

Identifikation virulenter *Rhizoctonia* Anastomosegruppen an Häuptelsalat

Dominik Linhard - GLOBAL 2000 Umweltforschungsinstitut; Markus Gorfer, Dragana Bandian - Austrian Institut of Technology

Einleitung

Häuptelsalat (*Lactuca sativa* var. *capitata*) wird häufig von *Rhizoctonia solani* befallen, was zur Kopffäule und somit zu beträchtlichen Qualitätseinbußen führt. Es ist derzeit jedoch nicht vollständig bekannt, welche Anastomosegruppen (AGs) dafür verantwortlich sind und inwieweit es lokale oder saisonale Unterschiede hinsichtlich der AGs gibt. Bei *R. solani* handelt es sich um einen Artenkomplex innerhalb der Familie der Ceratobasidiaceae (Basidiomycota) mit mehreren Zellkernen pro Zelle (multinucleate *Rhizoctonia*, MNR). Die dazugehörige Hauptfruchtform wird *Thanatephorus* genannt. Innerhalb dieser Gruppe werden zumindest 14 AGs (AG-1 – AG-13 sowie AG-BI) unterschieden, die zum Teil nochmals weiter unterteilt werden. Eng verwandt mit *R. solani* sind die ebenfalls pflanzenpathogenen zweikernigen *Rhizoctonia* (binucleate *Rhizoctonia*, BNR) mit der Hauptfruchtform *Ceratobasidium*. Auch dieser Artenkomplex kann weiter in zumindest 16 AGs (AG-A – AG-S) unterteilt werden.

Die traditionelle Bestimmung der AGs erfolgt über Kultivierung und anschließende Konfrontation mit Testerstämmen. Diese Methode ist jedoch sehr arbeitsaufwendig und dauert lange. Es wurde deshalb eine kultivierungsunabhängige Methode zur schnellen Bestimmung der AGs in einer größeren Anzahl von Proben entwickelt, mittels der *Rhizoctonia* AGs aus verschiedenen österreichischen Bundesländern identifiziert wurden.

Abb. 1: In der Literatur beschriebene *Rhizoctonia* AGs an Häuptelsalat

AG	Land	Vorkommen	Virulenz	Literatur
AG-1-1B	Deutschland	häufig	hoch	1, 2
	Belgien	häufig	hoch	5
	USA	häufig	hoch	3
	Brasilien	häufig		4
AG-1-1C	Deutschland	selten	mittel	1
	USA	gelegentlich	mittel	3
AG-2-1	Deutschland	selten		1
	Belgien	selten	niedrig	5
	Großbritannien	häufig		6
	USA	selten	niedrig	3
AG-2-2	USA	selten		3
AG-3	Belgien	selten	niedrig	5
AG-4	Belgien	häufig	hoch	5
	Großbritannien	selten		6
	USA	selten		3
AG-5	USA	häufig		3
AG-10	Belgien	selten	mittel	5
AG-L	Großbritannien	häufig		6

Methodik

Die Salatproben wurden in den Jahren 2013 – 2016 an konventionell bewirtschafteten Flächen in der Steiermark, dem Burgenland, Wien, Oberösterreich und Tirol gezogen. Zur DNA-Isolierung wurde Blattmaterial vom Rand augenscheinlich befallener Stellen entnommen. Zu stark verfaulte Teile wurden nicht verwendet, da Sekundärinfektionen überhand nehmen und den primären Krankheitserreger stark unterdrücken können. Über eine gruppenspezifische PCR und anschließende Sequenzierung wurden die AGs der mehrkernigen und zweikernigen *Rhizoctonia* genau bestimmt.

Mithilfe des neu entwickelten Nachweissystems war es möglich die AGs von *R. solani* direkt aus infiziertem Pflanzenmaterial zu bestimmen, ohne den zeitaufwendigen Zwischenschritt der Kultivierung. Wichtig war es, dass alle AGs von beiden *Rhizoctonia*-Gruppen (MNR und BNR) erfasst wurden, da vorab nicht bekannt war, welche AGs Salat bevorzugt befallen. Die erhaltenen Sequenzen wurden mit Referenzsequenzen aus öffentlichen Datenbanken verglichen.

Abb. 2: Symptome von *Rhizoctonia solani* an Häuptelsalat



Ergebnisse und Diskussion

Der überwiegende Teil der Sequenzen aus den Salatblättern konnte der Gattung *Rhizoctonia* zugeordnet werden, wobei verschiedene AGs nachgewiesen wurden (s. Tabelle 1). Die nachgewiesenen Gruppen AG-1-1B und AG-2-1 wurden auch schon in anderen Ländern gefunden. BNRs wurden bislang nur in einem Fall beschrieben, nämlich AG-L in Großbritannien. In Österreich wurden zusätzlich noch AG-A, AG-K und AG-C/I nachgewiesen. Bei letzteren war eine Unterscheidung zwischen den nahe verwandten Gruppen AG-C und AG-I mit den verwendeten Markern nicht möglich. Da durchwegs Proben mit augenscheinlichem Befall untersucht wurden, kann davon ausgegangen werden, dass auch diese AGs bei Salat Symptome hervorrufen können. Der Vergleich mit Literaturdaten ist in Tabelle 2 dargestellt.

Ein sekundär auftretender, relativ häufig gefundener Pilz in den infizierten Salatblättern war *Plectosphaerella cucumerina*. In einigen Proben aus 2016 konnten zusätzliche Pilze aus den Gattungen *Radulomyces* und *Itersonilia* mit dem PCR-Nachweis für Ceratobasidiaceae gefunden werden. Diese Pilze gehören nicht zu dieser Familie, sind jedoch ebenfalls Basidiomyceten. Vor allen weiterführenden Untersuchungen wurden diese Sequenzen ausgeschlossen.

Abb. 3: In den Bundesländern nachgewiesene *Rhizoctonia* AGs, 2013-16

