Растителна защита

електронно списание за растителна защита
семена, торове и земеделие
ISSN 2815-522X

Bedeutung der Erreger des bakteriellen Schorfes (Xanthomonas euvesicatoria pv. euvesicatoria und Xanthomonas vesicatoria) an Paprika

гл. ас. д-р Катя Василева, ИЗК "Марица" - Пловдив

Datum 08.08.2026 | **Ausgabe** 8/2026 | **ISSN** 2815-522X | **Sprache** DE
www.plant-protection.com/article/2448?lang=de





Zusammenfassung

Die bakterielle Blattfleckenkrankheit, verursacht durch Mitglieder der Gattung *Xanthomonas*, ist eine der bedeutendsten Krankheiten des Paprikas (*Capsicum annuum*) weltweit. Die Krankheit ist besonders zerstörerisch in warmen und feuchten Regionen, wo die Bedingungen die schnelle Entwicklung und Ausbreitung des Pathogens begünstigen. Die Symptome beginnen als kleine, wassergetränkte Läsionen, die sich verdunkeln und von einem chlorotischen Hof umgeben werden; bei schweren Infektionen führen sie zu Entlaubung und erheblichen Ertragsverlusten. Die Krankheitserreger (*Xanthomonas euvesicatoria* pv. *euvesicatoria* und *X. vesicatoria*) weisen eine hohe genetische Heterogenität, ein expandierendes Wirtsspektrum und komplexe Pathogenitätsmechanismen auf. Die Ausbreitung erfolgt durch Samen, Luft, Wasser, Insekten und menschliche Aktivitäten, was die weite Biogeographie der Krankheit bestimmt. Die Diagnose umfasst traditionelle und moderne Methoden, und die Bekämpfung umfasst kupferbasierte Produkte, biologische Kontrolle und die Auswahl resistenter Sorten. Trotz der Fortschritte bleibt die bakterielle Blattfleckenkrankheit eine ernsthafte Herausforderung für die Erzeuger und erfordert integrierte Ansätze für die Früherkennung und ein nachhaltiges Management.



Paprika (*Capsicum annuum*) ist weltweit eines der führenden Gemüse mit hoher wirtschaftlicher und ernährungsphysiologischer Bedeutung. Seine Produk-

tion wird häufig durch bakterielle Krankheiten eingeschränkt, darunter die bakterielle Blattfleckenkrankheit, verursacht durch Mitglieder der Gattung *Xanthomonas* (Osdaghi et al., 2021). Die Krankheit ist besonders zerstörerisch in Regionen mit warmem und feuchtem Klima, wo die Bedingungen die schnelle Entwicklung und Ausbreitung des Pathogens begünstigen (Potnis et al., 2015).

Die Taxonomie der Erreger hat zahlreiche Änderungen durchlaufen – von der ursprünglichen Beschreibung als *Bacterium vesicatorium* bis zur modernen Klassifikation, einschließlich *X. euvesicatoria* pv. *euvesicatoria*, *X. euvesicatoria* pv. *perforans*, *X. hortorum* pv. *gardneri* und *X. vesicatoria* (Osdaghi et al., 2021).

Der Hauptwirt ist *Capsicum annuum*, aber Vorkommen wurden auch bei anderen Arten wie *C. frutescens*, *C. chinense* und *C. pubescens* beschrieben. Verschiedene Rassen des Pathogens zeigen Spezifität – einige Stämme infizieren nur Tomaten, andere nur Paprika, und wieder andere beide Wirte (Kebede et al., 2014).

Mitglieder der Gattung *Xanthomonas* sind typische phytopathogene Bakterien, die in verschiedenen Klimaregionen weltweit weit verbreitet sind. Sie verursachen Krankheiten mit unterschiedlichen Symptomen, einschließlich Nekrose, Welke, Fleckenbildung, Tracheobakteriose und Parenchymschäden an Blättern, Stängeln und Früchten. Das Wirtsspektrum dieser Bakterien umfasst 268 dikotyle und 124 monokotyle Pflanzenarten, darunter landwirtschaftliche und Zierpflanzen, Waldarten und Unkräuter. Erhebliche wirtschaftliche Verluste werden bei Krankheiten von Tomate, Paprika, Bohne, Sojabohne, Reis, Weizen, Baumwolle und anderen Kulturen beobachtet (Scortichini, 1995).

Zentral für die Pathogenität von *Xanthomonas* ist das Typ-III-Sekretionssystem (T3SS) – ein zentraler molekularer Mechanismus, durch den Bakterien Effektorproteine direkt in das Zytoplasma von Pflanzenzellen abgeben. Diese Effektoren manipulieren zelluläre Prozesse des Wirts, unterdrücken Immunantworten und schaffen eine günstige Umgebung für die Infektionsentwicklung. Das T3SS wird durch einen 28 kb großen chromosomalen *hrp*-Gencluster (Hypersensitive Response und Pathogenität) kodiert, der in sechs Loci organisiert ist. Mutationen in *hrp*-Genen führen zum Verlust der Pathogenität bei anfälligen Pflanzen und zum Fehlen einer hypersensitiven Reaktion (HR) bei resistenten Pflanzen, was die grundlegende Rolle dieses Systems in Pflanzen-Pathogen-Interaktionen unterstreicht (Liu et al., 2005).

Die Diagnose umfasst traditionell visuelle Beobachtung, Isolierung und PCR-Analysen. Moderne Methoden wie hyperspektrale Spektroskopie und prädiktive Modellierung ermöglichen die Früherkennung von Infektionen vor dem Auftreten sichtbarer Symptome (Reis Pereira et al., 2023), was besonders bei Paprika wertvoll ist, wo die visuelle Diagnose oft durch ähnliche Symptome anderer Stressfaktoren erschwert wird.

Das Krankheitsmanagement stützt sich traditionell auf kupferbasierte Produkte und Antibiotika, aber Resistenzen dagegen sind bereits weit verbreitet. Neue Ansätze umfassen biologische Kontrolle (Bakteriophagen, antagonistische Mikroorganismen), Induktoren systemischer Resistenz und die Auswahl resistenter Sorten. Die Biogeographie phytopathogener Bakterien ist ein Schlüsselelement ihrer Ökologie, wobei viele Arten durch eine begrenzte Verbreitung gekennzeichnet sind, die durch klimatische Bedingungen, die Verfügbarkeit geeigneter Wirte und spezifische ökologische Nischen bestimmt wird. Im Gegensatz dazu zeigen die Erreger der bakteriellen Blattfleckenkrankheit eine außergewöhnlich weite geografische Verbreitung. Sie sind in verschiedenen Teilen der Welt etabliert, kommen aber am häufigsten in tropischen und subtropischen Regionen vor, wo hohe Luftfeuchtigkeit und Temperaturen optimale Bedingungen für ihre Entwicklung und Ausbreitung schaffen. Einer der Hauptfaktoren, die zu ihrer globalen Verbreitung beitragen, ist der Transport infizierter Samen, der es dem Pathogen ermöglicht, über große Entfernungen transportiert und in neue Anbaugebiete eingeführt zu werden (Kebede et al., 2014).

Die Bakterien überleben epiphytisch auf der Pflanzenoberfläche und können durch Regenspritzwasser, Wind oder eine Kombination beider Faktoren über beträchtliche Entfernungen transportiert werden (Vidaver und Lambrecht, 2004). Epiphytische Populationen, einschließlich solcher aus latenten Infektionen, stellen ein wichtiges Inokulumreservoir dar, das unter günstigen Bedingungen zu einer schnellen und massiven Krankheitsentwicklung führen kann.

Die bakterielle Blattfleckenkrankheit des Paprikas bleibt eine ernsthafte Herausforderung für die Erzeuger, wobei moderne molekulare und spektrale Technologien neue Perspektiven für die Früherkennung und ein nachhaltiges Krankheitsmanagement eröffnen.

Materialien und Methoden

Die Forschung zur bakteriellen Blattfleckenkrankheit des Paprikas stützt sich traditionell auf mehrstufige experimentelle Ansätze, die die Sammlung und Charakterisierung pathogener Isolate, die molekulare Identifizierung und die phänotypische Bewertung der Resistenz verschiedener *Capsicum annuum*-Genotypen kombinieren.

In der Praxis werden sowohl bulgarische als auch eingeführte Sorten und Linien sowie Referenz- und neu isolierte Stämme von *Xanthomonas vesicatoria* und *X. euvesicatoria* verwendet. Inokulationen werden unter kontrollierten Bedingungen in Klimakammern oder Gewächshäusern durchgeführt, was eine zuverlässige Bewertung der Pathogenität ermöglicht (Vasileva und Bogatzevska, 2021).

Zur Sicherstellung der methodischen Zuverlässigkeit werden Kontrollen, Referenzstämme und anfällige Genotypen sowie interne PCR-Standards in molekularen Analysen verwendet.

Ergebnisse

Die Krankheitserreger der Gattung *Xanthomonas* sind biotrophe und nekrogene Organismen – zwei Eigenschaften, die verschiedene Stadien ihrer Interaktion mit der Wirtspflanze widerspiegeln. Das biotrophe Stadium ist mit der frühen bakteriellen Vermehrung vor dem Auftreten sichtbarer Symptome verbunden, wenn das Pathogen lebende Pflanzenzellen als Nährstoffquelle nutzt. Das nekrogene Stadium tritt später auf und ist durch die Induktion von Zelltod und Nekrose gekennzeichnet, was zu den typischen Krankheitssymptomen führt. Diese zweiphasige Strategie wird durch ein reichhaltiges Arsenal an Pathogenitäts- und Virulenzfaktoren unterstützt, die es den Bakterien ermöglichen, pflanzliche Abwehrmechanismen zu überwinden, der Erkennung durch das Immunsystem zu entgehen, den Zugang zu Nährstoffen zu sichern und ihren Fortpflanzungserfolg zu erhöhen (Abramovich und Martin, 2004).

Die klimatischen Bedingungen in Bulgarien im Zeitraum Mai–September schaffen eine außergewöhnlich günstige Umgebung für das Auftreten und die Entwicklung der bakteriellen Blattfleckenkrankheit an Paprika, verursacht durch *X. euvesicatoria* und *X. vesicatoria*. Die hohen Temperaturen, die konstant im Bereich von 24–30°C bleiben, fallen mit dem Optimum für die epiphytische Entwicklung, Vermehrung und das Infektionspotenzial der Bakterien zusammen. Unter diesen Bedingungen bilden die Bakterien große Populationen auf der Blattoberfläche, und die Gewebe junger Pflanzen bleiben physiologisch anfällig für das Eindringen durch Stomata und Hydathoden. Niederschlagsspitzen in einzelnen Jahren verstärken das Risiko einer epidemischen Entwicklung zusätzlich, da Regenspritzwasser der primäre Mechanismus für die Inokulumausbreitung zwischen Pflanzen ist.

Hohe atmosphärische und oberflächliche Luftfeuchtigkeit nach Niederschlägen erzeugt einen Wasserfilm auf den Blättern, der das Eindringen der Bakterien erleichtert und zu Masseninfektionen führt, insbesondere während Juni–Juli, wenn Temperaturen und Luftfeuchtigkeit zusammenfallen. Unter diesen Bedingungen entwickeln sich anfängliche wassergetränkte Läsionen schnell, verdunkeln sich und werden von einem chlorotischen Hof umgeben, und bei nachfolgenden Niederschlägen werden Sekundärinfektionen und das Zusammenfließen von Läsionen beobachtet, was zu Entlaubung und ringförmiger Nekrose der Blattstiele führt (Abbildung 1).



Abbildung 1. Symptome der bakteriellen Blattfleckenkrankheit an Paprikablättern

Zeiträume mit höheren Niederschlägen während der aktiven Vegetationsperiode zeigen eine ausgeprägte Tendenz zu stärkeren Epidemien, während trockenere Jahreszeiten die Krankheitsentwicklung einschränken, aber das Auftreten lokaler Infektionen nicht verhindern. Die Kombination aus hohen Temperaturen und Perioden erhöhter Luftfeuchtigkeit bestimmt das anhaltende Vorhandensein der bakteriellen Blattfleckenkrankheit und schafft Bedingungen für jährliche Epidemie-Spitzen bei anfälligen Sorten, insbesondere wenn infiziertes Saatgut verwendet wird oder epiphytische Populationen aus früheren Jahren vorhanden sind.

Zusätzlich zu natürlichen Faktoren kann die Ausbreitung von Krankheitserregern auch durch menschliche Aktivitäten erfolgen. Landwirtschaftliche Arbeitskräfte, Maschinen und Werkzeuge, die beim Pflanzenanbau

verwendet werden, können als mechanische Vektoren dienen. Bewässerungswasser, insbesondere bei übermäßiger Bewässerung, ist eine der effektivsten Routen für die Übertragung von Bakterien von Pflanze zu Pflanze. Insekten können ebenfalls als Vektoren wirken, die die Verbreitung des Pathogens unterstützen und sogar konkurrierende Mikroorganismen in der Pflanzenmikroumgebung selektiv eliminieren. Durchwuchspflanzen und Unkräuter erschweren die Epidemiologie der Krankheit zusätzlich, indem sie als alternative Wirte und Infektionsreservoire dienen.

Samen stellen eine der wichtigsten Routen für die Verbreitung phytopathogener Bakterien dar. Neben der Bewegung durch die vegetativen Organe der Pflanze dringen Krankheitserreger auch in Früchte und Samen ein, was zu einer externen oder internen Kontamination des Saatguts führt. Kontaminierte Samen sind eine besonders bedeutende Inokulumquelle in Anzuchteinrichtungen, wo hohe Temperatur und Luftfeuchtigkeit ideale Bedingungen für eine schnelle Krankheitsentwicklung und -ausbreitung schaffen. In solchen Umgebungen kann selbst eine minimale Menge an Pathogen zu einer Masseninfektion führen.

Luft ist ein weiterer wichtiger Faktor für die Übertragung phytopathogener Bakterien. Sie enthält Bodenpartikel und Fragmente trockener Pflanzenreste, auf denen lebensfähige Bakterien vorkommen können. Viele phytopathogene Arten produzieren extrazelluläre Exopolysaccharide, die filamentöse Strukturen auf der Pflanzenoberfläche bilden. Beim Trocknen zerfallen diese Filamente in Fragmente und werden in die Luft freigesetzt, wo sie durch Luftströmungen über verschiedene Entfernungen getragen werden. Dieser Mechanismus ermöglicht eine unauffällige, aber effektive Verbreitung des Pathogens unter Feldbedingungen.

Menschliche Aktivitäten verstärken die Ausbreitung phytopathogener Bakterien weiter. Menschen sind äußerst effektiv darin, Pflanzen- und Tierpathogene aus Regionen, in denen sie gut bekannt sind, in neue Regionen zu bringen, in denen Informationen über ihr Vorhandensein fehlen. Der Transport von Pflanzmaterial, Saatgutaustausch, Bewegung landwirtschaftlicher Maschinen und sogar die täglichen Aktivitäten von Feldarbeitern können zu unbeabsichtigter Pathogenübertragung führen. In einer globalisierten Welt wird dieser Mechanismus zu einem Schlüsselfaktor für das Auftreten neuer Ausbrüche und die Ausweitung des Verbreitungsgebiets phytopathogener Bakterien.

Die bulgarische Forschung zu *Xanthomonas euvesicatoria* und *X. vesicatoria* zeigt eine deutlich ausgeprägte Arten-, Pathotyp- und Rassendiversität mit Dominanz des PT-Pathotyps und der Rassen P4T2 und P6. Natürliche Populationen sind in Symptomatologie, Phänotyp und Genotyp hochgradig heterogen, wobei Rasse P6 bei *X. euvesicatoria* und Rasse P2 bei *X. vesicatoria* am weitesten verbreitet ist. Parallel dazu wurden über 270 Paprika-Genotypen bewertet und anhand von ms und Di% klassifiziert, was eine Differenzierung von immunen bis hoch anfälligen Formen ermöglicht. Es wurden fünf Genotypen mit einer vollständigen Immunantwort identifiziert, und die integrierte Bewertung der Fruchteigenschaften unterstützt die Selektion auf komplexe Resistenz und agronomischen Wert. Die nationale Kartierung bestätigt die geografische Spezifität und genetische Heterogenität, einschließlich durch die Effektorgene AvrBs3/AvrBs4. Zusätzliche Tests zeigen eine variable Empfindlichkeit von *Xanthomonas*-Stämmen gegenüber kupferbasierten Produkten, wobei Tomatenisolate empfindlicher sind als solche von Paprika und die Wirkung mit höherer Konzentration zunimmt. (Vasileva und Bogatzevska, 2021; Vasileva und Bogatzevska, 2022; Vasileva, 2023; Vasileva und Todorova, 2024).

Die Regulierung der Ausbreitung und Bekämpfung von Pflanzenkrankheiten stellt eines der Hauptglieder im Pflanzenschutz dar. Die Produktion von Lebensmitteln mit guten quantitativen und qualitativen Indikatoren hängt kontinuierlich von Pflanzen mit dauerhafter Resistenz gegen verschiedene pathogene Organismen ab. Die schädliche Wirkung von Pestiziden auf die Umwelt, die Lebensmittelproduktion und die menschliche Gesundheit erzwingt immer strengere Beschränkungen ihrer Verwendung.

Chemische Mittel bleiben ein Hauptelement in der Praxis der Bekämpfung bakterieller Pflanzenkrankheiten, wobei kupferbasierte Produkte, einschließlich Kupfersulfatlösung, traditionell zur Begrenzung der Pathogenentwicklung eingesetzt werden. Trotz ihrer weit verbreiteten Anwendung zeigen zahlreiche Studien, dass Mitglieder der Gattung *Xanthomonas* eine erhebliche Variabilität in der Empfindlichkeit gegenüber Kupferkationen aufweisen. Fälle von reduzierter Empfindlichkeit und sogar stabiler Resistenz wurden dokumentiert, was die Wirksamkeit von Kupferformulierungen gegen bestimmte Pathogenpopulationen in Frage stellt. Diese Resistenz hat wichtige praktische Bedeutung, da sie zum Versagen standardmäßiger

Bekämpfungsmaßnahmen führen und die Verwendung alternativer oder kombinierter Ansätze für das Krankheitsmanagement erforderlich machen kann.

Mehr zum Thema:

Bakterielle Blattfleckenkrankheit des Paprikas in Bulgarien

Referenzen

[1] Abramovitch R. B. und Martin G. B. (2004) Strategies used by bacterial pathogens to suppress plant defenses. Curr. Opin. Plant Biol. 7, 356–364

[2] Kebede M., Timilsina S., Ayalew A., Admassu B., Potnis N., Minsavage G. V., et al. (2014) Molecular characterization of Xanthomonas strains responsible for bacterial spot of tomato in Ethiopia. Eur. J. of Plant Pathol., 1-12.

[3] Osdaghi, E., Jones, J. B., Sharma, A., Goss, E. M., Abrahamian, P., Newberry, E. A., ... & Vallad, G. E. (2021). A centenary for bacterial spot of tomato and pepper. *Molecular Plant Pathology, 22*(11), 1500–1519.

[4] Potnis, N., Timilsina, S., Strayer, A., Shantharaj, D., Barak, J. D., Paret, M. L., ... & Jones, J. B. (2015). Bacterial spot of tomato and pepper: insights into pathogen biology, host resistance, and management. *Plant Disease, 99*(11), 1464–1476.

[5] Reis Pereira, M., Santos, F. N., Tavares, F., & Cunha, M. (2023). Enhancing host-pathogen phenotyping dynamics: early detection of tomato bacterial diseases using hyperspectral point measurement and predictive modeling. *Frontiers in Plant Science, 14*, 1242201.

[6] Scortichini M. (1995) Le malattie batteriche delle colture agrarie e delle specie forestali. Edagricole- Edizioni Agricole, Bologna

[7] Vasileva, K. & Todorova, V. (2024). Evaluation of pepper breeding lines and accessions to Xanthomonas euvesicatoria and X. vesicatoria and fruit traits. Bulgarian Journal of Agricultural Science, 30(1), 141-150. https://www.webofscience.com/wos/woscc/full-record/WOS:001181663500002

[8] Vasileva, K. (2023). Reaction of species X. vesicatoria and X. euvesicatoria to copper products. New knowledge Journal of science, 12(1), 61-65. https://science.uard.bg/index.php/newknowledge/article/view/952/pdf_380

[9] Vasileva, K., & Bogatzevska, N. (2019). Races of bacterial spot pathogen infecting genus Capsicum in Bulgaria. Agricultural Science and Technology, 11(2), 113-117. https://www.webofscience.com/wos/alldb/full-record/CABI:20193332554

[10] Vasileva, K., & Bogatzevska, N. (2021). Statistical analysis of resistance variability of pepper accessions to Xanthomonas euvesicatoria and Xanthomonas vesicatoria. Agricultural Science and Technology, 13(4), 339-343. https://www.webofscience.com/wos/alldb/full-record/CABI:20220013883

[11] Vasileva, K., & Bogatzevska, N. (2022). Resistance of pepper types to Xanthomonas euvesicatoria and Xanthomonas vesicatoria-impact of the species, races and hosts specialization. Agricultural Science and Technology, 14(2), 44–53. https://www.webofscience.com/wos/alldb/full-record/CABI:20220383481

[12] Vidaver A.K. und Lambrecht P.A. (2004) Bacteria as plant pathogens. The Pl. Health Instr. DOI: 10.1094/PHI-I-2004-0809-01