

**Fachgebiet: Integrative Infektionsbiologie Nutzpflanze - Nutztier (460K),  
Studienabschlussarbeiten 2024**

**Bachelorarbeiten**

**Allgemein**

- Pflanzgutübertragbarkeit von 'Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus' in der Kartoffel [Link](#)
- Molekulare Diagnostik von Hymenoscyphus fraxineus in Eschenstreu [Link](#)
- Nachweis und Differenzierung von 'Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus'/'Candidatus Phytoplasma solani ' Stämmen in den Zuckerrüben [Link](#)

**Laboranalysen**

*Voraussetzung, Sommersemester Modul: Molekulare Diagnostik vektorübertragender Bakteriosen der Leitorgane (4611-220) oder sonstige Vorkenntnisse; mögliche Starttermine sind angegeben*

*Pathoge, Tier &  
Umwelt  
Pathogene &  
Pflanze*

- Wilde Möhre, ein Phytoplasma-Wirt? (April bis Juli)
- Nachweis und Analyse von Phytoplasmosen bei der Erle (Juli bis Ende September)

**Masterarbeiten**

*Immer mit in vitro oder in silico Experimenten verbunden; Vorkenntnisse sind Voraussetzung für die angebotenen Themen mit den assoziierten Laborarbeiten; Schwerpunkte als Schlüssel-begriff/e und möglicher Starttermin ist angegeben*

*Pathogene,  
Genome &  
Evolution*

- Weichfäule an der Zuckerrübe, Erregerbeschreibung und Detektion [Link](#)
- Entwicklung eines Multiplex Real Time PCR Assays zum Nachweis von 'Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus' und 'Candidatus Phytoplasma solani' in der Zuckerrübe [Link](#)
- Superoxid-Dismutase und Wasserstoffperoxid, Analysen zum Ursprung eines bakteriellen Virulenzfaktors in den Mollicutes (bioinformatische Analyse; ganzjährig)
- De novo Sequenzierung und Analyse eines pathogenen Bakteriums (Auswahl des Pathogens nach Absprache und aktueller Dringlichkeit; bioinformatische Analyse; ganzjährig)
- Bioinformatische Analysen zum Auftreten und Ursprung des sucP-Gens in den Mollicutes
- Kodierung und conserved synteny des Proteis P116 Proteis in Mollicutes/Coding and genetic context of P116 proteis in Mollicutes (bioinformatische Analyse eines essentiellen Proteis in bakteriellen Genomen; siehe auch Sprankel et al.2023)

Bitte schicken Sie bei Interesse eine E-Mail an: [michael.kube@uni-hohenheim.de](mailto:michael.kube@uni-hohenheim.de)

# Pflanzgutübertragbarkeit von '*Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus*' in der Kartoffel

Ansprechpartner: Jan Werner Böhm\* & Michael Kube

\*jan.boehm@uni-hohenheim.de

Fachgebiet für Integrative Infektionsbiologie Nutzpflanze-Nutztier

## Hintergrund:

Das phytopathogene Bakterium '*Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus*' wird mit dem Syndrom der Niedrigen Zuckergehalte (SBR) bei Zuckerrüben in Verbindung gebracht. Kürzlich wurde der Erreger auch in Kartoffeln nachgewiesen und die Symptome der bakteriellen Kartoffelknollenwelke beschrieben. '*Ca. A. phytopathogenicus*' wird durch Vektoren übertragen, ist Phloem-limitiert und kann sowohl in Knollen als auch im Kraut der Kartoffelpflanze nachgewiesen werden. Im Gegensatz zu Zuckerrüben, die über Saatgut kultiviert werden, werden Kartoffeln in der Regel über Pflanzgut angebaut. Infizierte Pflanzkartoffeln bieten dem Erreger durch intaktes Phloem, energiereiche Inhaltsstoffe und einer aktiven Physiologie gute Überwinterungsbedingungen, wodurch die Gefahr der vertikalen Transmission entsteht. Sind infizierte Kartoffeln ein Dead-End in der Infektionskette oder ist eine vertikale Transmission möglich.

## Aufgabenstellung:

- Koordinierte Aufbereitung von bereitgestellten Kartoffelproben.
- Anwendung von etablierten Methoden (PCR & qPCR) zur Detektion von '*Ca. A. phytopathogenicus*'.
- DNA-Aufreinigung aus Kartoffeln und anschließende fluorometrische Quantifizierung der DNA.
- Pflanzung und Kultivierung von Kartoffeln im Klimaschrank.

## Hypothese:

'*Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus*' kann vertikal über Pflanzgut übertragen werden.

## Zentrale Methoden:

- DNA-Aufreinigung (Flüssig- und Festphasenextraktion)
- DNA-Quantifizierung (fluorometrisch und spektrophotometrisch)
- PCR, Real-Time PCR
- Gelelektrophorese
- Kultivierung von Kartoffeln bis zum Blattstadium

## Zeitraum:

Der Beginn der Thesis sollte rechtzeitig geplant werden und ist aufgrund der Pflanzgutverfügbarkeit nur bis Juni 2024 möglich.

## Molekulare Diagnostik von *Hymenoscyphus fraxineus* in Eschenstreu

Ansprechpartner: Jan Werner Böhm\* & Michael Kube

\*jan.boehm@uni-hohenheim.de

Fachgebiet für Integrative Infektionsbiologie Nutzpflanze-Nutztier

### Hintergrund:

Der invasive Schlauchpilz *Hymenoscyphus fraxineus* ist der Verursacher des Eschentriebsterbens, das zu einem starken Rückgang der Gemeinen Esche (*Fraxinus excelsior*) in Europa führt. Nekrosen an Blättern, Trieben und am Stammfuß von Eschen aller Altersklassen können im Wald im Zusammenhang mit dem Eschentriebsterben beobachtet werden. Vom Frühjahr bis zum Spätsommer bildet der Erreger in Abhängigkeit von Temperatur und Feuchtigkeit auf der vorjährigen Eschenstreu infektiöse Ascosporen, die zu Blattinfektionen führen, in die Triebe eindringen und so die typischen Symptome hervorrufen. Der Erreger überwintert dann als Saprophyt in der infizierten Eschenstreu. Nach diesem Krankheitszyklus liegt die Erregerlast in der Eschenstreu wovon neue Infektionen im Folgejahr ausgehen. Ein Monitoring des Erregers in der Eschenstreu mit molekularen Methoden erlaubt eine Quantifizierung der Pathogenlast, die dann mit Daten zum Gesundheitszustand der Bäume in Beziehung gesetzt werden kann.

### Aufgabenstellung:

- Koordinierte Aufbereitung von bereitgestellten Streuproben
- Anwendung von etablierten Methoden (PCR & qPCR) zur Detektion von *H. fraxineus*.
- Entwicklung und Etablierung neuer Methoden (qPCR) zur Detektion von *F. excelsior*.
- DNA-Aufreinigung aus Streuproben und anschließende fluorometrische Quantifizierung der DNA.

### Hypothese:

*H. fraxineus* kann regelmäßig und in unterschiedlicher Quantität in der Streu von *F. excelsior* nachgewiesen werden.

### Zentrale Methoden:

- DNA-Aufreinigung (Flüssig- und Festphasenextraktion)
- DNA-Quantifizierung (fluorometrisch und spektrophotometrisch)
- PCR, Real-Time PCR
- Gelelektrophorese

### Zeitraum:

Der Beginn der Thesis ist im Sommer- und Wintersemester möglich.

## Nachweis und Differenzierung von '*Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus*'/ '*Candidatus Phytoplasma solani*' Stämmen in der Zuckerrübe

Die Zuckerrübe stellt eine der wichtigsten Kulturpflanzen in Deutschland dar. Ihr zukünftiger Anbau in Europa, wird durch die Bakteriose "*Syndrome des basses richesses*" (SBR) gefährdet. Die SBR-Krankheit wird durch die Bakterien '*Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus*' und '*Candidatus Phytoplasma solani*' verursacht. Die Bakterien sind obligat biotrophe Pathogene und kolonisieren das Phloem ihrer Wirtspflanzen. Die Erreger werden von der Schilf-Glasflügelzikade (*Pentastiridius leporinus* L.) auf die Zuckerrübe und andere Nutzpflanzen übertragen. Infizierte Pflanzen zeigen Krankheitssymptome wie Vergilbung und Nekrosen an älteren Blättern sowie chlorotische Stellen an neugebildeten Trieben mit kleinen, schmalen Blättern. Darüber hinaus, führt SBR in der Zuckerrübe zu unerwünschten Lignifizierungen in der Knolle, Verlusten des Zuckergehalts, der Biomasse und damit zum Teil zu Ertragsverlusten von >50%.

### **Aufgaben**

Die verfügbaren, molekularen, diagnostischen End-Point-PCR Nachweisverfahren basieren auf wenigen genetischen Markern, welche zur Unterscheidung von Haplotypen auf Stammesebene ungeeignet sind. Innerhalb dieser Arbeiten sollen verschiedene neue Assays für weitere Zielgene für jeweils eines der beiden Bakterien entworfen, etabliert und evaluiert werden, um zum Nachweis und der Stammdifferenzierung genutzt zu werden.

### **Das Projekt umfasst folgende Methoden**

DNA-Extraktionen, Entwicklung der Konditionen mittels Gradienten-PCR, Durchführung von End-Point-PCRs und folgender Gelelektrophorese zur Ergebniskontrolle, Bestimmung der Amplifikate durch Sequenzierung nach Sanger sowie eine erste bioinformatische Analyse der erhobenen Sequenzdaten.

Vorkenntnisse mit bioinformatischer Software oder dem Arbeiten mit Sequenzdatenbanken sind von Vorteil aber keine Voraussetzung.

*Schlüsselbegriffe: SBR, End Point PCR, Zuckerrübe, Stammdifferenzierung*

Interesse?! Kontakt: [rafael.toth@uni-hohenheim.de](mailto:rafael.toth@uni-hohenheim.de)

Frühester Start Januar 2024

## Weichfäule an der Zuckerrübe, Erregerbeschreibung und Detektion

Ansprechpartner: Jan Werner Böhm\* & Michael Kube  
\*[jan.boehm@uni-hohenheim.de](mailto:jan.boehm@uni-hohenheim.de)  
Fachgebiet für Integrative Infektionsbiologie Nutzpflanze-Nutztier

### Hintergrund:

Der Zuckerrübenanbau in Deutschland ist akut durch das Syndrom der niedrigen Zuckergehalte sowie die Gummiwurzelkrankheit bedroht. Beide Krankheiten werden mit bakteriellen Erregern aus den Klassen der Gammaproteobacteria und den Mollicutes in Verbindung gebracht. In vergangenen Ernteperioden wurden an Rüben in Feldmieten zudem Weichfäulesymptome beschrieben, die vermutlich auf Sekundärinfektionen durch andere Schaderreger zurückzuführen sind. In Zuckerrübenproben konnte bereits ein potentieller Weichfäuleerreger der Gattung *Erwinia* molekular nachgewiesen werden, weitere Fragestellungen wie Untersuchungen zum Erregerspektrum, neue Methoden zum molekularen Nachweis sowie Infektionsstudien sind noch offen.

### Aufgabenstellung:

- Kultivierung von Bakterien
- DNA-Aufreinigung aus Probenmaterial (Zuckerrüben, Bakterienkulturen)
- Mikrobiomanalyse einer Zuckerrübe mit Weichfäulesymptomen
- Anwendung und Etablierung von veröffentlichten bzw. neuen Assays (PCR & qPCR) zur Detektion von Schaderregern
- Screening von bereitgestellten Zuckerrübenproben auf potentielle Weichfäuleerreger

### Hypothese:

Bakterielle Erreger der Gattung *Erwinia* treten in Zusammenhang mit Weichfäule an der Zuckerrübe auf.

### Zentrale Methoden:

- DNA-Aufreinigung (Flüssig- und Festphasenextraktion)
- DNA-Quantifizierung (fluorometrisch und spektrophotometrisch)
- PCR, Real-Time PCR
- Gelelektrophorese

### Zeitraum:

Der Beginn der Thesis ist im Sommer- und Wintersemester mit angepasster Aufgabenstellung möglich.

## Entwicklung eines Multiplex Real Time PCR Assays zum Nachweis von '*Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus*' und '*Candidatus Phytoplasma solani*' in der Zuckerrübe

Die Zuckerrübe stellt eine der wichtigsten Kulturpflanzen in Deutschland dar. Ihr zukünftiger Anbau in Europa, wird durch die Bakteriose "*Syndrome des basses richesses*" (SBR) gefährdet. Die SBR-Krankheit wird durch die Bakterien '*Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus*' und '*Candidatus Phytoplasma solani*' verursacht. Die Bakterien sind obligat biotrophe Pathogene und kolonisieren das Phloem ihrer Wirtspflanzen. Die Erreger werden von der Schilf-Glasflügelzikade (*Pentastiridius leporinus* L.) auf die Zuckerrübe und andere Nutzpflanzen übertragen. Infizierte Pflanzen zeigen Krankheitssymptome wie Vergilbung und Nekrosen an älteren Blättern sowie chlorotische Stellen an neugebildeten Trieben mit kleinen, schmalen Blättern. Darüber hinaus, führt SBR in der Zuckerrübe zu unerwünschten Lignifizierungen in der Knolle, Verlusten des Zuckergehalts, der Biomasse und damit zum Teil zu Ertragsverlusten von >50%.

### **Aufgaben**

Die verfügbaren, molekularen, diagnostischen Real Time PCR Nachweisverfahren basieren auf wenigen genetischen Markern, welche jeweils für den Nachweis auf einen der beiden Erreger beschränkt sind. Innerhalb dieser Arbeit soll ein TaqMan Sonden basiertes Multiplex Real Time PCR Assay anhand von selektierten Zielgenen zum simultanen Nachweis beider Bakterien innerhalb einer Real Time PCR Reaktion entworfen, etabliert und evaluiert werden.

### **Das Projekt umfasst folgende Methoden**

Die Zielgenselektion anhand von Sequenzdatenbanken, das Design von Primern sowie TaqMan Sonden für die Real Time PCR, die Ermittlung der optimalen Reaktionsbedingungen, das Bestimmen der Nachweisgrenze mit Hilfe von definierten, synthetischen Genfragmenten sowie die statistische Auswertung der Ergebnisse. Vorkenntnisse mit bioinformatischer Software oder dem Arbeiten mit Sequenzdatenbanken sind von Vorteil aber keine Voraussetzung.

*Schlüsselbegriffe: SBR, Multiplex Real Time PCR, Zuckerrübe*

Interesse?! Kontakt: [rafael.toth@uni-hohenheim.de](mailto:rafael.toth@uni-hohenheim.de)

Frühester Start Januar 2024