

Express-PRA zu *Biscogniauxia rosacearum*

– Auftreten –

Erstellt von: Julius Kühn-Institut, Institut für nationale und internationale Angelegenheiten der Pflanzengesundheit, am: 24.06.2025. Zuständige Mitarbeiter: Dr. Gritta Schrader, Dr. Björn Hoppe, Dr. Clovis Douanla-Meli; unter Mitwirkung von Dr. Steffen Bien und Dr. Gitta Langer, Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Göttingen

Kurzform einer pflanzengesundheitlichen Risikoanalyse (PRA). Zusammenstellung der wichtigsten direkt verfügbaren Informationen, die eine vorläufige Einschätzung des phytosanitären Risikos ermöglichen. Wird benötigt, um über eine Meldung an EU und EPPO und die Erstellung einer vollständigen Risikoanalyse zu entscheiden. Weiterhin werden hiermit die Bundesländer und EU-Mitgliedstaaten über den Schadorganismus informiert. Die PRA dient ggf. als Grundlage für die Einleitung von Tilgungsmaßnahmen.

Anlass: Auftreten an *Abies grandis* in Niedersachsen und an *Pseudotsuga menziesii* in Sachsen-Anhalt

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci		
Phytosanitäres Risiko für DE	Eine Einschätzung des Risikos für Deutschland und andere EU-Mitgliedstaaten kann erst gegeben werden, wenn mehr Informationen vorhanden sind.		
Phytosanitäres Risiko für EU-MS			
Sicherheit der Einschätzung	hoch ☐	mittel ☐	niedrig ☒
Fazit	Der vermutlich im Nahen Osten einheimische Pilz <i>Biscogniauxia rosacearum</i> kommt in der EU bereits vor. Er ist bisher weder in den Anhängen der VO (EU) 2019/2072 noch bei der EPPO gelistet. <i>Biscogniauxia rosacearum</i> befällt eine Reihe von Wirtspflanzen, unter anderem Birne, Pflaume, Quitte, Wein und verschiedene Eichenarten. Eine bisher unveröffentlichte phylogenetische Analyse deutet auf ein wesentlich breiteres Wirtsspektrum (neben Rosales z. B. <i>Abies alba</i>, <i>A. grandis</i>, <i>Pinus mugo</i>, <i>P. sylvestris</i>, <i>Pseudotsuga menziesii</i> und <i>Holcus lanatus</i>) und umfangreiche geographische Vorkommen (z. B. Nordafrika, Mittlerer Osten, Südeuropa bis Mitteleuropa, China, USA) hin. Dies hängt auch damit zusammen, dass der Pilz in der Vergangenheit i. d. R. als die nah verwandte Art <i>B. mediterranea</i> angesprochen und entsprechend in Sequenz-Datenbanken hinterlegt wurde. Daher kann es beim Abgleich aktueller Sequenzdaten leicht zu Verwechslungen mit älteren Einträgen kommen. Es ist anzunehmen, dass sich <i>B. rosacearum</i> aufgrund geeigneter Klimabedingungen und vorhandener potentieller Wirtspflanzen in Deutschland ansiedeln kann, eine (weitere) Ansiedlung in südeuropäischen bzw. mediterranen EU-Mitgliedstaaten ist zu erwarten.		

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci
	Wegen seines hohen Schadpotentials für einige Rosales und Eichen („Charcoal Canker“) auf der einen Seite und eines endophytischen bzw. opportunistischen Vorkommens bei zahlreichen Baumarten auf der anderen Seite sowie aufgrund der Unsicherheiten bzgl. der aktuellen Verbreitung des Pilzes, kann das phytosanitäre Risiko von <i>B. rosacearum</i> derzeit nicht abschließend bewertet werden. Auch liegen bislang nur ungenügende Informationen zur phylogenetischen Diversität sowie zur Pathogenität unterschiedlicher <i>B. rosacearum</i>-Stämme gegenüber verschiedenen Baumarten vor. Es besteht daher dringender Forschungsbedarf. Dies betrifft insbesondere auch die Erfüllung der Koch'schen Postulate an Baumarten, die von <i>B. rosacearum</i> befallen werden können, von denen bisher aber kein „Charcoal Canker“ bekannt ist. Es kann nicht ausgeschlossen werden, dass der Pilz erhebliche Schäden verursachen kann; somit wäre Artikel 29 der VO (EU) 2016/2031 anzuwenden. Zunächst sollten Funde von befallenen Pflanzen in jedem Fall dokumentiert und an die zuständige Behörde gemeldet werden, d.h. Pflanzenschutzdienste melden an das JKI; Privatpersonen, Unternehmen oder andere Einrichtungen melden an den Pflanzenschutzdienst ihres Bundeslandes. Weitere Informationen finden sich unter https://pflanzengesundheit.julius-kuehn.de/meldepflicht-fuer-neue-schadorganismen.html. Sobald weitere relevante Informationen verfügbar sind, wird diese Express-PRA aktualisiert.
Voraussetzungen für Express-PRA erfüllt?	Der Pilz verursacht den sogenannten „Charcoal Canker“ an verschiedenen Wirtspflanzenarten (Birne, Pflaume, Quitte, Wein, Eichen), ist bisher nicht als Schadorganismus gelistet und ist sehr wahrscheinlich im Dienstgebiet des meldenden PSD nicht etabliert. In der EU kommt der Pilz bereits vor, die genaue Verbreitung ist jedoch unbekannt.
Taxonomie, Trivialname, Synonyme	Fungi, Ascomycota, Xylariales, Graphostromataceae, <i>Biscogniauxia</i>, <i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci Sowohl für <i>B. rosacearum</i> als auch die nahverwandte Art <i>B. mediterranea</i> wird eine sehr hohe intraspezifische Diversität angenommen (Henriques et al., 2016, Bashiri et al., 2022).

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci
	Die Gattung <i>Biscogniauxia</i> umfasst mehr als 100 Arten (Stand: November 2020; www.index fungorum.org , www.mycobank.org), die weltweit an einem breiten Spektrum holziger Wirtspflanzen bekannt sind (Bahmani et al., 2021).
EPPO Code	BISCRO
Liegt bereits PRA mit übertragbaren Aussagen vor?	Nein, aber es liegt ein positives PEMOscoring der EFSA (2022) vor, das heißt, der Pilz wird als phytosanitär relevant angesehen.
Biologie	Grundsätzlich gelten Pilze aus der Gattung <i>Biscogniauxia</i> als opportunistische Krankheitserreger, die endophytisch im Splintholz und in der Rinde gesunder Bäume vorkommen. Stark geschwächte oder beschädigte Bäume können sie jedoch erheblich schädigen. Es wurde festgestellt, dass Dürrebedingungen im Mittelmeerraum die Aggressivität von <i>B. rosacearum</i> beeinflussen und zum Ausbruch der Krankheit führen können (van Dyk et al., 2021). Der Pilz bildet eine harte Myzelmatte (Stroma), um sich zu vermehren und auf neue Wirtspflanzen auszubreiten. Er hat eine hohe Reproduktionsrate und ist heterothallisch, die Myzelien sind also selbstinkompatibel bzw. selbststeril. Zunächst werden pulverförmige, helle, ungeschlechtliche Sporen (Konidien) produziert, die in erster Linie durch Wind, gelegentlich aber auch durch Wasser, Insekten oder andere Tiere verbreitet werden. In einem späteren Stadium produziert der Pilz schwarze geschlechtliche Sporen (Ascosporen), die ebenfalls durch Wind, Wasser oder Tiere transportiert werden. Während die Konidien in der Regel im Frühjahr oder Frühsommer gebildet werden, finden sich geschlechtliche Sporen im Sommer und Herbst. Beide Sporenarten können Infektionen verursachen (Raimondo et al., 2016, Crocker et al., 2018).
Geographische Verbreitung/ Befallsgebiete	Der Pilz wurde bislang in Iran, Italien, Portugal, Spanien, Südafrika und Tunesien (Raimondo et al., 2016, Pinna et al., 2019, Spies et al., 2020, Bahmani et al., 2021, van Dyk et al., 2021, Bashiri et al., 2022, Sohrabi et al., 2022, Yanguì et al., 2024, Khadraoui et al., 2025) nachgewiesen. Außerdem gibt es zwei Nachweise in Deutschland an <i>Abies grandis</i> in Niedersachsen und an <i>Pseudotsuga menziesii</i> in Sachsen-Anhalt.

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci
	Eine bisher unveröffentlichte phylogenetische Analyse deutet jedoch auf ein wesentlich größeres Verbreitungsareal (Nordafrika, Mittlerer Osten, Südeuropa bis Mitteleuropa, China, USA) hin (siehe ITS-Phylogramm, Abb. 4). Vorkommen in der EU sind bisher allerdings nur vereinzelt bestätigt. Erhebungen wären notwendig, um den tatsächlichen Verbreitungsstatus zu bestimmen.
Ist Schadorganismus Vektor?	Nein.
Benötigt Schadorganismus Vektor/weitere Pflanze für Wirtswechsel? Welche? Verbreitung?	Ein konkreter Vektor wird in der Literatur nicht genannt. Laut Raimondo et al. (2016) wird der Pilz durch Wind oder Insekten übertragen.
Wirtspflanzen	Bislang sind folgende Wirtspflanzen bekannt, in denen der Pilz endophytisch, parasitisch, saprob, sowie assoziiert mit holzigen Geweben, die durch andere Pathogen geschädigt wurden, vorkommt: Birne (<i>Pyrus communis</i>), Pflaume (<i>Prunus domestica</i>), Quitte (<i>Cydonia oblinga</i>) und Flaumeiche (<i>Quercus pubescens</i>) in Apulien, an 13 bis 20 Jahre alten Bäumen (Raimondo et al., 2016). <i>Biscogniauxia rosacearum</i> wurde auch aus Bohrgängen von Insekten in Eichen in Sardinien (Pinna et al., 2019) isoliert. In Iran wurde der Pilz an <i>Vitis vinifera</i> (durch Pathogenitätstests im Gewächshaus belegt), sowie an <i>Quercus castaneifolia</i>, <i>Q. infectoria</i>, <i>Q. libani</i>, <i>Q. brantii</i> und an <i>Prunus dulcis</i> nachgewiesen (Bahmani et al., 2021, Bashiri et al., 2022, Sohrabi et al., 2022). Bei Untersuchungen zum Eichensterben in den Wäldern des Zagros-Gebirges (Bashiri und Abdollahzadeh, 2024) waren <i>Biscogniauxia</i> (<i>B. rosacearum</i> und <i>B. persica</i>), <i>Neocosmospora</i> (<i>N. metavorans</i> und <i>Neocosmospora</i> sp.) und <i>Cytospora</i> (<i>C. hedjaroudei</i> und <i>C. zagrosensis</i>) die am häufigsten identifizierten Pilze, die mit dem dort beobachteten Eichensterben in Verbindung gebracht wurden. Yanguì et al. (2024) wiesen den Pilz 2020 in Tunesien an <i>Arbutus unedo</i> nach. In Südafrika wurde der Pilz in Olivenbäumen nachgewiesen (Spies et al. 2020, van Dyk et al., 2021).

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci
	Siehe außerdem Tabelle 1 in Raimondo et al. (2016) zu den phylogenetischen Untersuchungen: <i>Platypus cylindrus</i>, Arthropoden (Portugal), <i>Holcus lanatus</i>, <i>Quercus ilex</i>, <i>Pinus sylvestris</i> (Spanien). EFSA (2022) nennt auch <i>Pinus sylvestris</i> als Wirtspflanze, Belege finden sich hierzu jedoch nicht. Khadraoui et al. (2025) beschreiben eine Co-Infektion von <i>Diaporthe foeniculina</i> und <i>B. rosacearum</i> in <i>Myrtus communis</i> in Tunesien. In Deutschland wurde <i>B. rosacearum</i> in zwei geschädigten Bäumen in Niedersachsen und Sachsen-Anhalt festgestellt (Abb. 1 und 2). 2021 wurde ein Stamm aus dem Triebgewebe einer unter Tannen-Rindennekrose leidenden 48-jährigen Küstentanne (<i>Abies grandis</i>), die auch Befall mit <i>Diplodia sapinea</i>, <i>D. mutila</i> und <i>Neonectria neomacrospora</i> aufwies, isoliert. 2024 wurde ein weiterer Stamm zusammen mit <i>Coniochaeta</i> sp. aus absterbenden Trieben einer 30-jährigen Douglasie (<i>Pseudotsuga menziesii</i>) isoliert. Bei der betroffenen Douglasie war zudem Rußige Douglasienschütte (Erreger: <i>Nothophaeocryptopus gaeumannii</i>), Wurzelfäule (verursacht durch <i>Heterobasidion annosum</i>), Triebsterben, Scharnenfraß und ein Befall mit Wollläusen erkennbar. Fruchtkörper (Teleomorphe) und „Charcoal Canker“ wurden bisher nur an folgenden Baumarten verzeichnet: Birnen, Pflaumen und Quitten (Raimondo et al., 2016), Mandelbäumen (Sohrabi et al. 2022), Wein (Bahmani et al. 2021), und Eichen (Bashiri et al. 2022).
Vorkommen Wirtspflanzen in Deutschland	Birne, Pflaume, Quitte, Wein, Douglasie, Küstentanne und verschiedene Eichen- sowie Kiefernarten sind ökonomisch und ökologisch bedeutsame Wirtspflanzen in Deutschland.
Vorkommen Wirtspflanzen in EU-Mitgliedstaaten	Wirtspflanzen sind in den EU-Mitgliedstaaten weitverbreitet.
Symptome	In Pathogenitätstests an <i>Vitis vinifera</i> wurden 2 Wochen nach Inokulation unter Gewächshausbedingungen Krankheitssymptome wie Vergilbung und Nekrose der Blätter beobachtet. Ober- und unterhalb der Inokulationsstelle breiteten sich braune Läsionen an den Stämmen aus. Stammquerschnitte wiesen keilförmige Nekrosen des Leitgewebes auf (Bahmani et al. 2021). Holzkohleähnliche Veränderungen der Rinde wurden an Stämmen von Birnen,

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci
	Pflaumen und Quitten beobachtet (Raimondo et al., 2016, siehe dort auch Fotos).
Klima im Verbreitungsgebiet vergleichbar mit Klima in Deutschland?	Die Auswertung der ITS-Sequenzdaten gegen NCBI GenBank lässt aufgrund von nicht verifizierten Hinweisen aus China und USA (siehe ITS-Phylogramm, Abb. 4) auf ein großes Verbreitungsareal schließen. Bislang wurde der Pilz gesichert in mediterranen Gebieten aber auch an bislang zwei einzelnen Pflanzen (Küstentanne und Douglasie) in Niedersachsen und Sachsen-Anhalt nachgewiesen.
Klima im Verbreitungsgebiet vergleichbar mit Klima in EU-Mitgliedstaaten?	Ja, in mediterranen EU-Mitgliedstaaten, aber möglicherweise auch in Mitteleuropa aufgrund des bestätigten Vorkommens in Deutschland. Die Auswertung der ITS-Sequenzdaten gegen NCBI GenBank lässt aufgrund von nicht verifizierten Hinweisen aus China und USA (siehe ITS-Phylogramm, Abb. 4) zudem auf ein großes Verbreitungsareal schließen.
Wenn nein, gibt es Wirtspflanzen im geschützten Anbau?	Nicht relevant.
Ein- oder Verschleppungswege	Pflanzen zum Anpflanzen.
Natürliche Ausbreitung	Laut Raimondo et al. (2016) wird der Pilz durch Wind oder Insekten übertragen.
Bekannte Schäden in Befallsgebieten	<i>Biscogniauxia</i>-Arten (Rindenkugelpilze) sind in erster Linie als Sekundärpathogene und fakultative Saprophyten bekannt (z. B. <i>B. mediterranea</i>). Sie befallen alte und kranke Wirtspflanzen und kommen endophytisch in den oberirdischen Teilen von z. B. Eichen und anderen Baumarten vor. Sie können latent vorhanden sein und entwickeln erst Symptome, wenn die Bäume z. B. durch Trockenheit gestresst sind. Sie können dann sehr schnell das Xylem und das Rindengewebe besiedeln. Sie verursachen Nekrosen und Krebsbildung, Bäume können auch absterben. Zunehmend werden aber auch jüngere und gesündere Bäume befallen (Henriques et al., 2016, Raimondo et al., 2016). Bahmani et al. (2021) und Masi et al. (2021) konnten nachweisen, dass Phytotoxine eine bedeutende Rolle im Krankheitsgeschehen darstellen.

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci
Erwartete (weitere) Ansiedlung und Ausbreitung in Deutschland	Aufgrund des Nachweises in Niedersachsen und Sachsen-Anhalt ist mit einer weiteren Ansiedlung des Pilzes zu rechnen, auch weil der Pilz eine hohe Reproduktionsrate hat und durch den Wind und Insekten verbreitet wird. Da <i>B. rosacearum</i> endophytisch vorkommt und in Deutschland bisher nicht originär mit Schäden in Verbindung gebracht wird (und somit nicht auffällt), ist er möglicherweise bereits stärker verbreitet, als bisher angenommen.
Erwartete (weitere) Ansiedlung und Ausbreitung in EU-Mitgliedstaaten	Es gibt Hinweise (siehe ITS-Phylogramm, Abb. 4), dass <i>B. rosacearum</i> bereits in einigen, vor allem südlichen EU-Mitgliedstaaten vorkommt. Mit einer weiteren Ansiedlung ist zu rechnen, da der Pilz eine hohe Reproduktionsrate hat und durch den Wind und Insekten verbreitet wird.
Eingrenzung des gefährdeten Gebietes in Deutschland	Wirtspflanzen sind in Deutschland weitverbreitet, ein gefährdetes Gebiet kann in Bezug auf das Vorkommen von Wirtspflanzen nicht eingegrenzt werden.
Erwartete Schäden in gefährdetem Gebiet in Deutschland	In klimatisch geeigneten Gebieten können signifikante Schäden an den Wirtspflanzen nicht ausgeschlossen werden, insbesondere, wenn sie bereits durch Trockenheit oder durch Befall mit weiteren Schadorganismen geschwächt sind. Allerdings war <i>B. rosacearum</i> in den in Deutschland befallenen beiden Bäumen wahrscheinlich nicht der Auslöser für die beobachteten Schäden.
Erwartete Schäden in EU-Mitgliedstaaten	In klimatisch geeigneten Gebieten ist mit signifikanten Schäden an den Wirtspflanzen zu rechnen.
Relevanz für den Ökolandbau	Eine Bekämpfung des Pilzes mit Fungiziden ist nicht bekannt. Bekämpfungsmethoden sind die gleichen wie im konventionellen Anbau.
Bekämpfbarkeit und Gegenmaßnahmen	Bislang ist die einzige effektive Bekämpfungsmethode eine Fällung und Vernichtung (Verbrennung) der befallenen Wirtspflanzen. Das ist aber nur dann sinnvoll, wenn <i>B. rosacearum</i> noch nicht weitverbreitet ist. Grundsätzlich wäre es notwendig, befallsfreie Gebiete zu identifizieren, wobei auch überprüft werden müsste, ob bzw. inwieweit der Pilz endophytisch ohne Symptome vorkommt. Je nach Ergebnis könnten dann ggfs. Vorsorgemaßnahmen für die weitere Ausbreitung des Pilzes zu getroffen werden. Wenn möglich, sollten Maßnahmen zur Verbesserung der Baumgesundheit wie z. B. Reduzierung der Verdichtung,

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci
	Mulchen, Bewässerung und Düngung ergriffen werden. Sichtbar infizierte Äste sollten entfernt werden, einerseits um die Menge des vorhandenen Inokulums zu reduzieren, andererseits um potentiell gefährliche Abbrüche zu verhindern (Crocker et al., 2018). Diese Maßnahmen zur Verbesserung der Baumgesundheit lassen sich jedoch eher im Kulturbetrieb umsetzen, als in Forstbeständen und generell in Wäldern.
Nachweisbarkeit und Diagnose	Molekulargenetisch lässt sich <i>B. rosacearum</i> eindeutig anhand der ITS DNA-Region identifizieren. Das Ergebnis wurde durch eine Multi-Locus-Sequenzanalyse (MLSA) bestätigt. In der Vergangenheit, insbesondere vor der Erstbeschreibung durch Raimondo et al. (2016), wurde der Pilz i. d. R. als die nahverwandte Art <i>B. mediterranea</i> angesprochen und entsprechend in Datenbanken hinterlegt. Daher kann es beim Abgleich neuer Sequenzdaten mit ITS-Datenbankeinträgen leicht zu Verwechslungen kommen. Die von Luchi et al. (2005) etablierte spezifische Primer/Probe Kombination amplifiziert entgegen der damaligen Annahme nicht <i>B. mediterranea</i> sondern <i>B. rosacearum</i>. In Raimondo et al. (2016) werden konkrete Hinweise zur Bestimmung gegeben. Der Nachweis ist bei asymptomatischen, aber latent infizierten Wirtspflanzen schwierig. In Abb. 3 findet sich eine Synopse von <i>Biscogniauxia</i> Reinkulturen die 7- bis 28 Tage auf PDA (potato dextrose agar) kultiviert wurden.
Bemerkungen	Hinsichtlich <i>Biscogniauxia mediterranea</i> werden Vermutungen geäußert, dass sich die Epidemiologie der von dieser Art verursachten Krankheit verändert haben könnte. Die hohe genetische Variabilität dieser Art, selbst in kleinen Populationen, wird auf ihr heterothallisches Paarungssystem sowie ihre hohe sexuelle Reproduktionsrate und die Produktion einer großen Menge an Ascosporen zurückgeführt (Vannini et al., 1999, Henriques et al., 2016). Gleiches gilt sehr wahrscheinlich auch für <i>B. rosacearum</i>. Da Vorkommen in der EU bisher nur vereinzelt bestätigt sind und es in Deutschland nur zwei einzelne Nachweise gibt, wären Erhebungen notwendig, um den tatsächlichen Verbreitungsstatus zu bestimmen.

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci
Literatur	BAHMANI, Z., ABDOLLAHZADEH, J., AMINI, J., EVIDENTE, A. (2021): <i>Biscogniauxia rosacearum</i> the charcoal canker agent as a pathogen associated with grapevine trunk diseases in Zagros region of Iran. <i>Scientific reports</i>, 11(1), 14098. BASHIRI, S., ABDOLLAHZADEH, J., EVIDENTE, A. (2022): Diagnosing and pathogenicity of <i>Biscogniauxia</i> species, the causal agents of oak charcoal canker and decline in Zagros forests of Iran. <i>Journal of Plant Pathology</i>, 104(3), 1011-1025. BASHIRI, S., ABDOLLAHZADEH, J. (2024): Taxonomy and pathogenicity of fungi associated with oak decline in northern and central Zagros forests of Iran with emphasis on coelomycetous species. <i>Frontiers in Plant Science</i>, 15, 1377441. CROCKER, E. BORDAS, A., COYLE, D. (2018): Biology, Ecology, and Management of <i>Biscogniauxia</i> (Hypoxylon) Canker in the Southeastern U.S. Southern Regional Extension Forestry (SREF-FH-009). Online verfügbar: http://www.southernforesthealth.net/other/declines/oak-decline/biology-ecology-and-management-of-biscogniauxia-hypoxylon-canker-in-the-southeastern-u.s. Aufgerufen am 17.04.2025. EFSA (2022): Plant Health Horizon Scanning Newsletter, March 2022. EFSA Supporting Publications, 2022: EN-7282. 31 pp. doi:10.2903/sp.efsa.2022.EN-7282 HENRIQUES, J., NÓBREGA, F., SOUSA, E., LIMA, A. (2016): Analysis of the genetic diversity and phylogenetic relationships of <i>Biscogniauxia mediterranea</i> isolates associated with cork oak. <i>Phytoparasitica</i>, 44, 19-34. KHADRAOUI, H., HLAÏEM, S., YANGUI, I., HMISSI, S., MESSAOUD, C., EZZINE, O., BEN Jamâa, M. L. (2025): Co-infection of <i>Diaporthe foeniculina</i> AND <i>Biscogniauxia rosacearum</i> in <i>Myrtus communis</i> in Tunisia: influence of temperature and rainfall. <i>European Journal of Plant Pathology</i>, 1-14. LUCHI, N., CAPRETTI, P., PINZANI, P., ORLANDO, C., PAZZAGLI, M. (2005): Real-time PCR detection of <i>Biscogniauxia mediterranea</i> in symptomless oak tissue. <i>Letters in Applied Microbiology</i>, 41(1), 61-68. MASI, M., BASHIRI, S., CIMMINO, A., BAHMANI, Z., ABDOLLAHZADEH, J., EVIDENTE, A. (2021): Phytotoxins produced by two <i>Biscogniauxia rosacearum</i> strains, causal agents of

Express-PRA	<i>Biscogniauxia rosacearum</i> M.L. Raimondo & Carlucci
	grapevine trunk diseases, and charcoal canker of oak trees in Iran. <i>Toxins</i>, 13(11), 812. PINNA, C., LINALDEDDU, B. T., DEIANA, V., MADDAU, L., MONTECCHIO, L., LENTINI, A. (2019): Plant pathogenic fungi associated with <i>Coraebus florentinus</i> (Coleoptera: Buprestidae) attacks in declining oak forests. <i>Forests</i>, 10(6), 488. RAIMONDO, M. L., LOPS, F., CARLUCCI, A. (2016): Charcoal canker of pear, plum, and quince trees caused by <i>Biscogniauxia rosacearum</i> sp. nov. in Southern Italy. <i>Plant disease</i>, 100(9), 1813-1822. SOHRABI, M., MOHAMMADI, H., ARMENGOL, J., LEÓN, M. (2022): New report of <i>Biscogniauxia rosacearum</i> as a pathogen on almond trees in Iran. <i>Journal of Plant Diseases and Protection</i>, 129(2), 411-417. SPIES, C. F. J., MOSTERT, L., CARLUCCI, A., MOYO, P., VAN JAARSVELD, W. J., DU PLESSIS, I. L., ... HALLEEN, F. (2020): Dieback and decline pathogens of olive trees in South Africa. <i>Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi</i>, 45(1), 196-220. VAN DYK, M., SPIES, C. F., MOSTERT, L., VAN DER RIJST, M., DU PLESSIS, I. L., MOYO, P., ... HALLEEN, F. (2021): Pathogenicity testing of fungal isolates associated with olive trunk diseases in South Africa. <i>Plant Disease</i>, 105(12), 4060-4073. VANNINI, A., MAZZAGLIA, A., ANSELMINI, N. (1999): Use of random amplified polymorphic DNA (RAPD) for detection of genetic variation and proof of the heterothallic mating system in <i>Hypoxylon mediterraneum</i>. <i>European Journal of Forest Pathology</i>, 29(3), 209-218. YANGUI, I., HLAÏEM, S., KHADRAOUI, H., MESSAOUD, C., BEN JAMÂA, M. L., EZZINE, O. (2024): <i>Biscogniauxia rosacearum</i>: A newly identified pathogen of strawberry tree (<i>Arbutus unedo</i> L.) in North Africa. <i>Forest Pathology</i>, 54(2), e12862.

Abbildungen von befallenen Wirtspflanzen und Reinkulturen von *Bisogniauxia*-Arten



Abbildung 1. *Biscogniauxia rosacearum* (NW-FVA 6753). Links Wirtszweige von Küstentanne, mittig: absterbender Küstentannentrieb, aus dem der Stamm isoliert wurde, rechts: Reinkultur, 7 Tage kultiviert auf MYP-Agar (malt yeast peton agar). Foto: NW-FVA. Abt. Waldschutz, SG Mykologie und Komplexerkrankungen.



Abbildung 2. *Biscogniauxia rosacearum* (NW-FVA 13169). Links Wirtszweige von Douglasie, mittig: absterbender Douglasientrieb, aus dem der Stamm isoliert wurde, rechts: Reinkultur, 7 Tage kultiviert auf MYP-Agar (malt yeast peton agar). Foto: NW-FVA. Abt. Waldschutz, SG Mykologie und Komplexerkrankungen.

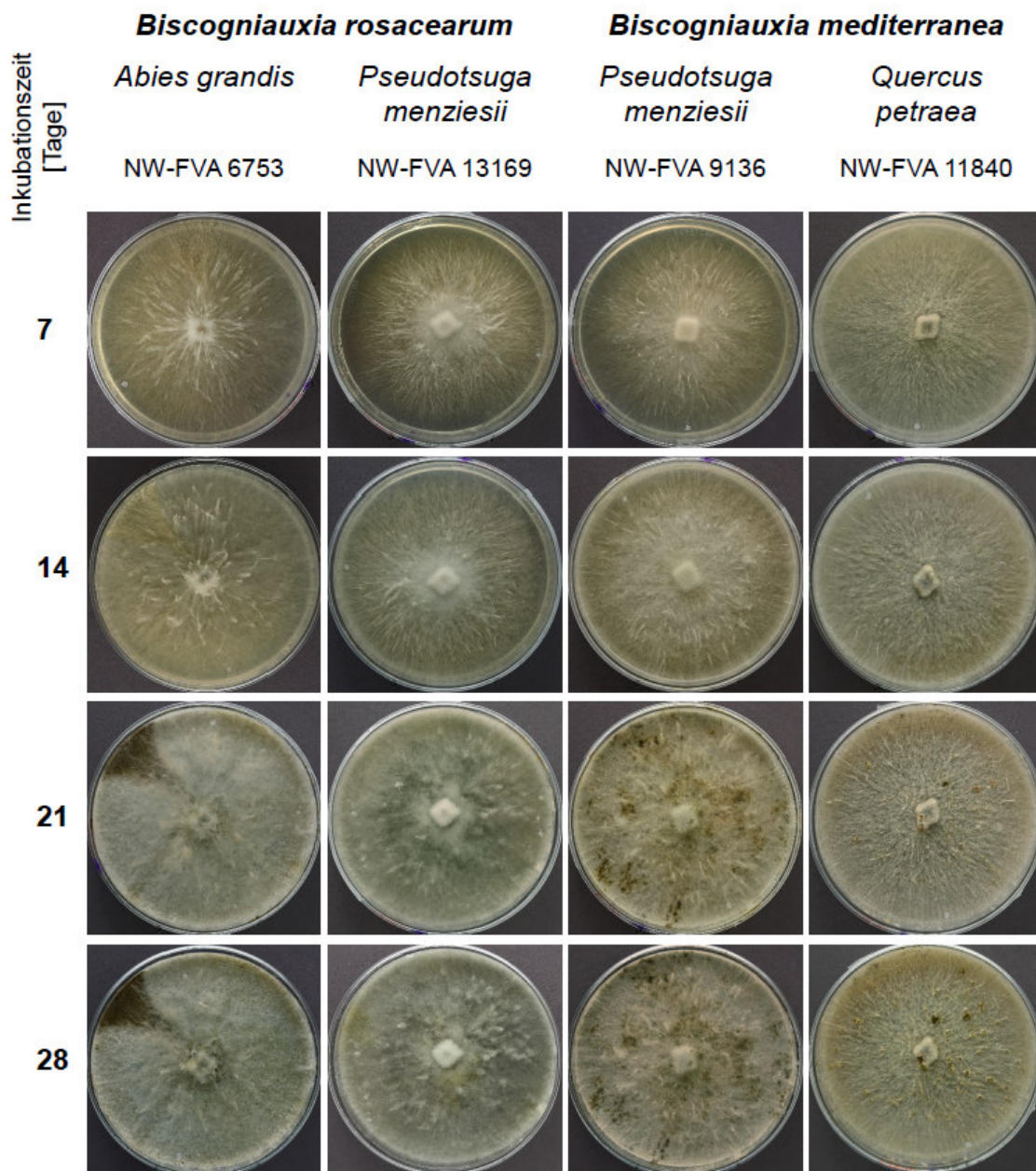


Abbildung 3. Synopse von *Biscogniauxia* Reinkulturen, 7- bis 28 Tage kultiviert auf PDA (potato dextrose agar). Foto: NW-FVA. Abt. Waldschutz, SG Mykologie und Komplexerkrankungen.



Abbildung 4. ITS Phylogenetische Analyse von *Biscogniauxia*-Stämmen. Stämme von *B. atropunctata* und *B. latirima* als Outgroup. Legende: *Ex-Typ Stamm; NCBI Accession Nummer_Artbezeichnung in NCBI_Wirt_Herkunftsland_Stammbezeichnung.; NCBI BLAST percentage identity; hosNA = Wirtsinformation nicht verfügbar; locNA = Herkunftsinformation nicht verfügbar; blau = Stämme aus Raimondo et al. 2016, Sohrabi et al. 2022, Stammsammlung NW-FVA; grün = als *Biscogniauxia rosacearum* in NCBI GenBank gelistet; rot = nicht als *Biscogniauxia* in NCBI GenBank gelistet.