung von der Inokulumquelle Werte zwischen $y = 0,6-0,8$ erreichte (Abbildung 39).

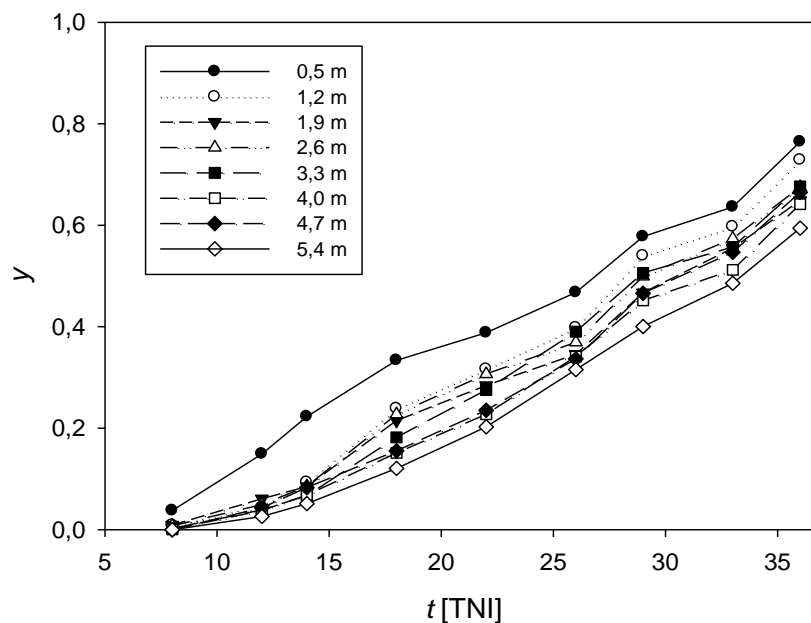


Abbildung 39: Verlauf der Befallsstärke y in den einzelnen Reihen mit unterschiedlichen Entfernungen zur Inokulumquelle in Abhängigkeit von der Zeit t in Tagen nach Aufstellen der Inokulumpflanzen (TNI)

Die Befallsstärke wurde für jede Entfernungsstufe (= Reihe) und jeden Boniturtermin als Graph abgebildet, um die Gradienten darzustellen (Viljanen-Rollinson et al., 1998) (Abbildung 40). Bereits 8 Tage nach Inokulation war ein Befallsgradient zwischen den Pflanzen nahe der Inokulumquelle und den anderen Pflanzen erkennbar. An den folgenden zwei Boniturterminen wurde diese zunächst steiler, flachten danach aber ab.

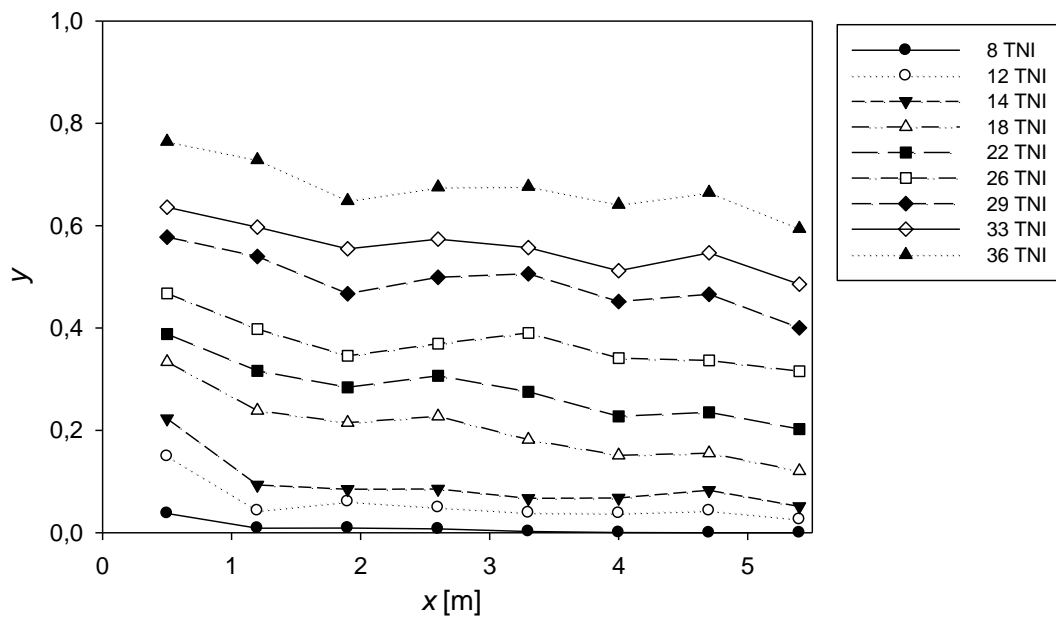


Abbildung 40: Gradienten der Befallsstärke an 9 Boniturterminen

Zur Analyse wurden die Gradienten, die an 9 Zeitpunkten (8 bis 36 TNI) erfasst wurden, linearisiert, indem die Befallsstärke y mit $\text{logit}(y) = \ln(y/(1-y))$ transformiert wurde, die Entfernung x aber untransformiert blieb (Abbildung 41). Da die Befallsstärke 0 nicht logit-transformiert werden kann, wurde diese aus den weiteren Berechnungen herausgenommen. Die folgenden Zwischenschritte sollen Vorkenntnisse für die Parameterwerte des zu entwickelnden Modells liefern.

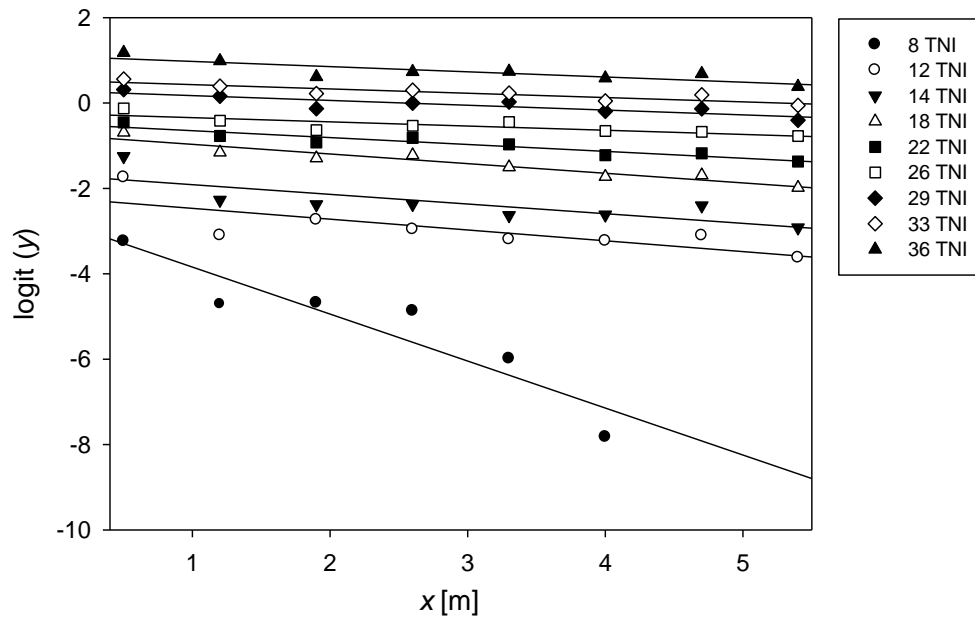


Abbildung 41: Logit-transformierte Gradienten der Befallsstärke y an 9 Boniturterminen sowie die zugehörigen Regressionsgeraden

Aus Abbildung 41 ist erkennbar, dass die Achsenabschnitte ansteigen und die Steigungen im Verlauf der Zeit abnehmen, d.h. das Befallsniveau stieg insgesamt an und die Steigung der Gradienten nahm ab (Berger & Luke, 1979). Zur Überprüfung der zeitlichen Abhängigkeit der Achsenabschnitte und der Steigungen wurden diese gegen die Zeit t [TNI] aufgetragen. Die Steigungen konnten gut mit einer fallenden Hyperbel $B(t) = 1/(a+b*t)$, die gegen 0 läuft, beschrieben werden ($R^2 = 0,98$) (Abbildung 42). Die geschätzten Parameterwerte für a und b sind in Tabelle 18 aufgeführt.

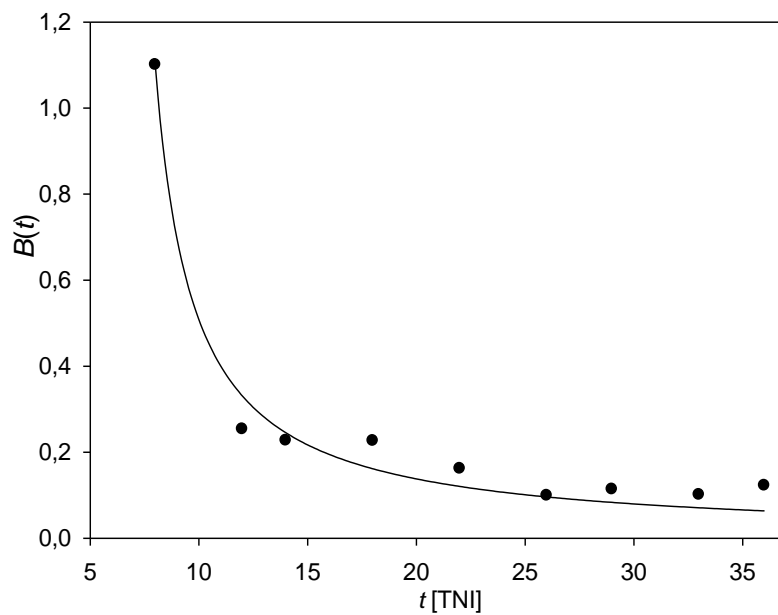


Abbildung 42: Verlauf der Steigungen der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t [TNI] sowie die angepasste Hyperbelfunktion

Die Achsenabschnitte der transformierten Gradienten stiegen linear an und wurden mit der Funktion $A(t) = c+d*t$ beschrieben ($R^2 = 0,97$) (Abbildung 43). Die geschätzten Parameterwerte für c und d sind in Tabelle 18 aufgeführt.

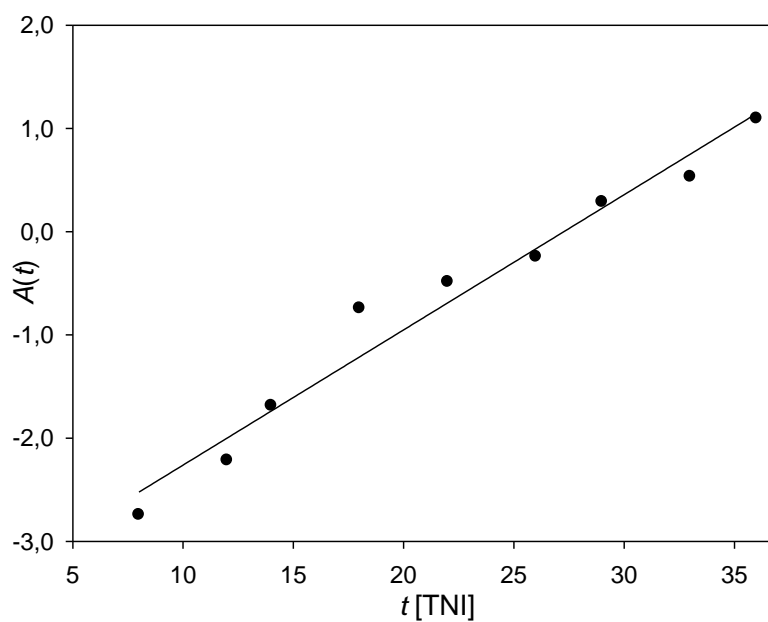


Abbildung 43: Verlauf der Achsenabschnitte der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t (TNI) sowie die angepasste lineare Funktion

Tabelle 18: Geschätzte Parameterwerte (und Standardfehler) der angepassten Funktionen für die Steigungen und Achsenabschnitte

Steigung $B(t) = 1/(a+b*t)$			Achsenabschnitte $A(t) = c+d*t$		
R^2	a	b	R^2	c	d
0,98	-3,3092 (0,5676)	0,5278 (0,0703)	0,97	-3,5704 (0,2122)	0,1310 (0,0089)

Mit den speziellen Funktionen $A(t)$ und $B(t)$ konnte die folgende Funktion zur Beschreibung der Dynamik der Gradienten in Abhängigkeit von der Entfernung zur Inokulumquelle x und der Zeit t bestimmt werden:

$$\text{logit } y(x,t) = c+d*t-x/(a+b*t) \quad \text{Gleichung 5}$$

Diese Funktion wurde simultan an die transformierten Gradienten angepasst (Abbildung 44).

Das Modell mit 4 Parametern beschrieb die Entwicklung der Befallsstärke im Bestand in Abhängigkeit der Zeit und Entfernung zur Inokulumquelle sehr gut ($R^2 = 0,98$).

Die geschätzten Parameter a bis d , das Bestimmtheitsmaß (R^2) und die kritische Zeit t_c sind in Tabelle 19 aufgeführt.

Tabelle 19: Geschätzte Parameterwerte a bis d (und Standardfehler) für die logit-transformierten Gradienten ($\text{logit } y(x,t) = c+d*t-1/(a+b*t)*x$) und kritische Zeit t_c

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,98	-3,6346 (0,5728)	0,5548 (0,0736)	-3,2638 (0,1473)	0,1165 (0,0048)	6,55

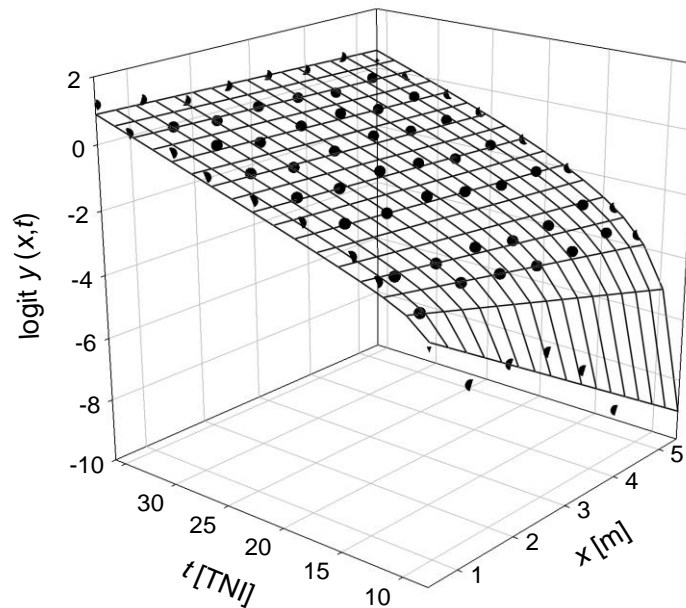


Abbildung 44: Raum-zeitliche Dynamik des Echten Gurkenmehltaus beschrieben durch $\text{logit } y(x,t) = c + d^*t - 1/(a + b^*t)^*x$ mit den Parameterwerten der Tabelle 19

Mit der Umkehrung der logit-Transformation wurden die Originalgradienten bestimmt:

$$y(x,t) = 1 / (1 + \exp(-((c + d^*t) - x / (a + b^*t)))) \quad \text{Gleichung 6}$$

Die Parameter a bis d wurden simultan für alle 9 Originalgradienten geschätzt. Das Modell mit nur 4 Parametern beschrieb die Gradienten sehr gut ($R^2 = 0,98$) (Abbildung 45). Die Schätzwerte der Parameter a bis d sind in Tabelle 20 aufgeführt.

Tabelle 20: Geschätzte Parameter a bis d (und Standardfehler) und kritische Zeit t_c für die Originalgradienten aus der Funktion $y(x,t) = 1 / (1 + \exp(-((c + d^*t) - x / (a + b^*t))))$

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,98	-2,9954 (0,4242)	0,4162 (0,0405)	-2,6880 (0,1082)	0,0998 (0,0033)	7,20

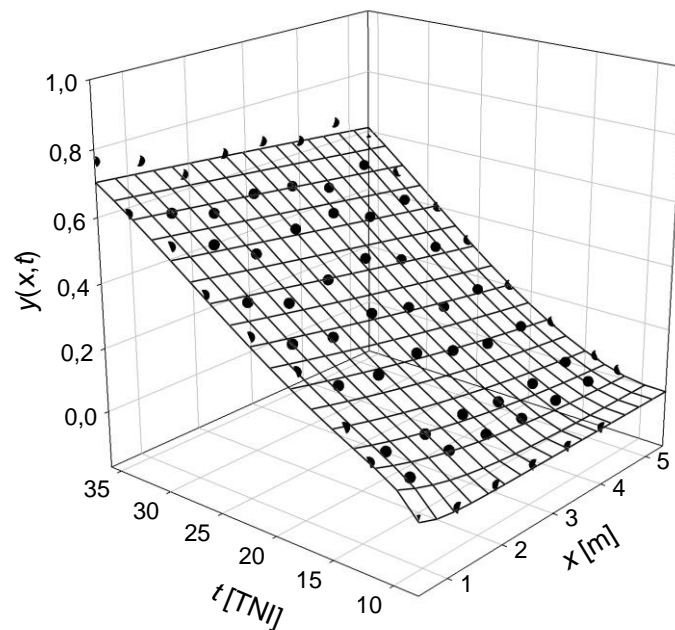


Abbildung 45: Raum-zeitliche Entwicklung des Echten Mehltaus beschrieben durch $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ mit den Parameterwerten der Tabelle 20

Ein wichtiger Aspekt bei der Beschreibung von Epidemien in Raum und Zeit ist die Geschwindigkeit, mit der sich eine bestimmte Befallsstärke von der Inokulumquelle wegbewegt. Ist die Isopfadgeschwindigkeit einer Befallsstärke bekannt, kann abgeschätzt werden, zu welchem Zeitpunkt die Krankheit an einer bestimmten Entfernung ein kritisches Niveau erreicht. In Abbildung 46 sind beispielhaft für die Befallsstärken $y = 0,1, 0,25$ und $0,5$ die zwischen 2 Boniturterminen zurückgelegten Distanzen, die horizontalen durchgehenden Linien, ablesbar. Für die Befallsstärke $y = 0,25$ und den Zeitraum $\Delta t = 25-20$ Tage ergibt sich daraus eine zurückgelegte Distanz von $4,11$ m. Das entspricht einer mittleren Geschwindigkeit von $v = 4,11$ m/5 Tage, d.h. ca. $0,82$ m/Tag.

Die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung der Befallsstärke bei der Entfernung $x = 1$ m. Deutlich zu erkennen ist der Anstieg der zurückgelegten Distanz im Verlauf des Versuchs. Im Zeitraum $\Delta t = 20-15$ TNI liegt die zurückgelegte Distanz bei $3,23$ m, d.h. $0,65$ m/Tag, für $\Delta t = 30-25$ TNI bei $5,0$ m, d.h. $1,0$ m/Tag (Abbildung 46).

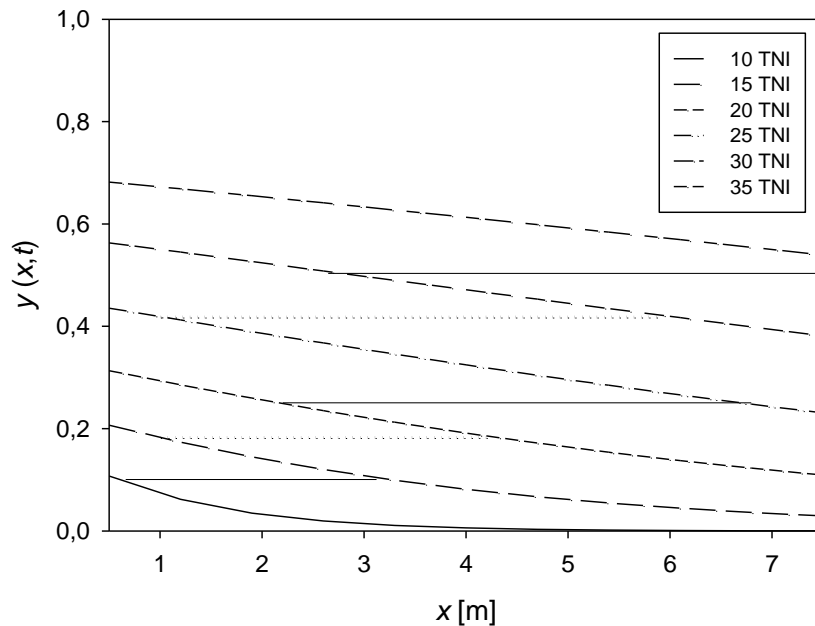


Abbildung 46: Gradienten des Echten Mehltaus an 6 ausgewählten Zeitpunkten, berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$. Die durchgehenden horizontalen Linien zeigen die zurückgelegte Entfernung für $y(x,t) = 0,1; 0,25$ und $0,5$ zwischen 2 Boniturterminen; die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung unterschiedlicher $y(x,t)$ bei der Entfernung $x = 1$ m

Berechnet wurde die Geschwindigkeit mit Gleichung 4:

$$v(y,t) = (d*a+b*c-b*\text{logit}(y))+2*b*d*t$$

Demnach nimmt die Isopfadgeschwindigkeit bei gegebener Befallsstärke y linear mit der Zeit t zu. Die Geschwindigkeit steigt um $0,083$ m/Tag an. Betrachtet man aber die Geschwindigkeit zu einem festen Zeitpunkt, so fällt sie mit zunehmender Befallsstärke (Abbildung 47). Am Tag 20 beträgt die Geschwindigkeit bei der Befallsstärke $y = 0,05$ $1,48$ m/Tag, bei $y = 0,25$ nur noch $0,71$ m/Tag.

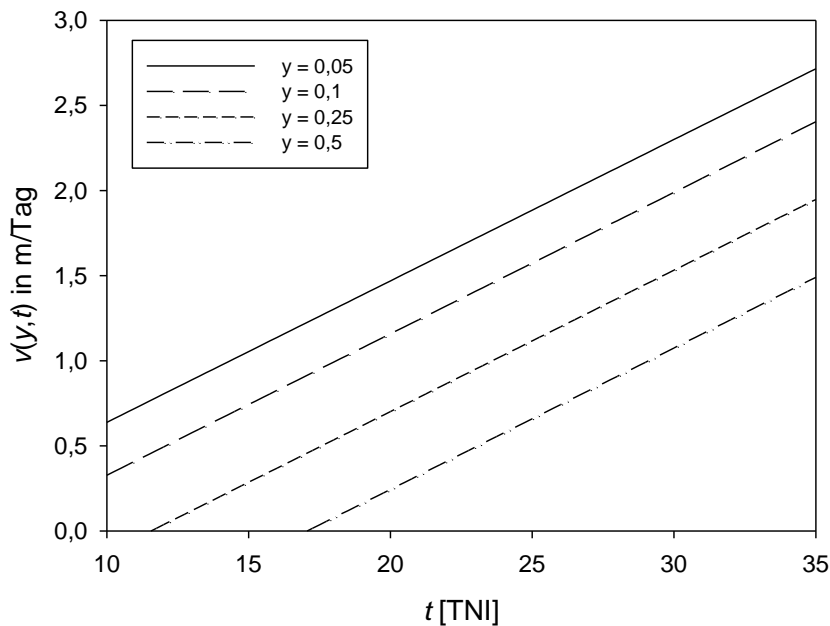


Abbildung 47: Berechnete Isopfadgeschwindigkeiten in m/Tag für die Befallsstärken $y = 0,05; 0,1; 0,25$ und $0,5$ in Abhängigkeit der Zeit t

Die berechneten Werte zeigen, dass sich die niedrigeren Befallsstärken schneller im Bestand ausbreiten als die höheren. Die Isopfadgeschwindigkeit der einzelnen Befallsstärken nimmt im Verlauf der Zeit deutlich zu (Abbildung 47). Aufgrund der ansteigenden Geschwindigkeit, mit der sich die einzelnen Befallsstärken jeweils von der Inokulumquelle fortbewegen, breitet sich der Echte Gurkenmehltau in Form einer dispersiven Welle im Gewächshaus aus.

Trägt man die Befallsstärke y , berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ gegen die Zeit t für festgelegte Entfernungen x auf, erhält man die jeweiligen Befallskurven für bestimmte Distanzen von der Inokulumquelle. Abbildung 48 zeigt, dass das Befallsniveau nahe der Quelle wie erwartet höher liegt als in der mittleren und weiten Entfernung. Des Weiteren ist der Anstieg der Befallsstärke zu Beginn der Epidemie nahe der Inokulumquelle größer als weiter entfernt, wobei die Kurven ab Mitte des Versuchs annähernd parallel verlaufen, d.h. die Befallsstärke entwickelt sich dann in allen Entfernungen gleich.

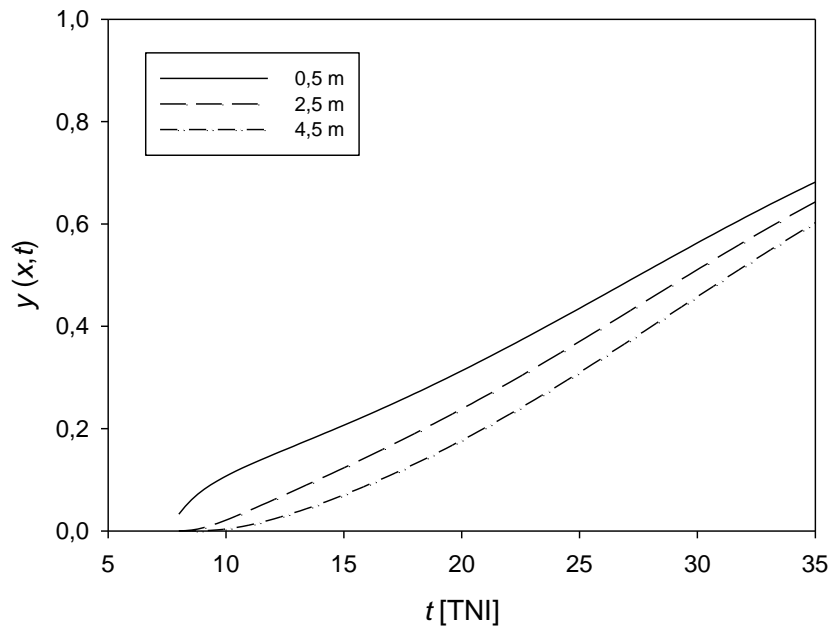


Abbildung 48: Befallskurven der Befallsstärke berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ für 3 Entfernungsstufen

Versuch 2

In diesem Versuch war die Bestandesdichte etwas geringer als im ersten Versuch. Die Pflanzen hatten zu Versuchsbeginn durchschnittlich 7 Blätter und am Ende 31,5 Blätter. Die Distanzen zu den Inokulumpflanzen lagen zwischen 0,7 und 7,0 m. Erste Symptome waren 7 Tage nach Aufstellen der Inokulumpflanzen auf den Pflanzen nahe der Inokulumquelle sichtbar. Nach 12 Tagen waren alle Pflanzen des Bestandes befallen.

Die Befallsstärke entwickelte sich zunächst nur langsam, erkennbar an der flach verlaufenden Befallskurve, stieg aber ab 16 TNI schnell an und erreichte gegen Ende des Versuchs Werte zwischen $y = 0,45$ und $y = 0,65$. Die Befallsstärke lag damit insgesamt unterhalb der Befallsstärke aus dem ersten Versuch. Die Befallsstärken nahe der Inokulumquelle waren an den letzten Boniturterminen rund 10-15 % höher als in den Distanzen 6,3 und 7,0 m (Abbildung 49).

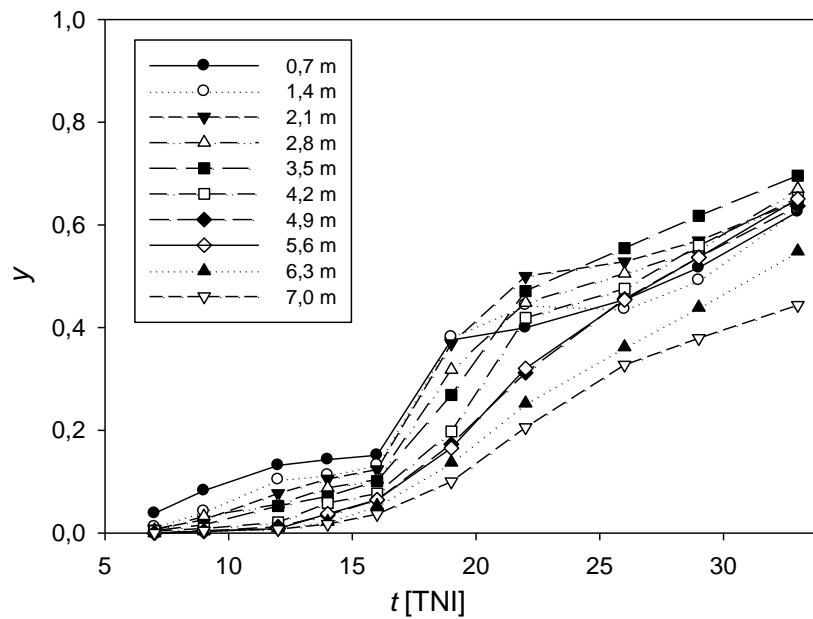


Abbildung 49: Verlauf der Befallsstärke in den einzelnen Reihen mit unterschiedlicher Entfernung zur Inokulumquelle in Abhängigkeit von der Zeit t in Tagen nach Aufstellen der Versuchspflanzen (TNI)

Ab 9 Tage nach Aufstellen der Inokulumpflanzen waren Gradienten erkennbar, die zunächst flach verliefen, an den letzten 4 Boniturterminen (22, 26, 29 und 33 TNI) aber einen unregelmäßigen Verlauf zeigten (Abbildung 50).

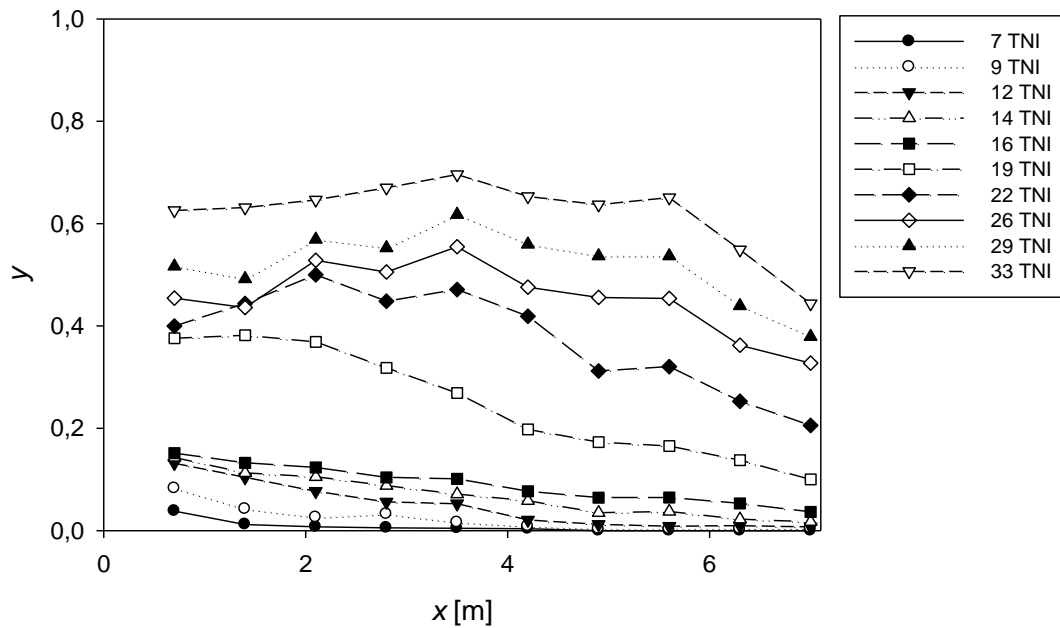


Abbildung 50: Gradienten der Befallsstärke an 10 Boniturterminen

Für die Analysen wurden die Gradienten von 10 Zeitpunkten (7 bis 33 Tage nach Versuchsbeginn) wieder linearisiert, indem die Befallsstärke y logit-transformiert wurde, die Entfernung x blieb untransformiert (Abbildung 51).

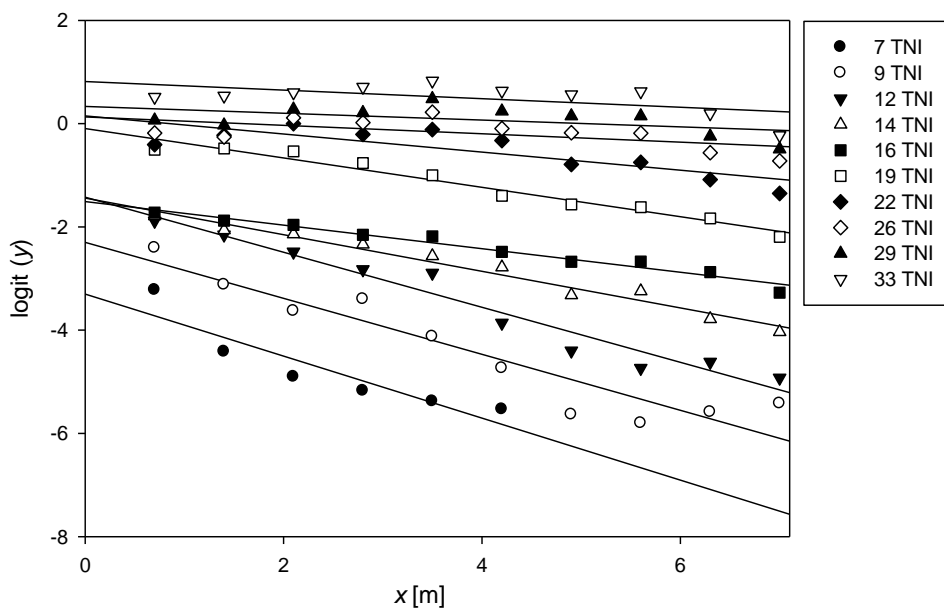


Abbildung 51: Logit-transformierte Gradienten der Befallsstärke y an 10 Boniturterminen sowie die dazugehörigen Regressionsgeraden

Die nachfolgenden Zwischenschritte bei der Berechnung in Analogie zu Versuch 1 werden nur kurz dargestellt. Die entsprechenden Abbildungen und Tabellen sind in Anhang 1 aufgeführt.

Der unregelmäßige Verlauf der Gradienten (Abbildung 50) zeigte sich auch beim Auftragen der Steigungen und Achsenabschnitte der Regressionsgeraden der einzelnen Gradienten gegen die Zeit (Abbildung A1.4 und Abbildung A1.5). Die fallende Hyperbel lieferte eine weniger gute Anpassung ($R^2 = 0,73$) an die Daten der Steigungen (Tabelle A1.3) als im ersten Versuch, hatte aber dennoch eine bessere Anpassung als eine exponentiell fallende oder lineare Funktion (Daten nicht gezeigt).

Wie in Versuch 1 konnten die Achsenabschnitte mit einer linearen Funktion relativ gut angepasst werden ($R^2 = 0,81$) (Tabelle A1.3).

Mit den beiden Zeitfunktionen für den Achsenabschnitt ($A(t) = c+d*t$) und die Steigung ($B(t) = 1/(a+b*t)$) konnte die raum-zeitliche Dynamik des Echten Gurkenmehltaus im transformierten System recht gut beschrieben werden ($R^2 = 0,96$) (Abbildung A1.6; Tabelle A1.4).

Das Modell aus der Umkehrung der logit-Transformation $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ beschrieb die Originalgradienten an 10 Zeitpunkten und 10 Distanzen zur Inokulumquelle gut ($R^2 = 0,95$) (Tabelle 21, Abbildung 52).

Tabelle 21: Geschätzte Parameter a bis d (und Standardfehler) für die Originalgradienten ($y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$)

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,95	-3,2984 (1,0740)	0,4727 (0,0810)	-2,8325 (0,1954)	0,1157 (0,0069)	6,98

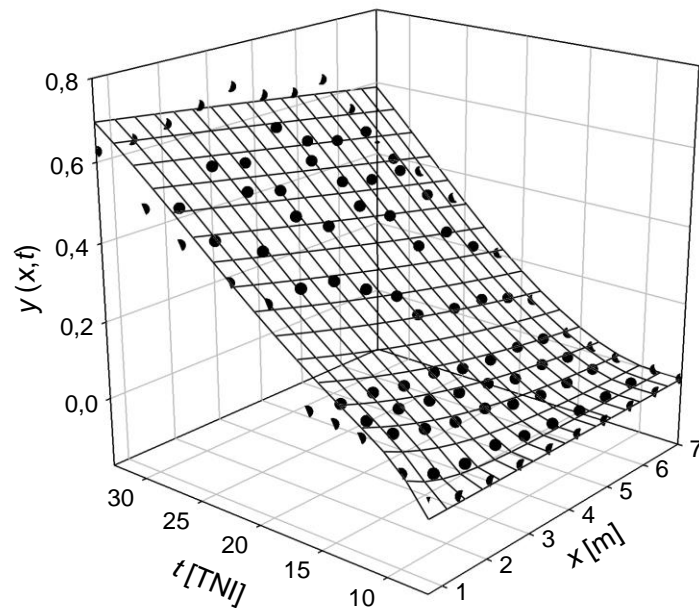


Abbildung 52: Raum-zeitliche Entwicklung des Echten Mehltaus
beschrieben durch: $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$
mit den Parameterwerten der Tabelle 21.

Beispielhaft wurden die in 5 Tagen zurückgelegte Distanzen für die Befallsstärken $y = 0,1$; $0,25$ und $0,5$ in Abbildung 53 dargestellt (horizontale durchgehende Linien). Für die Befallsstärke $y = 0,1$ und den Zeitraum $\Delta t = 15-10$ TNI ergibt sich daraus eine zurückgelegte Distanz von $3,1$ m. Das entspricht einer mittleren Geschwindigkeit von $v = 0,62$ m/Tag. Die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung der Befallsstärke bei der Entfernung $x = 1$ m. Für den Zeitraum $\Delta t = 20-15$ TNI liegt die zurückgelegte Distanz bei $3,97$ m, für $\Delta t = 35-30$ TNI deutlich höher (Abbildung 53).

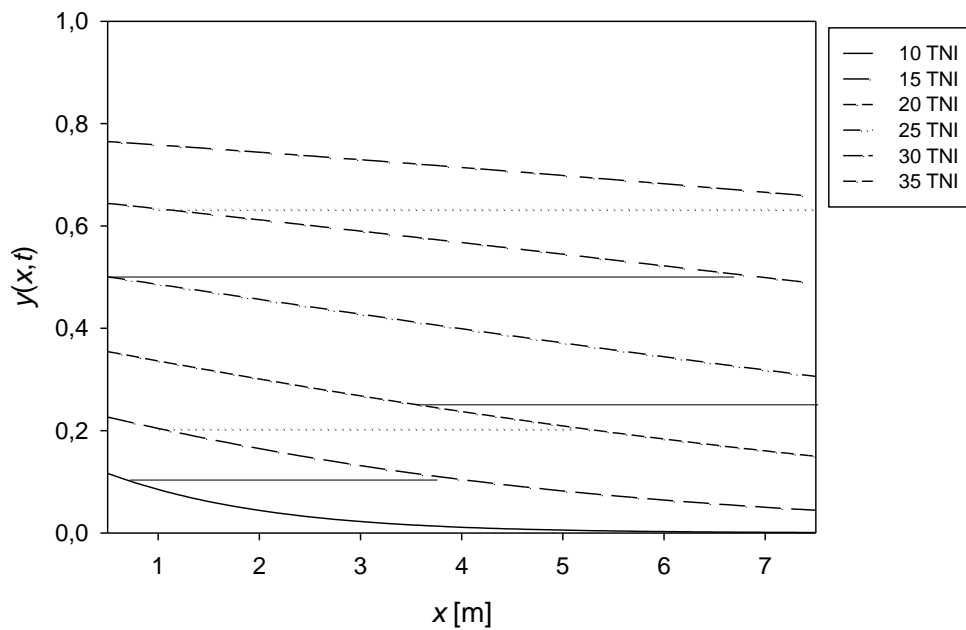


Abbildung 53: Gradienten des Echten Mehltaus an 6 ausgewählten Zeitpunkten, berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$. Die horizontalen durchgehenden Linien zeigen die zurückgelegte Entfernung für $y(x,t) = 0,1; 0,25$ und $0,5$ zwischen 2 Boniturterminen, die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung unterschiedlicher $y(x,t)$ bei der Entfernung $x = 1$ m

Wie in Versuch 1 wurden für die Isopfadgeschwindigkeiten für die Befallsstärken $y = 0,05; 0,1; 0,25$ und $0,5$ berechnet (Abbildung 54). Die Geschwindigkeit nahm bei gegebener Befallsstärke um $0,11$ m/Tag zu. An Tag 20 betrug die Geschwindigkeit für die Befallsstärke $y = 0,05$ $1,84$ m/Tag, für $y = 0,25$ nur noch $0,97$ m/Tag (Abbildung 54).

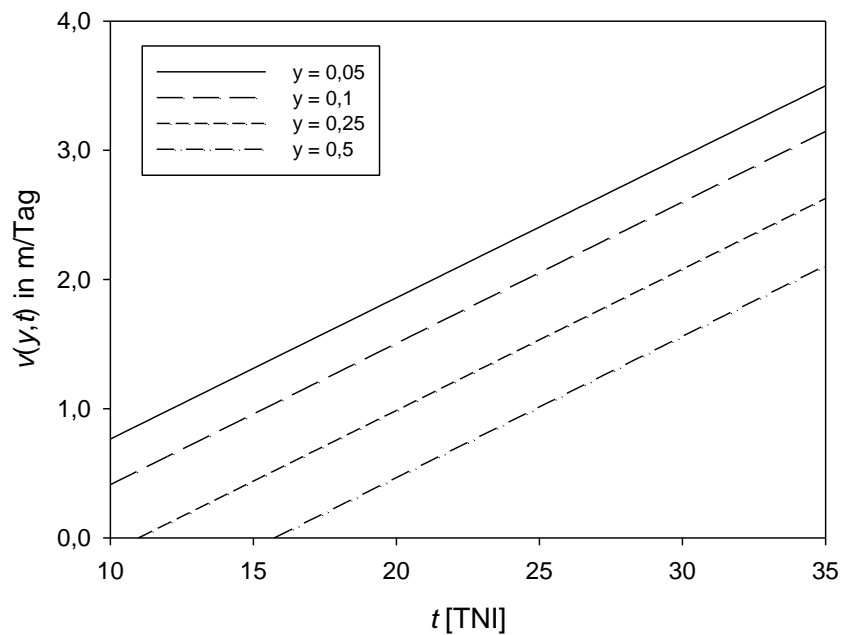


Abbildung 54: Berechnete Isopfadgeschwindigkeit in m/Tag für die Befallsstärken $y = 0,05; 0,1; 0,25$ und $0,5$ in Abhängigkeit von der Zeit t

Auch hier breiteten sich die niedrigeren Befallsstärken schneller aus als die höheren. Die Isopfadgeschwindigkeit der einzelnen Befallsstärken nahm im Lauf der Zeit zu (Abbildung 54) und so folgt die Ausbreitung einer dispersiven Welle.

Die Befallskurven für $y(x, t) = 1/(1+\exp(-((c+d^*t)-x)/(a+b^*t)))$ für 3 ausgewählte Entfernungen von der Inokulumquelle zeigen wie in Versuch 1 ein von der Entfernung der Inokulumquelle abhängiges Befallsniveau, aber unterschiedliche Verläufe der Kurven (Abbildung 55).

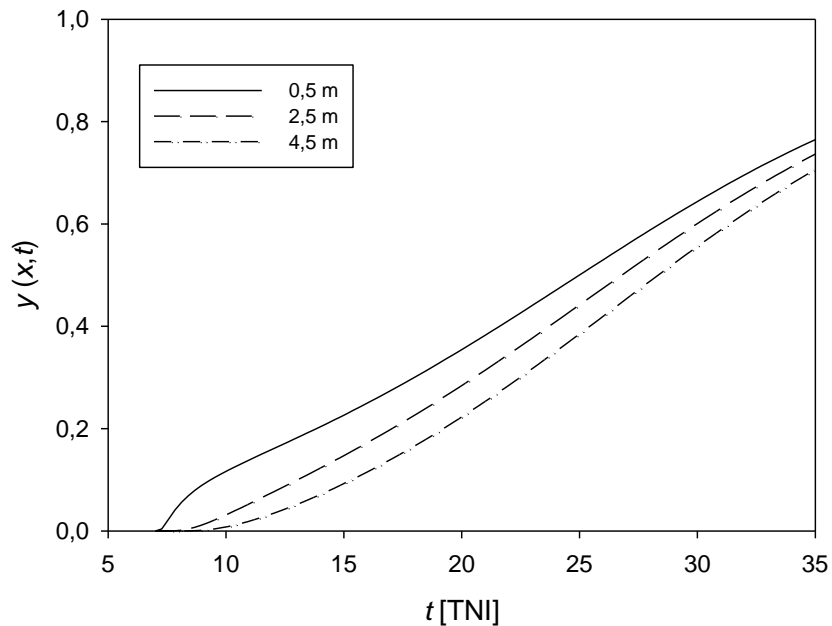


Abbildung 55: Befallskurven der Befallsstärke berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ für 3 Entfernungsstufen

Wie in Abbildung 48 für den ersten Versuch zeigt sich, dass die Befallsstärke der mittleren und weiten Entfernung niedriger liegen als in der Nähe der Inokulumquelle. Zu Beginn der Versuche steigt die Befallsintensität bei 0,5 m deutlich stärker an als bei 2,5 und 4,5 m, wobei die Befallskurven gegen Ende der Beobachtungen aber nahezu parallel verlaufen.

Versuch 3

In diesem Versuch mit hoher Bestandesdichte waren die ersten Symptome auf den Pflanzen nahe der Inokulumquelle sieben Tage nach der Inokulation sichtbar, und nach 13 Tagen waren alle Pflanzen im Bestand befallen. Im Mittel hatten die Pflanzen zu Versuchsbeginn 5,4 Blätter und zum Ende 26 Blätter. Nach 20 Tagen entwickelte sich der Befall sehr schnell, die Befallskurve zeigte einen sigmoiden Verlauf, was auf multiple Infektionszyklen auf den Pflanzen zurückzuführen ist (Mersha, 2008). Die Befallsstärke erreichte Werte zwischen $y = 0,45$ in den weiteren Entfernungen und $y = 0,57$ nahe der Inokulumquelle (Abbildung 56).

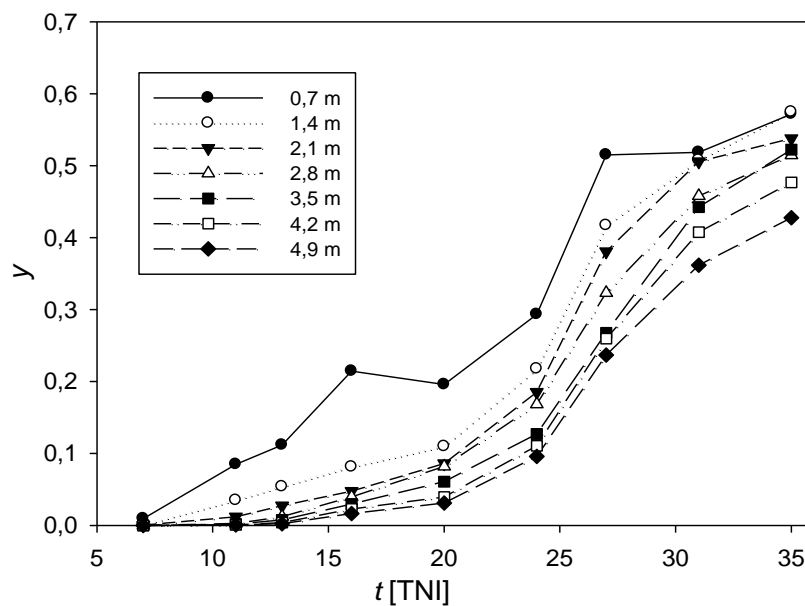


Abbildung 56: Verlauf der Befallsstärke in den einzelnen Reihen mit unterschiedlicher Entfernung zur Inokulumquelle in Abhängigkeit von der Zeit t in Tagen nach Aufstellen der Inokulumpflanzen (TNI)

Elf Tage nach der Inokulation waren Gradienten erkennbar, die zunächst insbesondere nahe der Inokulumquelle recht steil verliefen, mit zunehmender Entfernung von der Inokulumquelle und im weiteren Versuchsverlauf aber abflachten (Abbildung 57).

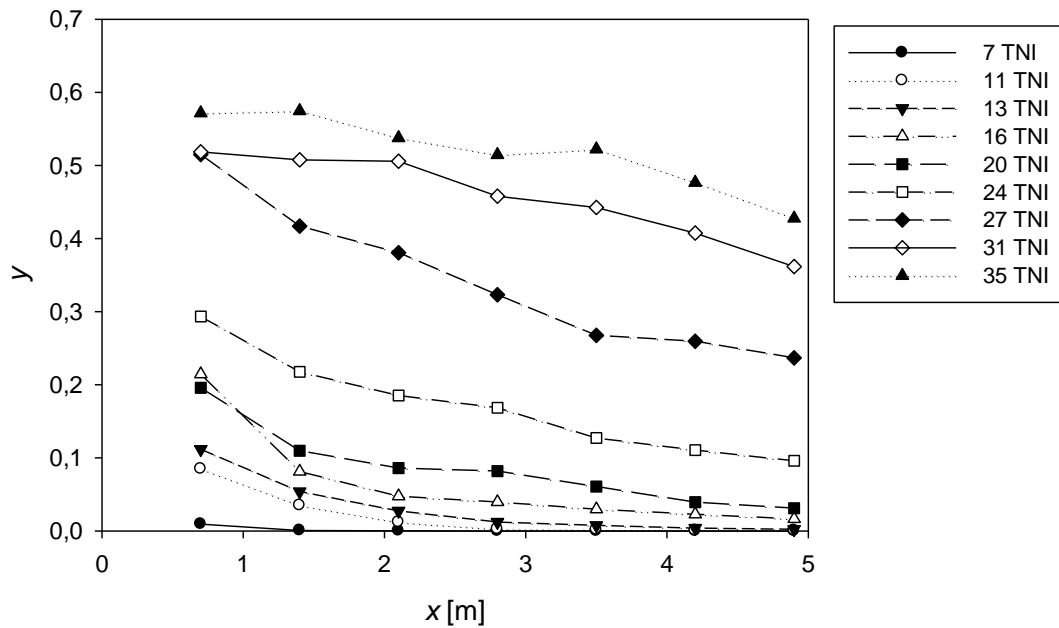


Abbildung 57: Gradienten der Befallsstärke an 9 Boniturterminen

Wie in den Versuchen 1 und 2 wurden die Gradienten zunächst linearisiert, indem die Befallsstärke y logit-transformiert wurde und die Entfernung x untransformiert blieb (Abbildung 58).

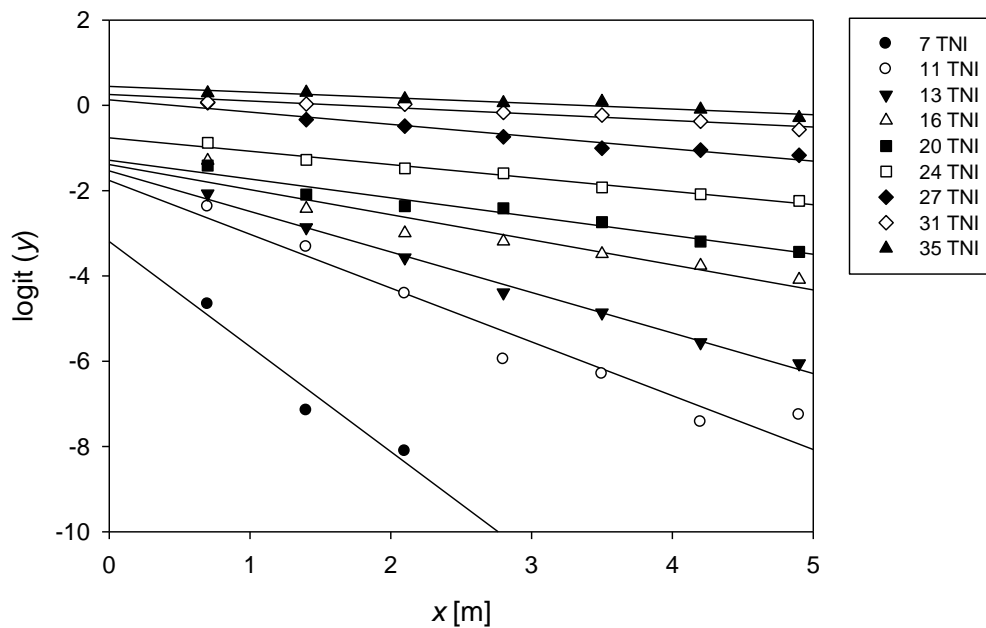


Abbildung 58: Logit-transformierte Gradienten der Befallsstärke y an 9 Boniturterminen sowie die dazugehörigen Regressionsgeraden

Die Zwischenschritte der weiteren Analyse, wie sie für den Versuch 1 beschrieben wurde, werden hier nur zusammengefasst, aber im Anhang 2 dokumentiert.

Der Verlauf der Gradienten (Abbildung 57) spiegelte sich in der Anpassung der Steigungen und Achsenabschnitte der einzelnen Gradienten wieder (Abbildung A2.4 und Abbildung A2.45). Die fallende Hyperbel lieferte eine sehr gute Anpassung ($R^2 = 0,98$) an die Daten der Steigungen.

Wie in den Versuchen 1 und 2 konnten die Achsenabschnitte mit der linearen Funktion $A(t) = c+d*t$ gut angepasst werden ($R^2 = 0,92$) (Tabelle A2.3). Mit den beiden Zeitfunktionen für den Achsenabschnitt und die Steigung konnte die raum-zeitliche Entwicklung des Echten Gurkenmehltaus im transformierten System recht gut beschrieben werden ($R^2 = 0,98$) (Abbildung A2.6; Tabelle A2.4).

Mit dem Modell $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x)/(a+b*t)))$ konnten die Originalgradienten an 9 Zeitpunkten und 7 Distanzen zur Inokulumquelle gut beschrieben werden ($R^2 = 0,96$) (Abbildung 59, Tabelle 22).

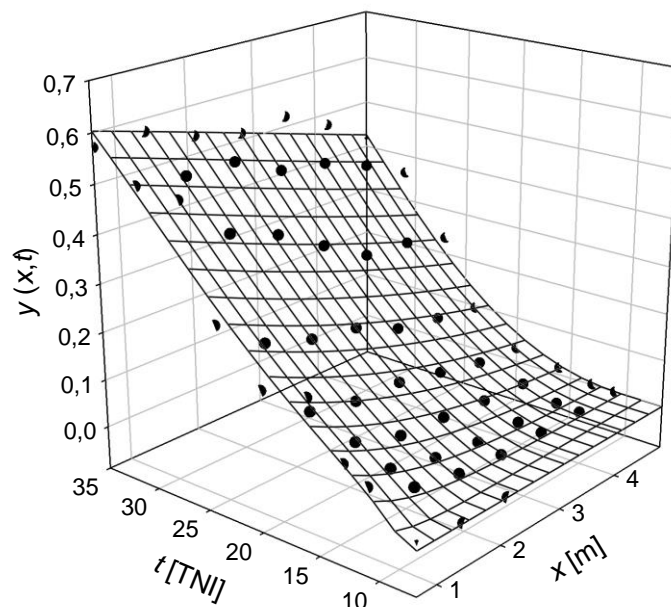


Abbildung 59: Raum-zeitliche Entwicklung des Echten Mehltaus beschrieben durch $y(x,t)=1/(1+\exp(-((c+d*t)-x)/(a+b*t)))$ mit den Parameterwerten der Tabelle 22

Tabelle 22: Geschätzte Parameter a bis d (und Standardfehler) für die Originalgradienten ($y(x,t)=1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$) und kritische Zeit t_c

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,96	-1,4565 (0,6353)	0,2085 (0,0352)	-2,7419 (0,2561)	0,0938 (0,0082)	6,99

In Abbildung 60 sind für die Befallsstärken $y = 0,1, 0,25$ und $0,5$ die zwischen 2 Boniturterminen zurückgelegten Distanzen, die horizontalen durchgehenden Linien, ablesbar. Für die Befallsstärke $y = 0,1$ beträgt die zurückgelegte Distanz zwischen 15 und 20 TNI rund 2,10 m, für die höhere Befallsstärke $y = 0,5$ ca. 2,76 m zwischen 30 und 35 TNI (Abbildung 60). Die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung der Befallsstärke bei der Entfernung $x = 1$ m. Für den Zeitraum $\Delta t = 15-10$ TNI liegt die zurückgelegte Distanz bei 2,24 m, für $\Delta t = 30-25$ TNI 2,45 m.

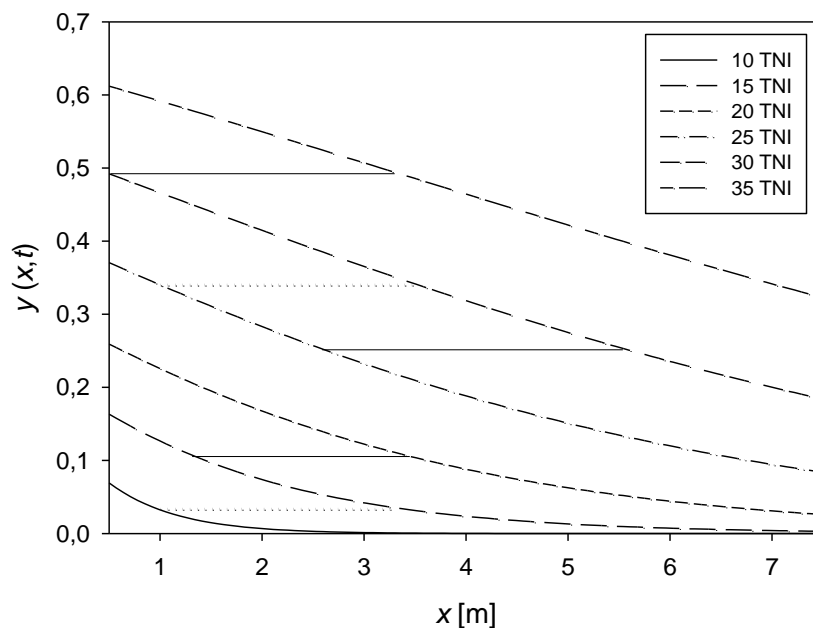


Abbildung 60: Gradienten des Echten Mehltaus an 6 ausgewählten Zeitpunkten, berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$. Die horizontalen durchgehenden Linien zeigen die zurückgelegte Entfernung für $y(x,t) = 0,1; 0,25$ und $0,5$ zwischen 2 Boniturterminen; die horizontalen gepunkteten Linien zeigen die Entwicklung unterschiedlicher $y(x,t)$ bei der Entfernung $x = 1$ m

Wie in den beiden anderen Versuchen nimmt die Isopfadgeschwindigkeit bei gegebener Befallsstärke zu, hier um 0,04 m/Tag. Am Tag 20 beträgt sie für die Befallsstärke $y = 0,05$ 0,69 m/Tag, für $y = 0,25$ 0,29 m/Tag (Abbildung 61).

Die berechneten Werten zeigen, dass sich wie in den ersten beiden Versuchen die niedrigeren Befallsstärken schneller ausbreiteten als die höheren und die Isopfadgeschwindigkeiten mit der Zeit zunahmen (Abbildung 61), so dass sich der Echte Mehltau auch hier in Form einer dispersiven Welle ausbreitete.

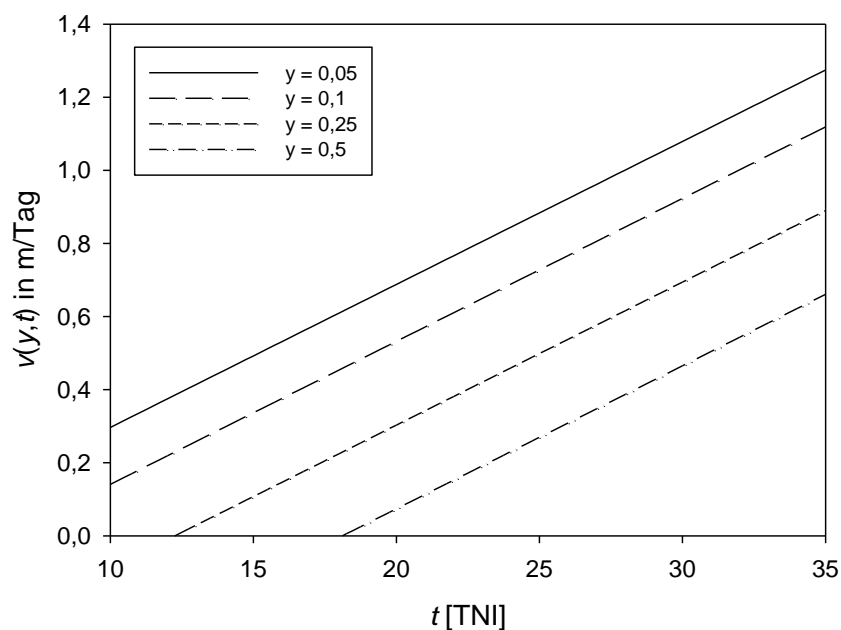


Abbildung 61: Isopfadgeschwindigkeit in m/Tag für die Befallsstärken $y = 0,05; 0,1; 0,25$ und $0,5$ in Abhängigkeit von der Zeit t

Ähnlich wie im ersten Versuch liegt zu Beginn der Epidemie das Befallsniveau nahe der Inokulumquelle höher als in den anderen Entfernungen und entwickelt sich zunächst auch schneller (Abbildung 62). Ab ungefähr 27 Tagen verlaufen auch hier die Kurven nahezu parallel.

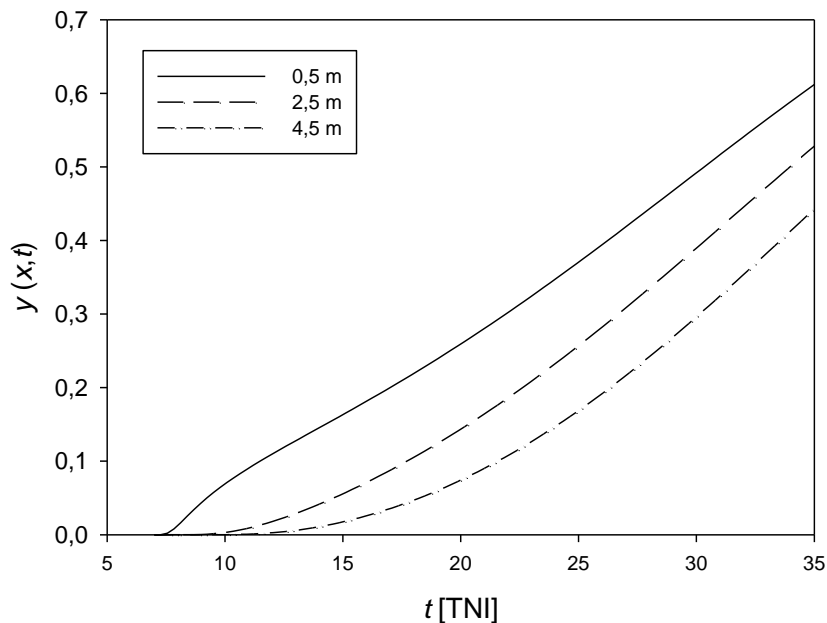


Abbildung 62: Befallskurven der Befallsstärke berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ für 3 Entfernungsstufen

Vergleich der drei Versuche

Die drei durchgeführten Versuche unterschieden sich in den Bestandesdichten und den untersuchten Entfernungen zur Inokulumquelle. In allen Versuchen konnten die Gradienten mit dem gleichen Modell, welches nur 4 Parameter enthielt, gut beschrieben werden. Die Bedingungen nahe der Inokulumquelle, beschrieben durch die Parameter c und d , waren in allen Versuchen ähnlich (Tabelle 23). Die Ausgangsbedingungen in den Versuchen waren damit, wie in der Versuchsanstellung geplant, vergleichbar.

Unterschiede in der Dynamik der Gradienten traten durch die verschiedenen Bestandesdichten auf. Im ersten Versuch mit einer geringen Bestandesdichte flachten die Gradienten sehr schnell ab. In Versuch 2 war die Bestandesdichte etwas geringer und die Gradienten verliefen hier zunächst recht flach und an den letzten 4 Boniturterminen sehr unregelmäßig.

Der Einfluss einer höheren Bestandesdichte wurde in Versuch 3 untersucht. Die Gradienten verliefen während der gesamten Versuchsdauer eher steil im Vergleich zu den ersten Versuchen, zu erkennen an dem niedrigsten Wert für b (Tabelle 23).

Die nah beieinanderstehenden Pflanzen in den Reihen wirkten wie eine Barriere und verzögerten die schnellere Verbreitung des Echten Mehltaus im Bestand.

Die parallele Berechnung der Befallskurve für die drei Versuche mit dem entwickelten Modell für die Entfernung 3 m von der Inokulumquelle zeigte ähnliche Verläufe (Abbildung 63). Die Versuche 1 und 2 mit den geringeren Bestandesdichten verliefen auf einem ähnlichen Befallsniveau, während die Befallsstärke im Versuch 3 mit der höchsten Bestandesdichte deutlich darunterlag. Einen Vergleich der Gradienten zum Zeitpunkt 20 TNI zeigt die Abbildung 64. Wie bei den Befallskurven verlaufen die Gradienten in allen Versuchen sehr ähnlich, die Befallsstärke y ist dabei am höchsten im Versuch 2 mit der geringsten Bestandesdichte und am geringsten in Versuch 3 mit der höchsten Bestandesdichte.

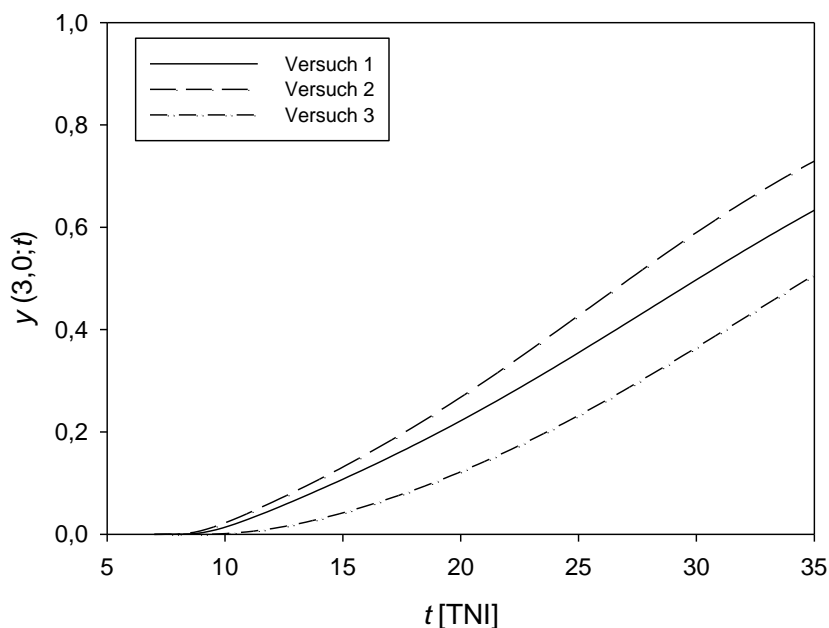


Abbildung 63: Befallskurven der Befallsstärke y berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$ für die Entfernung $x = 3$ m

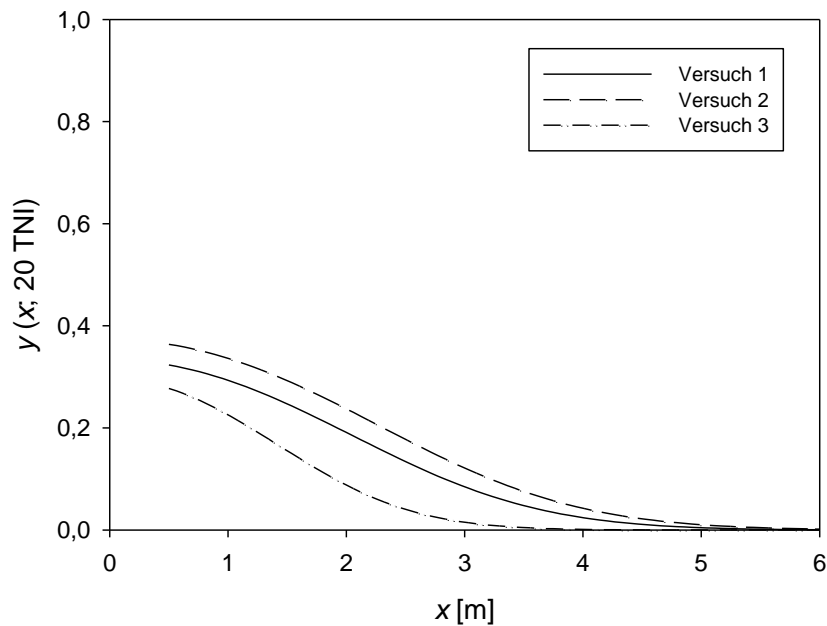


Abbildung 64: Gradienten der Befallsstärke y berechnet mit $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x)/(a+b*t)))$ zum Zeitpunkt $t = 20$ TNI

Tabelle 23: Geschätzte Parameter (\pm Standardfehler) und Bestimmtheitsmaße (R^2) nach Anpassung des Modells $y(x,t)=1/(1+\exp(-((c+d*t)-x)/(a+b*t)))$ an die Originalgradienten

	R^2	a	b	c	d
Versuch 1	0,98	-2,9954 (0,4242)	0,4162 (0,0405)	-2,6880 (0,1082)	0,0998 (0,0033)
Versuch 2	0,95	-3,2984 (1,0740)	0,4727 (0,0810)	-2,8325 (0,1954)	0,1157 (0,0069)
Versuch 3	0,96	-1,4565 (0,6353)	0,2085 (0,0352)	-2,7419 (0,2561)	0,0938 (0,0082)

Die Zunahme der Isopfadgeschwindigkeit wurde mit der Steigung der Gleichung 4 ($v(y,t) = (d*a+b*c-b*\logit y) + 2*b*d*t$) berechnet (Tabelle 24). Die Isopfadgeschwindigkeit nimmt im Versuch 2 mit der geringsten Bestandesdichte am deutlichsten zu, in Versuch 3 mit der höchsten Bestandesdichte am geringsten.

Tabelle 24: Zunahme der Isopfadgeschwindigkeit

	$2*b*d$
Versuch 1	0,0831
Versuch 2	0,1094
Versuch 3	0,0351

Diskussion

Ziel dieser Arbeit war die Beschreibung der Dynamik der Gradienten des Echten Gurkenmehltaus im Gewächshaus. Dafür wurden drei Versuche mit unterschiedlicher Bestandesdichte und verschiedenen maximalen Entfernungen zu einer linienförmigen Inokulumquelle durchgeführt.

Der Echte Gurkenmehltau, verursacht durch die Erreger *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii*, hat unter optimalen Bedingungen einen Entwicklungszyklus von 5-6 Tagen (Bardin, 1996). Nach 7-8 Tagen waren in diesen Versuchen erste Symptome sichtbar, was zeigte, dass die Bedingungen im Gewächshaus für die Entwicklung der Krankheit sehr gut waren.

In den Versuchen mit einer Bestandesdichte von 1,5 bzw. 1,6 Pflanzen/m² entwickelte sich die Befallsstärke in den ersten 14-16 Tagen nach der Inokulation zunächst langsam. Danach stieg sie deutlich an und verlief in etwa linear bis zum Versuchsende, wo die Kurven tendenziell abflachten und das Befallsniveau Werte zwischen $y = 0,5$ und $y = 0,8$ erreichte. Diesen für viele polyzyklische Krankheiten typischen Verlauf beschreiben auch Van der Plank (1963) und Berger & Luke (1979) für den Haferkronenrost. Im Versuch mit der höheren Bestandesdichte (2,3 Pflanzen/m²) stieg das Befallsniveau erst nach 20 Tagen schneller an und erreichte gegen Ende Werte zwischen $y = 0,4$ und $y = 0,6$. In dem dichteren Pflanzenbestand breitete sich der Echte Mehltau langsamer aus und erreichte geringere Befallsstärken als in den Versuchen mit weniger Pflanzen. Der Grund hierfür war die „Barrierewirkung“ der näher beieinanderstehenden Pflanzen auf die Verbreitung der Konidien. Insgesamt blieb der Befall in allen drei Versuchen unter dem Niveau der in Kapitel 2 dargestellten Versuche, in denen nur die untere Blatttage betrachtet und die neu hinzukommende noch unbefallene Blattfläche nicht berücksichtigt wurde. Bei der Betrachtung der Befallsentwicklung sollte das Wirtswachstum berücksichtigt werden, um sowohl den Ertrag als auch die „Reduzierung“ der Befallsstärke richtig beurteilen zu können (Cunniffe et al., 2015). Deutlich wird dies, wenn man die Entwicklung der Blattanzahl über die Versuchsdauer sieht. Die Pflanzen hatten zu Beginn der Versuche zwischen 4 und 7 Blätter und bei der letzten Bonitur zwischen 22 und 32 Blätter. Eine Reduzierung der Befallsstärke tritt aber nicht nur durch den Zuwachs neuer Blattfläche auf, sondern kann auch durch den Blattfall stark befallener oder abgestorbener Blätter hervorgerufen werden. In diesen Versuchen trat dieser nur sehr vereinzelt auf und hatte daher keinen Einfluss auf die Befallsstärke.

Die ersten Läsionen traten wie erwartet auf den Pflanzen nahe der Inokulumquelle auf, bereits nach 12-14 Tagen waren auch die Pflanzen befallen, die je nach Versuchsaufbau in den am weitesten entfernt stehenden Reihen bei 4,9 m, 5,4 m und 7,0 m von der Inokulumquelle standen.

Der Echte Gurkenmehltau gehört zu den Krankheiten, die durch Wind bzw. durch Luftbewegungen verbreitet werden und so innerhalb kurzer Zeit auch größere Entfernungen zurücklegen können (Bardin, 1996). Dadurch entstehende Sekundärinfektionen auf bis dahin unbefallenen Pflanzen im Bestand beschleunigen die Ausbreitung auch weiter entfernt von der Inokulumquelle (Kranz, 1996). Ebenso spielen die zunehmende Größe der Pflanzen und die dadurch kürzer werdenden Distanzen zwischen den Blättern eine wichtige Rolle (Cunniffe et al., 2015). Auch die mögliche künstliche Verbreitung durch Arbeiten im Bestand muss beachtet werden, wie bei Harwood et al. (2009) für die Verbreitung von *Phytophthora* sp. an Baumschulgehölzen beschrieben. Durch Bewegung der Blätter werden Konidien abgelöst und durch Luftbewegungen oder mechanische Übertragung (Bekleidung, Arbeitswerkzeuge) verbreitet. In den drei Versuchen zeigte sich dies durch einen sprunghaften Anstieg der Befallsstärke nach 14-20 Tagen.

Entsprechend schnell waren Befallsgradienten in allen Versuchen bereits 7 bis 11 TNI erkennbar. Diese verliefen an den ersten Boniturterminen bis zu einer Entfernung von 1,4 m zu den Inokulumpflanzen steil, flachten dann aber an den folgenden Boniturterminen zunehmend ab. Begründet ist dies mit der Verbreitung der Konidien durch Luftbewegungen im Gewächshaus und die dadurch entstehenden Sekundärquellen im gesamten Bestand nach nur wenigen Tagen, die die Wachstumsrate der Krankheit an den verschiedenen Stellen im Bestand egalisieren (Aylor & Ferrandino, 1988). Dabei stellen jüngere Pflanzenbestände eine geringere räumliche Barriere da, so dass sich zu Beginn der Versuche, die Konidien gut im gesamten Bestand verteilen konnten (Jeger, 1983).

Zum Vergleich der Gradienten wurden diese mit verschiedenen Modellen linearisiert. Ähnlich wie bei Maffia & Berger (1999), die die Gradienten für Bohnenrost beschrieben, wurde die beste Anpassung erreicht, indem die Befallsstärke y mit $\text{logit}(y) = \ln(y/(1-y))$ transformiert wurde, die Entfernung x aber untransformiert blieb.

Fried et al. (1979) konnten die Gradienten des Echten Weizenmehltaus besser mit dem Potenz-Modell als mit dem exponentiellen Modell beschreiben. Die deutlichere Steigung nahe der Inokulumquelle im Feldversuch korrelierte dort aber mit der Windgeschwindigkeit. Sowohl an den beobachteten Gradienten als auch im transformierten System war ein Anstieg der Achsenabschnitte sowie eine Abnahme der Steigung in Abhängigkeit von der Zeit erkennbar.

Die fallende Hyperbel beschrieb die Steigungen von zwei Versuchen sehr gut, im Versuch mit der geringsten Bestandesdichte (Versuch 2) aufgrund des ungleichmäßigen Verlaufs der Gradienten aber nur ausreichend.

Auch der Verlauf der Achsenabschnitte konnte in diesem Versuch mit einer linearen Funktion nicht so gut beschrieben werden wie in den anderen beiden Versuchen. Möglicherweise war die bei der Entfernung 3,5 m (von der Inokulumquelle) nicht vollständig schließende Schattierung des Gewächshauses, die damit verbundenen stärkeren Luftbewegungen und dadurch stärkere Ablösung und Verteilung der Konidien in diesem Bereich verantwortlich für die höheren Befallsstärken gegenüber den Pflanzen, die näher an der Inokulumquelle standen.

In Anlehnung an die Vorgehensweise von Madden et al. (2007) wurde mit der zeitlichen Abhängigkeit der Steigungen und Achsenabschnitte ein Modell entwickelt, das alle Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit und der Entfernung zu den Inokulumpflanzen beschreiben sollte. Die simultane Anpassung aller linearisierten Gradienten eines Versuchs mit $\text{logit } y(x,t) = c+d*t-1/(a+b*t)*x$ lieferte R^2 -Werte zwischen 0,96 und 0,98, die damit etwas unter den Werten der Anpassung des Modells an die untere Blattetage (Kapitel 2) lagen. Der niedrigere Wert von $R^2 = 0,96$ kam aus dem Versuch mit der geringsten Bestandesdichte (Versuch 2) aufgrund der unregelmäßigen Ausprägung der Gradienten.

Durch Umkehrung der logit-Transformation wurde das Modell an den Originalgradienten überprüft: $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-x/(a+b*t))))$. Unabhängig von der Bestandesdichte und der weitesten zu den Inokulumpflanzen gemessenen Entfernung beschrieb das Modell die Dynamik der beobachteten Gradienten gut bis sehr gut ($R^2 = 0,98$; 0,95 und 0,96).

Für das Pathosystem Salatgurke und Echter Gurkenmehltau im Gewächshaus wurde beispielhaft die Isopfadgeschwindigkeit für die Befallsstärken $y = 0,05, 0,1, 0,25$ und $0,5$ berechnet.

Für alle drei Versuche gilt, dass sich die niedrigeren Befallsstärken mit einer höheren Geschwindigkeit in m/Tag ausbreiten. Bedingt durch den großen Abstand zwischen den Versuchspflanzen war eine schnelle Ausbreitung im Bestand durch die fehlende Barriere eines dichteren Pflanzenbestandes möglich (Jeger, 1983). Die niedrigsten Isopfadgeschwindigkeiten wurden dagegen für den Versuch mit der höchsten Bestandesdichte (Versuch 3) berechnet. Hier standen die Pflanzen innerhalb der Reihen mit einem Abstand von nur 0,2 m und bildeten so eine dichtere Laubfläche, die eine Barriere für die Konidien aus der primären Inokulumquelle darstellte und damit auch für die weitere Ausbreitung innerhalb des Bestandes.

Unabhängig von der Bestandesdichte nahm die Isopfadgeschwindigkeit wie auch bei Cowger et al. (2005) beschrieben für alle Befallsintensitäten mit der Zeit zu.

Betrachtete man die Entwicklung der Befallsstärke an unterschiedlichen Entfernungen im Bestand, so ist erkennbar, dass die Befallskurve nahe der Inokulumquelle (0,5 m) zunächst steiler ansteigt und insgesamt auf einem höheren Niveau liegt als bei den Distanzen 2,5 m und 4,5 m. Ungefähr 15 Tage nach Inokulation wurde der Verlauf der Kurven fast parallel, jedoch wie erwartet auf unterschiedlichem Befallsniveau, das zum Versuchsende auf allen Distanzen aber ähnlich hoch war. Damit war auch das Abflachen der Gradienten zu erklären. Der Einfluss der Bestandesdichte auf die Entwicklung des Befalls wurde deutlich, wenn für alle Versuche die Befallsstärke mit der Funktion $y(x,t) = 1/(1+\exp(-((c+d*t)-1/(a+b*t)*x)))$ berechnet und für die drei Versuche parallel gegen die Zeit für die Entfernung $x = 3$ m aufgetragen wurde. Die Befallskurven verliefen zwar nahezu parallel, das Befallsniveau im Versuch mit der niedrigsten Bestandesdichte lag jedoch deutlich über dem der anderen beiden Versuche. Ähnliche Ergebnisse beschrieben Berger & Luke (1979) für das Pathosystem Hafer und Kronenrost (*Puccinia coronata*) für zwei unterschiedliche Hafersorten und Calonnec et al. (2009) für Echten Mehltau auf Wein in drei Versuchswiederholungen. Die Ausbreitung der jeweiligen Krankheit verlief jeweils ähnlich, die Befallsintensität wurde aber von der Sorte bzw. den Wiederholungen/dem Standort beeinflusst.

Trotz unterschiedlichem Versuchsaufbau und zum Teil unterschiedlichen Befallsverläufen des Echten Mehltaus konnte ein Modell entwickelt werden, das die Dynamik der Gradienten in den drei Versuchen passend beschrieb.

Der Befall entwickelte sich bis zum Entstehen von Sekundärinfektionen bis ca. 15 TNI relativ langsam, stieg dann aber sprunghaft an und erreichte schnell ein hohes Niveau im gesamten Bestand unabhängig vom Versuchsaufbau. Der Echte Gurkenmehltau breitete sich in Form einer dispersiven Welle aus, die niedrigeren Befallsstärken breiten sich schneller im Bestand aus als die höheren und die Isopfadgeschwindigkeit nahm mit der Zeit zu. Ein rechtzeitiges Erkennen des Anfangsbefalls und entsprechende Pflanzenschutzmaßnahmen sind für die Vermeidung von Ertragsausfällen daher unumgänglich.

Literaturverzeichnis

Aylor, D.E., F.J. Ferrandino. 1988. Temporal and spatial development of bean rust epidemics initiated from an inoculated line source. *Phytopathology* 79: 146-151

Bardin, M. 1996. Diversité phénotypique et génétique des oïdiums des cucurbitacées, *Sphaerotheca fuliginea* et *Erysiphe cichoracearum*. Dissertationsschrift. Université Claude Bernard, Lyon

Berger, R.D. & H.H. Luke 1979. Spatial and temporal spread of oat crown rust. *Phytopathology* 69: 1199-1201

Calonnec, A., P. Cartolaro, J. Chadœuf. 2009. Highlighting features of spatiotemporal spread of powdery mildew epidemics in the vineyard using statistical modeling on field experimental data. *Phytopathology* 99: 411-422

Cowger, C., L.D. Wallace, C.C. Mundt. 2005. Velocity of Spread of Wheat Stripe Rust Epidemics. *Phytopathology* 95: 972-982

Cunniffe, N.J., B. Koskella, C.J.E. Metcalf, S. Parnell, T.R. Gottwald, C.A. Gilligan. 2015. Thirteen challenges in modelling plant disease epidemics. *Epidemics* 10: 6-10

Danos, E., R.D. Berger. 1984. Temporal and spatial spread of citrus canker within groves. *Phytopathology* 74: 904-908

Ferrandino, F.J. 1993. Dispersive waves epidemics. I. Focus expansion in a linear planting. *Phytopathology* 83: 795-802

Ferrandino, F.J. 2008. Effect of the crop growth and canopy filtration on the dynamics of plant disease epidemics spread by aerially dispersed spores. *Phytopathology* 98: 492-503

Fried, P.M., D.R. MacKenzie, R.R. Nelson. 1979. Dispersal gradients from a point source of *Erysiphe graminis* f.sp. *tritici* on Chancellor winter wheat and four multilines. *Phytopathologische Zeitschrift* 95: 140-150

Harwood, T.D., X. Xu, M. Pautasso, M.J. Jeger, M.W. Shaw. 2009. Epidemiological risk assessment using linked network and grid based modelling: *Phytophthora ramorum* and *Phytophthora kernoviae* in the U.K. *Ecological Modelling* 220: 3353-3361

Hau, B., W.J. Drepper, O. Prasertkit, J. Kranz, B.L. Renfro. 1995. Temporal and spatial aspects of the epidemiology of sorghum downy mildew on maize. *Plant Pathology* 44: 897-908

Jeger, M.J. 1983. Analysing epidemics in time and space. *Plant Pathology* 35: 5-11

Koch, E., E. Moll, A. Schmitt, C. Seifried. 2012. Echter Gurkenmehltau – Erreger, Regulierungsmöglichkeiten und Vorstellung einer Webanwendung zur Befallsbonitur. *Journal für Kulturpflanzen* 65: 162-168

Kranz, J. 1996. *Epidemiologie der Pflanzenkrankheiten: eine Einführung in Grundlagen, Methoden und praktische Anwendung*. Ulmer Verlag. Stuttgart (Hohenheim)

Madden, L.V., G. Hughes, F. van den Bosch. 2007. *The Study of Plant Disease Epidemics*. APS Press, St. Paul, MN.

Maffia, L. A. und R. D. Berger. 1999. Models of plant disease epidemics. II: Gradients of bean rust. *Phytopathology* 147: 199-206

Mersha, Z. 2008. *Epidemiological Investigations of Black Leaf Mold (*Pseudocercospora fuligena* (Roldan) Deighton) on Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) under Protected Cultivation*. Dissertationschrift. Gottfried Wilhelm Leibniz Universität Hannover

Minogue, K.P. 1986. Disease gradients and the spread of disease. *In*: Leonard, K.J., W.E. Fry (eds.). Plant Disease Epidemiology. Population Dynamics and Management. Vol. 1. Macmillan Publishing Company, New York: 285-310

Minogue, K.P. & W.E. Fry. 1983. Models for the spread of disease: some experimental results. *Phytopathology* 73: 1173-1176

Pérez-García, A., D. Romero, D. Fernández-Ortuno, F. López-Ruiz, A. de Vicente, J.A. Torés. 2009. The powdery mildew fungus *Podosphaera fusca* (Syn.: *Podosphaera xanthii*), a constant threat to cucurbits. *Molecular Plant Pathology* 10: 153-160

Rapilly, F. 1991. L'épidémiologie en pathologie végétale: mycoses aériennes. INRA, Paris, 317 pp.

Van der Plank, J.E. 1963. Plant Diseases: Epidemics and Control. Academic Press. New York. 349 pp.

Viljanen-Rollinson, S.L.H., C.M.A. Frampton, R.E. Gaunt, R.E. Falloon, D.L. McNeil. 1998. Spatial and temporal spread of powdery mildew (*Erysiphe pisi*) in peas (*Pisum sativum*) varying in quantitative resistance. *Plant Pathology* 47: 148-156

Anhang 1

Zwischenschritte bei der Auswertung des Versuchs 2

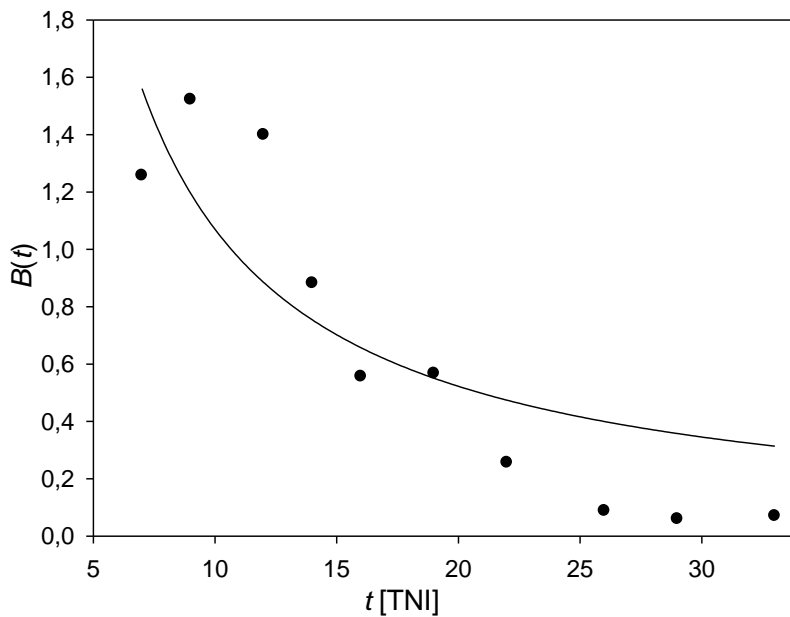


Abbildung A1.4: Verlauf der Steigungen der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t (TNI) sowie die angepasste Hyperbelfunktion

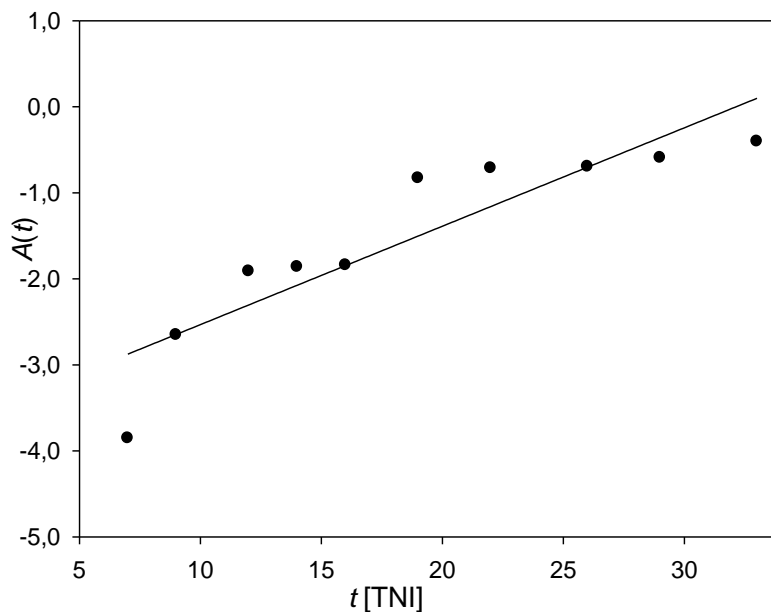


Abbildung A1.5: Verlauf der Achsenabschnitte der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t [TNI] sowie die angepasste lineare Funktion

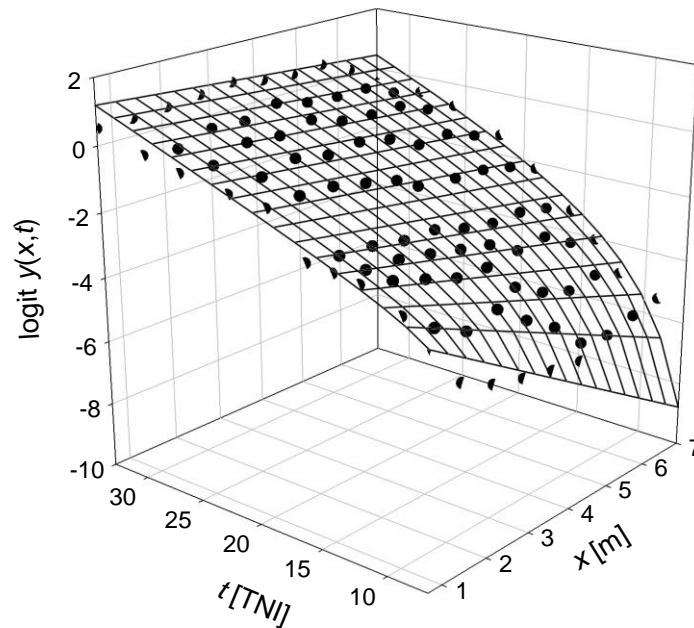


Abbildung A1.6: Raum-zeitliche Dynamik des Echten Gurkenmehltaus im Gewächshaus beschrieben durch $\text{logit } y(x,t) = c + d^*t - 1/(a + b^*t)^*x$ mit den Parameterwerten der Tabelle A1.4

Tabelle A1.3: Geschätzte Parameterwerte (und Standardfehler) der angepassten Funktion für die Steigungen und Achsenabschnitte

Steigung $B(t) = 1/(a + b^*t)$			Achsenabschnitte $A(t) = c + d^*t$		
R^2	a	b	R^2	c	d
0,73	-0,0448 (0,3125)	0,0979 (0,0347)	0,81	-3,6760 (0,4025)	0,1144 (0,0197)

Tabelle A1.4: Geschätzte Parameter a bis d (und Standardfehler) für die logit-transformierten Gradienten ($\text{logit } y(x,t) = c + d^*t - 1/(a + b^*t)^*x$) und kritische Zeit t_c

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,96	-0,8808 (0,1899)	0,2834 (0,0279)	-3,4259 (0,1607)	0,1425 (0,0060)	3,11

Anhang 2

Zwischenschritte bei der Auswertung des Versuchs 3

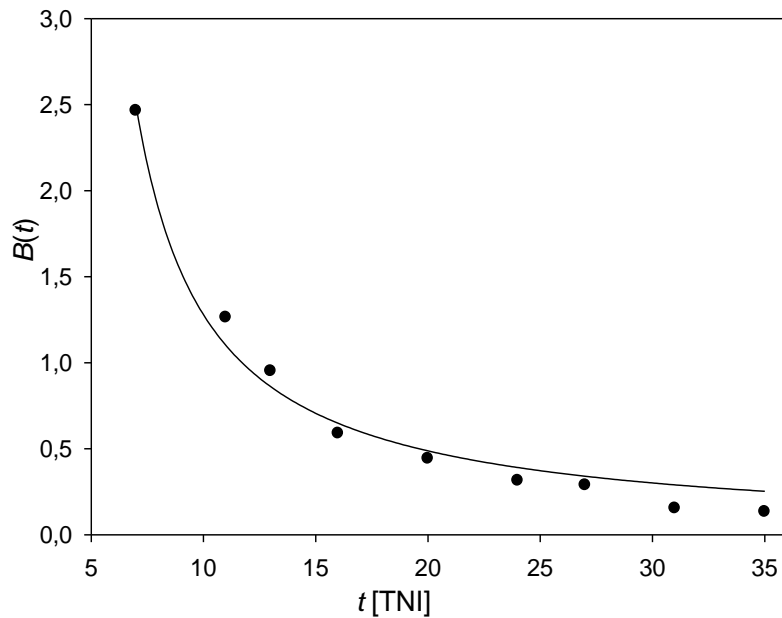


Abbildung A2.4: Verlauf der Steigungen der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t [TNI] sowie die angepasste Hyperbelfunktion

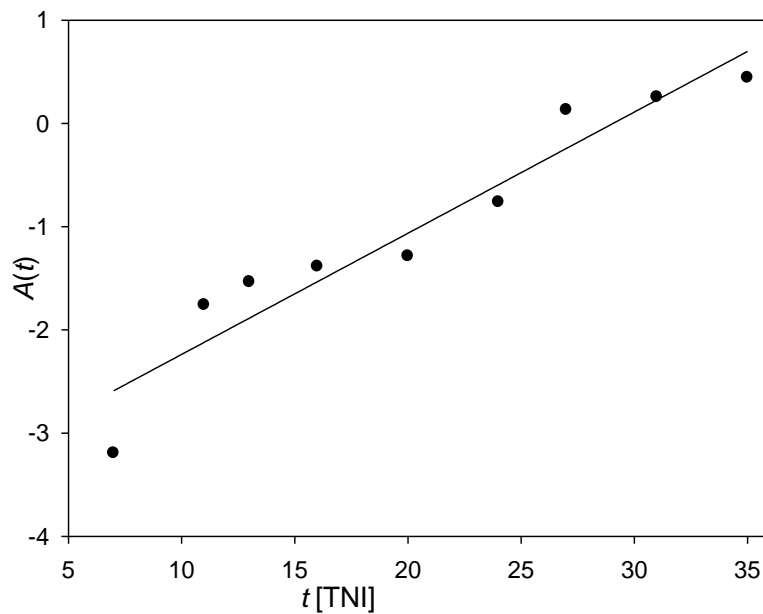


Abbildung A2.5: Verlauf der Achsenabschnitte der Gradienten in Abhängigkeit von der Zeit t [TNI] sowie die angepasste lineare Funktion

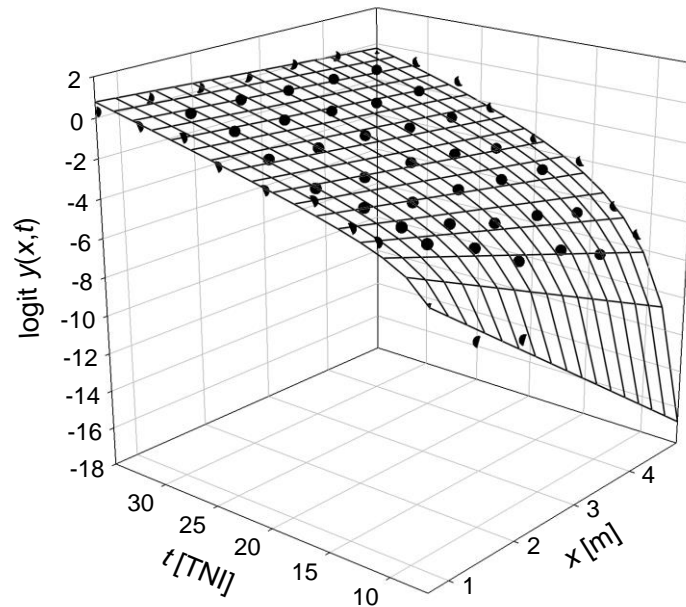


Abbildung A2.6: Raum-zeitliche Dynamik des Echten Gurkenmehltaus im Gewächshaus beschrieben durch: $\text{logit } y(x,t) = c + d \cdot t - 1 / (a + b \cdot t) \cdot x$ mit den Parameterwerten der Tabelle A2.4.

Tabelle A2.3: Geschätzte Parameterwerte (und Standardfehler) der Steigungen und Achsenabschnitte

Steigung $B(t) = 1/(a+b \cdot t)$			Achsenabschnitte $A(t) = c+d \cdot t$		
R^2	a	b	R^2	c	d
0,98	-0,4875 (0,0892)	0,1269 (0,0120)	0,92	-3,4111 (0,3010)	0,1174 (0,0135)

Tabelle A2.4: Geschätzte Parameterwerte (und Standardfehler) der logit-transformierten Gradienten ($\text{logit } y(x,t) = c + d \cdot t - 1 / (a + b \cdot t) \cdot x$)

R^2	a	b	c	d	t_c [TNI]
0,98	-0,5959 (0,0535)	0,1343 (0,0076)	-3,4237 (0,1941)	0,1250 (0,0065)	4,44

ALLGEMEINE DISKUSSION

Für den gezielten Einsatz von Pflanzenschutzmitteln sind möglichst genaue Kenntnisse über die Ausbreitung einer Krankheit im Bestand wichtig. Ebenso spielt die regionale Verteilung von Erregern oder Schädlingen eine bedeutende Rolle insbesondere für Strategien zur Resistenzvermeidung.

Die Echten Mehltupilze an Kürbisgewächsen zählen trotz großer Fortschritte in der Resistenzzüchtung zu den wichtigsten Krankheiten weltweit sowohl im Freiland als auch im Gewächshaus (Koch, 2012). Verursacht durch die beiden in Deutschland endemischen Erreger *Podosphaera xanthii* und *Golovinomyces orontii* hat diese polyzyklische Krankheit unter optimalen Bedingungen einen kurzen Lebenszyklus von nur 5-6 Tagen und wird durch Wind und Luftbewegungen leicht im Bestand verbreitet (Bardin, 1996). Vorhersagen zum Befallsverlauf des Echten Gurkenmehltaus sind schwierig, da dieser unabhängig von der Blattbenetzungsdauer oder der Kombination aus Blattbenetzungsdauer und Temperatur ist. Die Konidien enthalten ausreichend Wasser und sind daher unabhängig von freiem Wasser auf der Blattoberfläche. Die Temperaturspannen sind für die beiden Erreger *P. xanthii* und *G. orontii* in einem relativ weiten Bereich angesiedelt, was eine gute Handhabung während der Versuche ermöglichte.

Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurde daher versucht, weiterführende Erkenntnisse zu raum-zeitlichen Aspekten des Echten Gurkenmehltaus zu erarbeiten. Um ein möglichst vollständiges Bild sowohl vom Vorkommen dieses Schadorganismus in Deutschland sowie seiner Verbreitung zu bekommen, wurde zunächst die Verteilung von *P. xanthii* und *G. orontii* auf Kürbisgewächsen im Freiland und in Gewächshäusern im gesamten Bundesgebiet erfasst. Die regionale Verbreitung der beiden Arten ist u.a. abhängig von ihren Temperaturoptima, wodurch es in der Verteilung nicht nur räumlich, sondern auch zeitlich zu Verschiebungen kommen kann. So gilt *P. xanthii* als dominanter Erreger im Gewächshaus und in wärmeren Regionen und *G. orontii* als vorherrschend im Freiland und in kühleren Regionen. In dieser Arbeit konnte dies bestätigt werden – 53 % der Proben aus dem Gewächshaus waren mit *P. xanthii* befallen und 74 % der Proben vom Freiland mit *G. orontii*. Im Gegensatz zu Ergebnissen anderer Untersuchungen war jedoch keine regional klar differenzierte Verteilung der Erreger erkennbar. Für noch besser abgestimmte Pflanzenschutzmaßnahmen wäre möglicherweise eine Untersuchung sinnvoll, in der

die befallenen Pflanzen im Verlauf einer Saison mehrfach beprobt werden, um eine mögliche Artensukzession zu erkennen.

Aufgrund des kurzen Entwicklungszyklus und den daraus resultierenden mehreren Generationen pro Jahr oder Anbausaison ist eine schnelle Veränderung und Anpassung der Erreger an resistente Sorten oder Wirkungsmechanismen von Pflanzenschutzmitteln möglich. Da auch Fungizidresistenzen regional sehr unterschiedlich sein können und eine Rassenbildung beim Echten Mehltau an Kürbisgewächsen bekannt ist (Lebeda, 2011), ist die Verteilung auch im Hinblick auf die Entwicklung von Resistenzen von Bedeutung. So gab es Proben, die von Sorten mit einer intermediären oder sogar einer hohen Resistenz gegen den Echten Mehltau stammten und trotz mehrfacher Fungizidbehandlungen überlebendfähige Konidien produzierten. Drei dieser Proben, die mehrfach behandelt wurden und auf denen vitale *G. orontii* Konidien nachweisbar waren, stammten von Kürbis und Zucchini aus dem Freiland aus einem Anbaugebiet in Rheinland-Pfalz, einer Region mit großen Gemüseanbauflächen.

In den Kapitel 2 und 3 dieser Arbeit wurde die Dynamik der Gradienten des Echten Mehltaus mit und ohne Einfluss des Wirtswachstums auf die Befallsstärke im Gewächshaus untersucht. Das Kapitel 2 zeigt die Befallsentwicklung und die Dynamik der Gradienten auf den unteren Blättern der Gurkenpflanzen eines Gewächshausbestandes. In Kapitel 3 wird die Gesamtpflanze betrachtet und damit die stetig neu hinzukommende unbefallene Blattfläche und deren Auswirkung auf die Befallsintensität berücksichtigt.

Die Bedingungen sind im Gewächshaus relativ gut einstellbar, so dass vergleichbare Bedingungen für die verschiedenen Versuche geschaffen werden konnten. Zudem sind die Luftbewegungen kontrollierbarer als im Freiland. Ebenso konnten Niederschläge, die den Echten Mehltau auf den Blättern schädigen können, ausgeschlossen werden.

In allen drei Versuchen waren nach 7-8 Tagen die ersten Symptome auf den Pflanzen nahe der Inokulumquelle zu sehen. Die Befallsstärke stieg nach 14-16 Tagen deutlicher an als zu Beginn. Gradienten zwischen der ersten Reihe Versuchspflanzen und den anderen Entfernungen waren nach 7-11 Tagen erkennbar. Deutliche Unterschiede gab es aber zwischen den Befallsstärken auf der unteren Blattetage (Kapitel 2) und der Gesamtpflanze (Kapitel 3). Dabei waren die Befallsverläufe über die Versuchszeiträume aber in beiden Varianten sehr ähnlich und konnten mit dem

gleichen Modell beschrieben werden. In der unteren Etage ohne Zuwachs neuer Blätter während der Versuche erreichten die Befallsstärken gegen Ende Werte von $y = 0,8 - 1,0$. Bedingt durch den Zuwachs neuer Blätter und damit unbefallener Blattfläche, lag die durchschnittliche Befallsstärke auf der Gesamtpflanze deutlich niedriger ($y = 0,4 - 0,6$).

Der etwas steilere Verlauf der Gradienten der unteren Blattetage lässt sich möglicherweise mit der Höhe der Inokulumquelle in Relation zu den unteren Blättern der Versuchspflanzen erklären. Da hier nur die Blätter bis 50 cm über Substratoberfläche berücksichtigt wurden, lagen diese niedriger als die meisten Blätter der Inokulumpflanzen, von denen die Konidien freigesetzt wurden. Eine höhere Inokulumquelle führt häufig zu steileren Gradienten, da die Wahrscheinlichkeit, dass die Konidien sowohl seitlich als auch von oben auf den Blättern landen können größer ist (Kranz, 1996). Für die Blätter der gegenüber der Inokulumquelle höher gelegenen Etagen ist eine vertikale Luftbewegung nötig. Nur rund 10 % der Konidien befinden sich oberhalb der Pflanzen in einem Bestand (Peries, 1962).

Wie die Befallskurven verliefen auch die Gradienten in beiden Versuchsvarianten ähnlich und konnten mit demselben Modell beschrieben werden. Dieses Modell, welches lediglich 4 beziehungsweise manchmal nur 3 Parameter enthält, lieferte eine gute Anpassung an die Gradienten sowohl zu Versuchsbeginn, wo diese steiler verliefen, als auch bei den späteren Bonituren, als diese abflachten. Ein Modell für ähnliche Gradienten entwickelten Fontem et al. (1991) für *Alternaria brassicicola* auf Kohl. Komplexere Modelle, z.B. mit Berücksichtigung der Temperatur und/oder der Luftfeuchte, sind ebenfalls denkbar. Ein Modell sollte jedoch nur so komplex sein, wie die Fragestellung es erfordert (Van Maanen & Xu, 2003). Zur Beschreibung der Dynamik der Gradienten des Echten Gurkenmehltaus war das hier entwickelte Modell gut geeignet.

Die Beschreibung von Epidemien bzw. Befallsgradienten dient auch der Abschätzung des richtigen Zeitpunktes von Pflanzenschutzmaßnahmen. Wird eine bestimmte Befallsstärke oder Schadschwelle erreicht, ist es unter Umständen zu spät für eine erfolgreiche und effiziente Bekämpfung. Mit der Isopfadgeschwindigkeit einer bestimmten Befallsstärke, die z.B. einer Schadschwelle entsprechen kann, kann abgeschätzt werden, wann die Krankheit an einer bestimmten Entfernung von der Inokulumquelle ein kritisches Niveau erreichen wird.

Die hier berechneten Isopfadgeschwindigkeiten zeigten, dass sich die niedrigeren Befallsstärken schneller im Bestand ausbreiten als die höheren, unabhängig von der Bestandesdichte und der Versuchsanstellung. Dabei nimmt die Isopfadgeschwindigkeit aller Befallsstärken mit der Zeit t zu und man spricht von einer dispersiven Welle, mit der sich der Echte Mehltau ausbreitet. Obwohl wandernde Wellen oft für die Ausbreitung von windbürtigen Pathogenen genutzt wurden, eignen sich dispersive Wellen mit einer ansteigenden Isopfadgeschwindigkeit oft besser (Ferrandino, 1993; Cowger et al., 2005). Die hier beobachtete dispersive Welle entstand durch die linear zunehmende Isopfadgeschwindigkeit abhängig von der Zeit t , der Entfernung x und der Befallsstärke y . Im Gegensatz dazu war die Isopfadgeschwindigkeit wie bei Ferrandino (1993) und Madden et al. (2007) beschrieben nur abhängig von der Distanz und nahm exponentiell zu.

Dies bedeutet, dass Pflanzenschutzmaßnahmen relativ frühzeitig schon bei Befallsbeginn notwendig werden können, um höhere Befallsstärken und damit Ernteeinbußen zu vermeiden.

Das hier entwickelte Modell beschreibt die raum-zeitliche Dynamik der Gradienten des Echten Gurkenmehltaus gut (Gesamtpflanze) bis sehr gut (untere Blatttage). In weiteren Untersuchungen könnte versucht werden, ein Modell zu entwickeln, welches zusätzlich das Wirtswachstum miteinbezieht.

Literaturverzeichnis

Bardin, M. 1996. Diversité phénotypique et génétique des oidiums des cucurbitacées, *Sphaerotheca fuliginea* et *Erysiphe cichoracearum*. Dissertationsschrift. Université Claude Bernard, Lyon

Cowger, C., L. D. Wallace, C. C. Mundt. 2005. Velocity of spread of wheat stripe rust epidemics. *Phytopathology* 95: 972-982

Ferrandino, F.J. 1993. Dispersive waves epidemics. I. Focus expansion in a linear planting. *Phytopathology* 83: 795-802

Fontem, D.A., R.D. Berger, D.P. Weingartner und J.A. Bartz. 1991. Progress and spread of dark leaf spot in cabbage. *Plant Disease* 75: 269-274

Koch, E., E. Moll, A. Schmitt, C. Seifried. 2012. Echter Gurkenmehltau – Erreger, Regulierungsmöglichkeiten und Vorstellung einer Webanwendung zur Befallsbonitur. *Journal für Kulturpflanzen* 65: 162-168

Kranz, J. 1996. Epidemiologie der Pflanzenkrankheiten: eine Einführung in Grundlagen, Methoden und praktische Anwendung. Ulmer Verlag. Stuttgart (Hohenheim)

Lebeda, A., B. Mieslerová. 2011. Taxonomy, distribution and biology of lettuce powdery mildew (*Golovinomyces cichoracearum* sensu stricto). *Plant Pathology* 60: 400-415

Madden, L.V., G. Hughes, F. van den Bosch. 2007. The Study of Plant Disease Epidemics. APS Press, St. Paul, MN.

Peries, O.S. 1962. Studies on strawberry mildew, caused by *Sphaerotheca macularis* (Wallr. ex Fries) Jaczewski. *Annals of Applied Biology* 50: 211-224

Van Maanen, A., X.-M. Xu. 2003. Modelling plant disease epidemics. *European Journal of Plant Pathology* 109: 669-682

Danksagung

Vielen Dank

Herrn Prof. Dr. Bernhard Hau für die Überlassung des Themas, das mir entgegengebrachte Vertrauen, für die Unterstützung und Hilfe bei allen Fragen sowie bei der Entwicklung der Methoden und Modelle und der großen Geduld, weil alles doch etwas länger dauerte.

Dr. Gisela Grunewaldt-Stöcker für die Hilfestellungen bei Diagnose- und Mikroskopiertechniken von Pilzen und die lehrreichen Gespräche rund um das Thema Echter Mehltau.

Dr. Alexandra Wichura für die Unterstützung beim Monitoring, die Denkanstöße und die hilfreichen Tipps.

Den Mitarbeitern der Pflanzenschutzdienste und Landwirtschaftskammern für die Bereitschaft das Monitoring zu unterstützen und uns immer wieder mit Pflanzenproben zu versorgen.

All meinen Kollegen und Wegbegleitern im IPP, die zu einer schönen und abwechslungsreichen Arbeitsatmosphäre beitrugen und bei Bedarf immer ein offenes Ohr hatten. Besonders Christiane von den Berg, Shazar Nabhan, Zelalem Mersha und John Chelal für das nette Miteinander im Büro.

Dr. Arne Hübner für die Ideen und Hilfestellungen beim Schreiben und das Korrekturlesen.

Ganz besonderen Dank meiner lieben Familie, Elke und Frank Kraul, Agnetha Ahlbrecht und Maik H. und meiner Freundin Silke für Eure Unterstützung in anstrengenden Zeiten, Euer Verständnis und Eure tatkräftige Hilfe, wenn es irgendwo brannte.

Jule, Karina, Emma & Jessie, dass Ihr es mir nie übelgenommen habt, wenn ich so wenig Zeit für Euch hatte und ihr doch jeden anstrengenden Tag so viel fröhlicher gemacht habt.

Curriculum vitae

Persönliche Daten

Name: Jennifer Kraul
Geboren: 24.02.1976 in Hannover
Staatsangehörigkeit: deutsch
Familienstand: ledig
E-Mail: jenny.kraul@gmx.de

Schullaufbahn

1996 Allgemeine Hochschulreife
1988 – 1996 Matthias-Claudius-Gymnasium, Gehrden
1986 – 1988 Orientierungsstufe, Ronnenberg
1982 – 1986 Grundschule Am Kirchhofe, Ronnenberg

Beruflicher Werdegang

08/1996 – 11/1997 Ausbildung zur Reiseverkehrskauffrau
Reisebüro Am Markt, Gehrden
11/2005 – 02/2008 Beschäftigt im Einzelhandel
Reitsport Engelke GmbH, Hannover
02/2008 - 04/2012 Wissenschaftliche Mitarbeiterin, Institut für
Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Leibniz
Universität Hannover
05/2012 – 06/2013 Beschäftigt im Einzelhandel
Reitsport Engelke GmbH, Hannover
06/2013- Registration Manager DHD-Consulting GmbH, Hildesheim

Universitäre Ausbildung

10/1998 – 09/2005	Studium der Gartenbauwissenschaften Leibniz Universität Hannover
09/2005	Abschluss: Diplom Agraringenieur
02/2008 - 04/2012	Wissenschaftliche Mitarbeiterin Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Leibniz Universität Hannover Promotionsvorhaben zum Thema „Raum-zeitliche Aspekte des Echten Gurkenmehltaus“
05/2018	Promotion mit Abschluss

Publikationen:

Kraul, J., Hau, B. (2012). Verteilung des Echten Gurkenmehltaus an Kürbisgewachsen in Deutschland. Julius Kühn Archiv 438, 349-350

Kraul, J., B. Hau (21012). Dynamik von Gradienten des Echten Gurkenmehltaus im Gewächshaus. Julius Kühn Archiv 438, 432