



Drittes Nachwuchswissenschaftlerforum 2010

23. - 25. November
in Quedlinburg

- Abstracts -



Berichte aus dem Julius Kühn-Institut

157

Kontaktadresse

Anja Hühnlein
Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
Informationszentrum und Bibliothek
Erwin-Baur-Str. 27
06484 Quedlinburg

Telefon +49 (0)3946 47-123

Telefax +49 (0)3946 47-255

Der Forschungsbereich des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) hat seit dem 1. Januar 2008 eine neue Struktur. Die Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA), die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) sowie zwei Institute der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) wurden zum Julius Kühn-Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen zusammengeschlossen. Das Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI) wurde aus der Bundesforschungsanstalt für Fischerei, der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft und aus Teilen der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft errichtet.

The research branch of the Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection (BMELV) has been reorganized. The former Biological Research Centre for Agriculture and Forestry (BBA) has been merged with other institutions. The newly established Julius Kühn Institute (JKI), Federal Research Centre for Cultivated Plants, is working on plant protection, plant breeding, crop and soil science. The Johann Heinrich von Thünen Institute (vTI) was created from the German Federal Research Centre for Fisheries, the German Federal Research Centre for Forestry and Forest Products and part of the German Federal Agricultural Research Centre.

Wir unterstützen den offenen Zugang zu wissenschaftlichem Wissen.

Die Berichte aus dem Julius Kühn-Institut erscheinen daher als OPEN ACCESS-Zeitschrift.

Alle Ausgaben stehen kostenfrei im Internet zur Verfügung:

<http://www.jki.bund.de> Bereich Veröffentlichungen – Berichte.

We advocate open access to scientific knowledge. Reports from the Julius Kühn Institute are therefore published as open access journal. All issues are available free of charge under <http://www.jki.bund.de> (see Publications – Reports).

Herausgeber / Editor

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Braunschweig, Deutschland
Julius Kühn Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Braunschweig, Germany

Verlag

Eigenverlag

Vertrieb

Saphir Verlag, Gutsstraße 15, 38551 Ribbesbüttel

Telefon +49 (0)5374 6576

Telefax +49 (0)5374 6577

ISSN 1866-590X

© Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, 2010

Das Werk ist urheberrechtlich geschützt. Die dadurch begründeten Rechte, insbesondere die der Übersendung, des Nachdrucks, des Vortrages, der Entnahme von Abbildungen, der Funksendung, der Wiedergabe auf fotomechanischem oder ähnlichem Wege und der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen, bleiben, auch bei nur auszugsweiser Verwertung, vorbehalten.

Grußwort des Präsidenten

Liebe Nachwuchswissenschaftlerinnen, liebe Nachwuchswissenschaftler,

es ist mir eine persönliche Freude miterleben zu dürfen, wie das Nachwuchswissenschaftlerforum des Julius Kühn-Institutes nun schon zum dritten Mal ausgerichtet wird. Im Umfeld des JKI und auch der Region Quedlinburg stellt es in Umfang und Gestaltung eine einzigartige Veranstaltung dar. Hier wird jungen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern eine Plattform geboten, auf der sie instituts- und vor allem fachgebietsübergreifend voneinander lernen, miteinander diskutieren und gemeinsam neue Ideen entwickeln können.

In der deutschlandweiten und insbesondere der globalen Forschungslandschaft zu bestehen ist, wie Sie sicher schon festgestellt haben, nicht leicht. Es ist ein hart umkämpfter Markt, auf dem sich die Besten, oft auch die Schnellsten, an der Spitze positionieren. Vor diesem Hintergrund und auch in Anbetracht der oftmals begrenzten finanziellen Mittel, die Ihnen in Ihren Forschungsprojekten zur Verfügung stehen, möchte ich Ihnen Mut und Zuversicht mit auf den Weg geben.

Der bekannte Philosoph Aristoteles formulierte einst folgende Worte: „Wir können den Wind nicht ändern, aber die Segel anders setzen.“ Und so sollen auch Sie Ihre Ideen, Ihre Forschungsziele nie aus den Augen verlieren, auch wenn Sie hier und da auf Widerstand stoßen. Mit besonderem Beispiel voran geht der Namensgeber unseres Institutes Prof. Dr. Julius Kühn. Er stammte aus einfachen Verhältnissen und wurde nach seiner Ernennung zum ordentlichen Professor für Landwirtschaft sogar abfällig als „Mistprofessor“

betitelt. Doch er verlor seine Vision, die Errichtung eines selbständigen Institutes als agrarwissenschaftliche Lehr- und Forschungsstätte, nie aus den Augen und konnte seine Vorstellungen bereits im Alter von 38 Jahren in die Tat umsetzen. Im Widerstreit der geläufigen Meinung jener Zeit, gab es für ihn nie einen Gegensatz zwischen grundlegender und angewandter Forschung. So versteht sich auch das heutige Julius Kühn-Institut, indem es wissenschaftliche Lösungen für praktische Problemstellungen in der Politik und im Pflanzenbau anbietet. Und genau hier möchte ich den Faden wieder aufgreifen. Denn Sie haben sich für Ihre Forschungsarbeiten nicht das Julius Kühn-Institut ausgesucht, um einmal realitätsfern an abgehobenen Fragestellungen zu arbeiten. Nein, Sie möchten hautnah dabei sein, wenn Ihre wissenschaftlichen Ergebnisse erfolgreich angewendet und umgesetzt werden. Sie möchten nicht in höheren Sphären der Wissenschaft schweben, sondern mit anpacken, etwas bewegen, sofort und gleichzeitig nachhaltig. Denn wie schon Julius Kühn sagte: „Das höchste wissenschaftliche Ziel ist das praktische Ziel [...] Unsere Aufgabe ist der Nutzen.“

In diesem Sinne wünsche ich Ihnen ein erfolgreiches und inspirierendes 3. Nachwuchswissenschaftlerforum in Quedlinburg.



Dr. Georg F. Backhaus

Inhaltsverzeichnis

Sektion 1: Diagnose und Nachweisverfahren

<i>Acidovorax valerianellae</i> sp. nov. als Erreger von Blattflecken an Feldsalat [<i>Valerianella locusta</i> (L.) Laterr.] - Untersuchungen zur Biologie und Entwicklung praxis-relevanter Nachweismethoden <i>Katja Thiele, Kornelia Smalla, Frank Rabenstein</i>	6
Quantitativer Nachweis des <i>Potato Virus Y</i> in Kartoffelpflanzen und Aphiden – Erörterung vielfältiger Anwendungsmöglichkeiten in der Kartoffelforschung <i>Anja Hühnlein, Jörg Schubert, Thomas Thieme</i>	8
Quantitativer Nachweis des <i>Wheat dwarf virus</i> <i>Nadine Drechsler, Antje Habekuß, Thomas Thieme, Jörg Schubert</i>	10
Stir Bar Sorptive Extraction - Eine Methode zur Bestimmung von volatilen Inhaltsstoffen der Kartoffelpflanzen? <i>Katrin Beyer, Angelika Ziegler, Detlef Ulrich, Kirsten Weiß, René Grünwald, Ralf Wilhelm</i>	11
Virulenzanalyse beim <i>Cydia pomonella Granulovirus</i> (CpGV) <i>Diana Schneider, Johannes A. Jehle</i>	12
Kupfer- und andere Schwermetallverbindungen in Weinbergböden und ihre Auswirkungen auf die Bodenzönose <i>Anna Steindl, Frank Riepert, Thomas Strumpf</i>	13

Sektion 2: Entomologie

Populationsmodell des Maiswurzelbohrers <i>Tim Balschmitter</i>	16
Dust in the Wind – Abdrift insektizidhaltiger Stäube – ein Risiko für Honigbienen (<i>Apis mellifera</i> L.)? <i>Pablo Theodor Georgiadis, Jens Pistorius, Udo Heimbach</i>	17
Der Asiatische Marienkäfer <i>Harmonia axyridis</i> - Schadschwellen bei der Wein- bereitung unter Berücksichtigung verschiedener Verarbeitungskonstellationen <i>Susanne Kögel, Jürgen Gross, Christoph Hoffmann</i>	19

Sektion 3: Züchtung

Entwicklung generativ vermehrbare Hochleistungslinien von Zitronenmelisse (<i>Melissa officinalis</i>) durch konventionelle Erzeugung homozygoter Linien als Voraussetzung für Synthetiks oder Hybridsorten <i>Johannes Kittler, Ute Kästner, Wolfram Junghanns, Frank Marthe, Wolf Dieter Blüthner</i>	22
--	----

Charakterisierung der lox-Genfamilie in <i>Malus x domestica</i> und Entwicklung eines Marker-Systems <i>Jörg Vogt</i>	23
Etablierung eines neuen Hybridsystems zur Züchtung von Möhren mit spezifischer Eignung unter Trockenstressbedingung <i>Andrea Rode, Thomas Nothnagel</i>	24
Molekulare Verwandtschaftsanalyse von <i>Gaultheria</i> -Arten <i>Claudia Lehmann, Stephanie Nehrllich, Holger Budahn, Sylvia Plaschil</i>	25
Erhaltung des Wildapfels (<i>Malus sylvestris</i>) im Osterzgebirge <i>Stefanie Reim, Monika Höfer</i>	26
Kohlhernieresistenzzüchtung bei Winterraps <i>Wolfgang Lüders, Stefan Abel, Wolfgang Friedt, Doris Kopahnke, Frank Ordon</i>	27
Feuerbrandresistenz: Identifikation, Klonierung und funktionelle Charakterisierung korrelierender Gene bei <i>Malus x robusta</i> <i>Vogt, I., Wöhner, T., Peil, A., Flachowsky, H., Hanke, M.-V.</i>	28

Sektion 4: Biologischer Pflanzenschutz

Wie der Mensch zum Pflanzenschützer wurde! <i>Andrea Scherf</i>	30
Wirkung von <i>Aneurinibacillus migulanus</i> gegen den Falschen Mehltau an der Gurke (<i>Pseudoperonospora cubensis</i>) <i>Christina Schuster, Annegret Schmitt</i>	31
Regulierung von Rapsschädlingen im ökologischen Winterrapsanbau durch den Einsatz naturstofflicher Pflanzenschutzmittel sowie durch den Mischanbau mit Rübsen (<i>Brassica rapa</i>) <i>Tobias Ludwig, Eva Jansen, Benjamin Trost, Julia Mayer, Stefan Kuehne</i>	32
Management von Unkrautdiversität in Winterweizen anhand von selektiven Herbiziden <i>Lena Ulber, Horst-Hennig Steinmann, Sebastian Klimek</i>	33
454 Sequenzierung: Ein solides Verfahren zur vergleichenden Genomanalyse von Baculoviren <i>Jörg Thomas Wennmann</i>	34

Sektion 5: Molekulare Marker

Entwicklung und Anwendung molekularer und informatorischer Werkzeuge für das genetische Monitoring bei Wildrüben (<i>Beta sp., Patellifolia sp.</i>) <i>Matthias Enders, Lothar Frese, Marion Nachtigall</i>	36
---	----

Etablierung einer Methode zur Phänotypisierung der Resistenz gegen die Schwarzfäule (<i>Guignardia bidwellii</i>) in der Weinrebe <i>Friederike Rex, Ludger Hausmann, Reinhard Töpfer</i>	38
Genetische Identifizierung der auf die asiatische Wildrebe <i>Vitis amurensis</i> zurückgehende Resistenz gegenüber dem Falschen Mehltau (<i>Plasmopara viticola</i>) und deren Nutzung in der Züchtung <i>Florian Christoph Schwander, Rudolf Eibach, Reinhard Töpfer</i>	39
Entwicklung und Katierung genbasierter Marker bei Roggen <i>Eike Lornsen, Peter Wehling, Bernd Hackauf</i>	40
Analyse von Promotoren pathogeninduzierbarer Gene der Weinrebe <i>Tina Moser, Jochen Bogs, Eva Zyprian</i>	41

Sektion 6: Tierische Schaderreger

Die Bedeutung sekundärer Pflanzenstoffe bei der Vergrämung von Wühlmäusen <i>Daniela Fischer, Andreas Prokop, Jens Jacob, Michael Wink, Hermann Mattes</i>	44
Ausbreitungsdynamik von Feldmäusen in Agro-Ökosystemen <i>Angela Leukers, Jens Jacob</i>	45
Zusammenhang zwischen Nahrungsverfügbarkeit, Klima, Habitat und Abundanz von Waldnagern <i>Katarina Kühn, Jens Jacob, Hermann Mattes, Daniela Reil, Christian Imholt</i>	46
Population development of beet cyst nematodes and their damage potential to sugar beets under different temperature regimes. <i>Bart Vandenbossche, Björn Niere, Stefan Vidal</i>	47

Sektion 1

Diagnose- und Nachweisverfahren

***Acidovorax valerianellae* sp. nov. als Erreger von Blattflecken an Feldsalat [*Valerianella locusta* (L.) Laterr.] - Untersuchungen zur Biologie und Entwicklung praxisrelevanter Nachweismethoden**

K. Thiele, K. Smalla, F. Rabenstein

Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

katja.thiele@jki.bund.de

Projektziele

Seit 1999 treten in Deutschland vermehrt schwarze Blattflecken an Feldsalat [*Valerianella locusta* (L.) Laterr.] auf, die auf einen Befall durch das Bakterium *Acidovorax valerianellae* (Av) zurückzuführen sind und im Erwerbsanbau hohe Verluste verursachen. Zur Lösung der offenen epidemiologischen Fragen werden innerhalb dieses Projektes serologische und molekularbiologische Diagnosemethoden entwickelt. Der Erreger soll hinsichtlich seiner Übertragungswege und Wachstumsbedingungen untersucht werden. Weiterhin soll mit der molekularbiologischen Charakterisierung des Erregers begonnen werden.

Diagnostik

Zunächst wurden monoklonale Antikörper gegen das Typisolat des Erregers (16619, DSMZ Braunschweig) erzeugt, selektiert und mit bereits verfügbaren polyklonalen Kaninchenseren hinsichtlich Spezifität und Sensitivität verglichen. Die ausgewählten Hybridom-Klone produzieren hochspezifische anti-Av-Antikörper in hoher Konzentration. Mittels TAS-ELISA (triple antibody sandwich) kann der Erreger in infiziertem Pflanzenmaterial sowie in Saatgut sicher nachgewiesen werden. Erstmals konnten mittels Immunogold-Labeling und Transmissions-Elektronenmikroskopie Av-Zellen in symptom-

tragenden Feldsalatblättern dargestellt werden. Die Bakterienzellen wurden in sehr hoher Dichte im Interzellularraum in den Randregionen der Läsionen gefunden, jedoch nicht in symptomfreien Blattregionen.

Alle bisher eingesetzten PCR-Primer erwiesen sich als sehr unspezifisch und für den sicheren Nachweis von Av als ungeeignet. Da für *A. valerianellae* nur wenige Sequenzinformationen vorliegen, wurden einige durch BOX-PCR generierte Amplifikate kloniert und sequenziert. Die dabei gewonnenen Sequenzdaten ermöglichen die Etablierung einer für Av spezifischen PCR. Alle vorhandenen Isolate konnten damit nachgewiesen werden, die Übertragbarkeit der Methode auf Saatgut und Boden wird gegenwärtig getestet.

Infektionsquellen

Hinweise auf die Übertragbarkeit des Erregers durch Boden und Saatgut konnten bestätigt werden. Infiziertes Feldsalat-Blattmaterial wurde im Herbst 2009 (in Schifferstadt) und März 2010 (in Quedlinburg) mit Erde gemischt und in eingesenkte Container im Freiland ausgebracht. Im Abstand von 4 Wochen wurden Erdproben entnommen und darauf Feldsalat ausgesät. Über einen Zeitraum von drei Monaten traten Av-Symptome an den Fangpflanzen auf und konnten serologisch diagnostiziert werden. Bei dem leicht

degenerierbaren Feldsalatgewebe entspricht dies etwa dem notwendigen Zeitraum für die natürliche Zersetzung des Pflanzenmaterials.

Als weitere potentielle Infektionsquelle konnte das Saatgut bestätigt werden. Zur Klärung der Frage, ob aus kontaminiertem Saatgut eine Übertragung auf das daraus zu produzierende Saatgut zu erwarten ist, wurden 2007 und 2008 je zwei Saatgutpartien (natürlich kontaminiert mit *A. valerianellae* und nicht kontaminiert) gesät und die Pflanzen bis zur Saatgutbildung kultiviert. Das daraus produzierte Saatgut (Ernte 2008 und 2009) wurde mit unterschiedlichen Verfahren (Sweatbox-Test, Anzucht, TAS-ELISA) durch verschiedene Diagnoselabore auf Kontamination geprüft. Eine Übertragung des Befalls vom Ausgangssaatgut auf das produzierte Saatgut konnte damit nachgewiesen werden. Die Ergebnisse von herkömmlichen (Anzucht, Sweatbox) und neu etablierten Methoden (TAS-ELISA) korrelieren miteinander.

Molekulare Charakterisierung des Erregers

Etwa 50 Isolate wurden auf Sequenzunterschiede der 16S-rRNA-Gene mittels

Amplified ribosomal DNA restriction analysis (ARDRA) und Unterschiede in der Genomorganisation mittels BOX-PCR getestet. Die Isolate ließen sich mit Hilfe der Restriktionsmuster der 16S-rRNA-Gene in 2 etwa gleich große Gruppen einteilen, die sich in ihrem Bandenmuster durch eine Bande unterschieden. Durch Sequenzierung der 16S-rRNA-Gene wurde dieser Unterschied auf einen Basenaustausch zurückgeführt, der eine zusätzliche Schnittstelle für das eingesetzte Restriktionsenzym schafft.

Die durch BOX-PCR erzeugten Bandenmuster zeigen ebenfalls Unterschiede zwischen den Isolaten und lassen sich 3 Gruppen zuordnen. Zwei dieser BOX-Gruppen korrelieren mit der einen ARDRA- bzw. 16S-Variante, die dritte BOX-Gruppe umfasst alle Isolate der anderen ARDRA-Variante.

Bei der Herstellung von neuen Isolaten aus belastetem Saatgut wurde festgestellt, dass Erreger beider 16S-Varianten parallel vorkommen. Gegenwärtig wird mit Inokulationsversuchen überprüft, ob sich diese Varianten in ihrer Pathogenität unterscheiden.

Quantitativer Nachweis des *Potato Virus Y* in Kartoffelpflanzen und Aphiden – Erörterung vielfältiger Anwendungsmöglichkeiten in der Kartoffelforschung

A. Hühnlein¹, J. Schubert², T. Thieme³ und E. Schliephake⁴

Julius Kühn-Institut, ¹Informationszentrum und Bibliothek, ²Institut für Sicherheit in der Gentechnik bei Pflanzen, ³BTL Bio-Test Labor Sagerheide GmbH, ⁴Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz
anja.huehnlein@jki.bund.de

Potato virus Y (PVY) verursacht im Kartoffelanbau weltweit jedes Jahr hohe Ernteverluste und steht somit neben *Potato leafroll virus* auf der Liste der bedeutendsten Kartoffelviren. Neben den drei Hauptstämmen PVY^O, PVY^N und PVY^C existieren auch rekombinante Formen, von denen besonders PVY^{NTN} und PVY^NWilga an Bedeutung gewinnen.

In den letzten Jahren wurden PCR- und qPCR-Assays entwickelt, die verschiedene PVY-Isolate voneinander unterscheiden können. Zur Bestimmung der PVY-Isolate mit Hilfe der PCR ist oft die Generierung sehr großer Amplikons nötig. Die dafür erforderlichen Enzyme sind sehr kostenintensiv. qPCR-Assays auf der anderen Seite ermöglichen bisher nicht die Unterscheidung zwischen PVY^{NTN} und PVY^NWilga. Dabei sind gerade diese Rekombinanten besonders in Europa von großer Bedeutung, da sie mit einem Anteil von ca. 90% die Stämme PVY^N und PVY^O weitestgehend verdrängt haben. Sie kommen auch in Mischinfektion vor. Zur Differenzierung von PVY^N/PVY^{NTN} und PVY^O/PVY^NWilga wurde daher ein qPCR-Assay entwickelt, das mit Hilfe von spezifischen Primern und unterschiedlich markierten Hydrolysesonden die beiden Rekombinanten/Ursprungsformen nicht nur unterscheiden, sondern auch mit hoher Effizienz quantifizieren kann. Anwendung findet das Assay unter anderem in der

Sicherheitsforschung gentechnisch veränderter Kartoffelpflanzen. So wurde untersucht, ob die gentechnisch veränderten (GV) Sorten 'Albatros' (Expression von Cyanophycin, VP60, nptII) und 'Desireé' (Expression von VP60, nptII) eine im Vergleich zu ihren isogenen Linien und den Vergleichsorten 'Hermes', 'Princess', 'Saturna' und 'Mayan Gold' veränderte Virusempfindlichkeit aufweisen. Dafür wurden die genannten Linien/Sorten jeweils mit PVY^{NTN} und PVY^NWilga mechanisch infiziert und nach zwei Wochen mit Hilfe des entwickelten qPCR-Assays analysiert. Die Versuchsergebnisse zeigen, dass die Unterschiede im Virusgehalt zwischen den Vergleichsorten größer sind als zwischen den GV-Kartoffeln und ihren isogenen Linien. Somit besitzen die hier untersuchten GV-Pflanzen keine Veränderung in der Empfindlichkeit gegen PVY.

Da *Myzus persicae* als der effizienteste Vektor zur Übertragung und Verbreitung von PVY angesehen wird, soll das entwickelte qPCR-Assay weiterhin zur Untersuchung des PVY-Gehaltes in Aphiden eingesetzt werden. Die Verdrängung der Stämme PVY^N und PVY^O durch PVY^{NTN} und PVY^NWilga könnte eine Folge von unterschiedlich effizienter Übertragung durch *M. persicae* sein. Daher soll untersucht werden, ob in den Stechborsten von *M. persicae* mehr Viruspartikel der

rekombinanten Formen von PVY binden als Partikel der Hauptstämme PVY^N und PVY^O.

Eine dritte Anwendung des qPCR-Assays ist für die Kartoffelzüchtung interessant, da mittels Quantifizierung des Virusgehaltes bestimmt werden kann, ob eine Resistenz als extrem einzustufen ist. Diese ist charakterisiert durch das Fehlen oder Vorhandensein nur sehr geringer Virusmengen in der Pflanze nach Inokulation durch Pfropfung auf eine Virusquelle. Da beim ELISA häufig unspezifische Reaktionen zu beobachten sind, die eine Unterscheidung nicht infizierter von sehr schwach infizierten Pflanzen erschweren, ermöglicht die exakte Quantifizierung des

PVY-Gehaltes eine höhere Sicherheit bei der Bestimmung des Resistenztyps. Mit dem entwickelten qPCR-Assay wurde also eine Methode entwickelt, mit der effizient, kostengünstig und mit hohem Durchsatz die Differenzierung und Quantifizierung der Stämme PVY^N/PVY^{NTN} auf der einen und PVY^O/PVY^NWilga auf der anderen Seite möglich ist. Die Methode kann sehr vielfältig in den verschiedensten Bereichen der Kartoffelforschung angewendet werden.

Danksagung: Das Projekt wird finanziert mit Mitteln des BMBF. Einen Dank an Herrn Dr. H. Mikschowski für die Bereitstellung der GV-Pflanzen

Quantitativer Nachweis des *Wheat dwarf virus*

N. Drechsler¹, A. Habekuß², T. Thieme¹, J. Schubert³

¹BTL Bio.Test Labor Sagerheide GmbH, Julius Kühn-Institut, ²Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz,

³Institut für Sicherheit in der Gentechnik bei Pflanzen
nadine.drechsler@jki.bund.de

Die Geminiviren *Wheat dwarf virus* (WDV) und *Barley dwarf virus* (BDV) rufen bei befallenem Getreide u.a. Zwergwuchs und Vergilbung hervor und führen zu Ertragsminderungen bis hin zum Absterben der Pflanze. Beide Viren werden von der Zwergzikade *Psammotettix alienus* Dahlb. persistent aber nicht propagativ übertragen. WDV wurde in Deutschland erstmals Anfang der 90er Jahre nachgewiesen. Für die Zukunft wird eine Zunahme des Befalls prognostiziert, da die Klimaerwärmung zu einer längeren Aktivitätsphase des Vektors im Herbst führt und befallene Pflanzen mildere Winter überdauern und somit als Infektionsquelle im Frühjahr zur Verfügung stehen können.

Erstmalig wurden quantitative Realtime PCR-Verfahren entwickelt, mit denen es möglich ist, WDV und BDV nicht nur sensitiv nachzuweisen, sondern auch die Viruskopienzahl zu ermitteln. Mit Primern in konservierten Regionen des Virusgenoms werden beide Viren nachgewiesen. Es stehen aber auch TaqMan-Sonden für einen differenzierten Nachweis von BDV und WDV zur Verfügung. Die absolute Quantifizierung des Virengehalts erfolgt durch eine Standardverdünnungsreihe aus kloniertem Virus. Die Nachweisgrenze wurde ermittelt und mit der des ELISA-

Verfahrens verglichen. Der Presssaft von stark WDV-infizierten Pflanzen wurde dazu mit dem von nichtinfizierten Pflanzen verdünnt. Mit der Realtime-PCR gelang der Nachweis auch noch in Verdünnungen von 10^{-8} , während der DAS-ELISA die Nachweisgrenze bei 10^{-4} erreicht.

Mit den PCR-Verfahren ist das Virus bereits nach 24 Stunden in der Pflanze nachweisbar. Bei allen Untersuchungen wurden jeweils auch ELISA und eine Symptombonitur durchgeführt. Dabei fiel auf, dass die Kopienzahl bzw. der ELISA-Wert nicht mit der Stärke der Symptomausprägung korrelierte. Es zeigte sich auch, dass der Virusgehalt in den Zikaden nicht darauf schließen lässt, ob die Pflanze krank wird.

An der stark anfälligen Wintergerstensorte 'Rubina' wurde unter GWH-Bedingungen die Verteilung des Virus in der Pflanze in den ersten 4 Wochen nach Infektion untersucht. Das Virus trat ungleichmäßig verteilt auf. In den jüngsten Blättern wurden die höchsten Virengehalte ermittelt.

Des Weiteren wurden Feldproben analysiert, um zu ermitteln, welche Viruskopienzahlen unter natürlichen Infektionsbedingungen vorkommen.

Stir Bar Sorptive Extraction - Eine Methode zur Bestimmung von volatilen Inhaltsstoffen der Kartoffelpflanzen?

K. Beyer¹, A. Ziegler¹, D. Ulrich², R. Wilhelm¹

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für Sicherheit in der Gentechnik bei Pflanzen, ²Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz
katrin.beyer@jki.bund.de

Volatile Substanzen sind sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe, die mit ökologischen Funktionen bei Wechselwirkungen der Pflanzen mit ihrer Umwelt in Verbindung gebracht werden. Die Pflanzenzucht von Kulturpflanzen greift in den Stoffwechsel ein. Nachfolgende Veränderungen in der Synthese von sekundären Pflanzeninhaltsstoffen werden oft jedoch nicht bewertet, können aber durchaus ökologische Auswirkungen haben. Sollen Änderungen bewertet werden, ist die Kenntnis der natürlichen Variationsbreite der Stoffe, deren Funktion und Nutzen von Bedeutung.

Die Analyse von volatilen Pflanzeninhaltsstoffen erfolgt häufig mit Hilfe von aufwändigen Versuchen, bei denen die Anzahl von parallelen Messungen stark begrenzt ist. Die Stir Bar Sorptive Extraction (SBSE) Methode wurde für die Spurenanalyse organischer Stoffe in Flüssigkeiten entwickelt und findet breite Anwendung zum Beispiel in der Lebensmittelanalytik. Dabei wird ein mit einer Sorptionsphase beschichtetes Rührstäbchen für Magnetprüher, auch Twister genannt, verwendet. Die sorbierten organischen Substanzen werden thermisch desorbiert und anschließend mit einer GC/MS bestimmt. In letzter Zeit fand diese Methode jedoch auch für Analysen im Gasraum (Head Space) über Flüssigkeiten und fes-

ten pflanzlichen Bestandteilen ihre Anwendung. Vorteil der Methode ist, dass eine Probenaufbereitung wegfällt und sie relativ preisgünstig ist. Daraus entwickelte sich die Idee, diese Methode für Messungen an abgetrennten Blättern von Kartoffelpflanzen anzuwenden. Im Vordergrund der derzeitigen Betrachtungen und Versuche steht zunächst, eine Methode zu entwickeln, die reproduzierbare Ergebnisse zur Darstellung des Spektrums an volatilen Substanzen von Kartoffelsorten liefert. Sie soll schließlich weiterentwickelt werden, um Proben von Freilandpflanzen zu analysieren. Zunächst werden deshalb Parameter untersucht, die von der Methode her einen Einfluss auf die Messergebnisse haben können, wie die Lagerungsdauer der beladenen Twister, die Sorptionsdauer oder Blatt- bzw. Pflanzenalter. Im Anschluss können dann weitere Parameter, von denen angenommen wird, dass sie das Spektrum der volatilen Substanzen beeinflussen, untersucht werden. Wenn mit der Methode sortenbedingte Unterschiede im Spektrum der volatilen Substanzen bei Kartoffelpflanzen dargestellt werden können, wären die Voraussetzungen für die physiologische Charakterisierung von Sorteneigenschaften und für weitere Untersuchungen zu ökologischen Funktionen von Volatilen gegeben.

Virulenzanalyse beim *Cydia pomonella* Granulovirus (CpGV)

D. Schneider, J.A. Jehle

Julius Kühn-Institut, Institut für biologischen Pflanzenschutz
diana.schneider@jki.bund.de

Baculoviren (Familie *Baculoviridae*) gehören zu einer diversen Gruppe insektenspezifischer Viren, die weltweit als Bio-Insektizide eingesetzt werden. Das *Cydia pomonella* Granulosevirus (CpGV) wird allein in Europa auf mehr als 100.000ha zur Kontrolle des Apfelwicklers *Cydia pomonella* eingesetzt. In den Jahren 2002/2003 wurde erstmals von Resistenz gegenüber dem CpGV berichtet, jedoch sind bereits neue CpGV-Isolate identifiziert, welche diese Resistenz weitgehend brechen. Im Projekt zur „Bestimmung molekularer Virulenzfaktoren bei *Cydia*

pomonella Granuloviren (CpGV) mittels Transkriptomanalysen“ wird mit Hilfe der Mikroarray Technologie ein Expressionsprofil erstellt, welches Aufschluss über den noch relativ unbekanntem Infektionsprozess geben soll. Durch quantitative Realtime Analysen wird im Vorfeld der zeitliche Rahmen des Infektionsprozesses in den Geweben im Mitteldarm und Fettkörper eingegrenzt. Ziel ist es durch umfassende Kenntnisse der Genregulation bei Granuloseviren (Betabaculoviren) neue Wege des Resistenz- und Virulenzmanagements zu finden.

Kupfer- und andere Schwermetallverbindungen in Weinbergböden und ihre Auswirkungen auf die Bodenzönose

A.Steindl¹, F. Riepert¹, T. Strumpf²

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, ²Zentrale Versuchsfelder
anna.steindl@jki.bund.de

Seit ca. 120 Jahren werden kupferhaltige Pflanzenschutzmittel in Sonderkulturen gegen pilzliche Erreger wie die Reben- (*Plasmopara viticola*) und Hopfenperonospora (*Pseudoperonospora humili*) eingesetzt. In Sonderkulturen wie Wein und Hopfen und besonders im ökologischen Anbau ist die Verfügbarkeit kupferhaltiger Pflanzenschutzmittel essentiell für die Bekämpfung von Oomyceten. Wurden bis in die 60er Jahre noch bis zu 80 kg Kupfer pro Hektar und Jahr ausgebracht, sind es heute in ökologisch bewirtschafteten Sonderkulturen nur noch 3 – 4 kg Kupfer. Die Zulassungsbehörde befindet sich hinsichtlich der befristeten Zulassung von kupferhaltigen Pflanzenschutzmitteln im Spannungsfeld der Nutzen-Risiko-Abwägung. Insbesondere ökologisch bewirtschaftete Sonderkulturen, wie Wein, Hopfen und Kernobst für die noch keine hinreichend wirksamen Ersatzstoffe gegen diese Schadpilze gefunden wurden, können ohne kupferhaltige Pflanzenschutzmittel nicht wirtschaften. Eine Literaturstudie des JKI zeigt, dass die langfristige Anwendung von Kupfer zu erhöhten Bodengehalten geführt hat, die schädigend auf viele Arten von Bodenorganismen wirken kann. Kupfer akkumuliert im Boden und kann nicht abgebaut werden. Nur ein geringer Teil des Gesamtkupfers im Boden biover-

fugbar. Eine abschließende Bewertung des Problems, sowohl bezogen auf die betroffene Fläche in Deutschland, als auch hinsichtlich des Ausmaßes der Kupfer-Anreicherung und der Schädigung des Bodenlebens, ist auf der derzeitigen Datenbasis nicht möglich. Eine Datenübersicht zu Fragen der Anwendung kupferhaltiger Pflanzenschutzmittel in der Landwirtschaft bildet zugleich die Grundlage für die Erarbeitung einer differenzierten Übersicht über die Höhe der Kupfergesamtgehalte anhand von Felderhebungen in Dauerkulturen wie Wein und Hopfen (chemisches Monitoring). Zur Darstellung längerfristiger Wirkungen und Ableitung kritischer Bodengehalte soll an Standorten unterschiedlich langer Nutzung unter den Aspekten einer repräsentativen Erfassung der Belastungsverteilung eine Erhebung konzipiert werden, die mit der Expositionsermittlung die spätere Erfassung empfindlicher Indikatorarten der jeweiligen Regenwurmzönosen verbindet (biologisches Monitoring). Kupfer und andere Schwermetalle wie Pb, As, Cr, Zn, V sind über Jahre aus verschiedenen Quellen wie Holz- und Pflanzenschutzmitteln oder Metallstickeln in landwirtschaftliche Sonderkulturflächen eingetragen worden. Es ist bisher nicht bekannt, in welchem Ausmaß oben genannte Schwermetalle zu Beeinträch-

tigungen von Regenwurmzönosen in Rebböden führen und wie diese untereinander auf Regenwurmgemeinschaften wirken. Bei ökotoxikologischen Bewertungen wird dieser Aspekt bisher nicht berücksichtigt. Ziel des Projektes ist es, aktuelle Daten zu den Auswirkungen der Schwermetallgehalte in Böden im ökologischen Weinbau auf das Bodenleben zu erarbeiten. Es soll untersucht werden, welche und in welchem Ausmaß

Schwermetalle im Boden bioverfügbar vorliegen und ob diese auf Regenwurmgemeinschaften additive, synergistische oder antagonistische Effekte ausüben. Aufgrund unterschiedlicher Bewirtschaftungshistorien differieren die Schwermetallbodengehalte von Fläche zu Fläche, so dass ökotoxikologische Untersuchungen in Modellsystemen durchgeführt werden müssen.

Sektion 2

Entomologie

Populationsmodell des Maiswurzelbohrers

T. Balschmiter

Julius Kühn-Institut, Institut für Strategien und Folgenabschätzung im Pflanzenschutz

tim.balschmiter@jki.bund.de

As part of a research project between the federal government of Germany and the state governments of Bavaria and Baden-Wuerttemberg about the western corn rootworm (*Diabrotica virgifera virgifera* LeConte) is a model created to show the population dynamics of the western corn rootworm. It is necessary for a realistic description of the abundance to identify and to estimate all important influencing factors affecting the occurrences of this pest. The relationship between these factors and the most important population

dynamic processes is mapped by mathematical and deterministic rules into the simulation model. In the project progression the model needs to be validated and if necessary modified. Moreover, a user interface for operating and control the corn rootworm model will be implemented as user-friendly website. The website is intended for plant protection consultants and farmers. It helps to predict, to identify, and to schedule monitoring dates and pest control dates.

Dust in the Wind – Abdrift insektizidhaltiger Stäube – ein Risiko für Honigbienen (*Apis mellifera* L.)?

P. T. Georgiadis, J. Pistorius, U. Heimbach
Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland
pablo.georgiadis@jki.bund.de

Ende April 2008 führte die Abdrift Neonikotinoid-haltiger Beizstäube von schlecht gebeiztem Maissaatgut bei der Aussaat in der Oberrheinebene/Baden-Württemberg und in Teilen von Bayern zur großflächigen Kontamination von blühenden Bienenweidepflanzen und dadurch zur größten Bienenvergiftung in Deutschland seit 30 Jahren. Die Begründung für den erhöhten Einsatz von Clothianidin in der Saatgutbeizung von Mais lag im regional verstärkten Auftreten des Westlichen Maiswurzelbohrers (*Diabrotica virgifera virgifera* LeConte). Daher werden seit Anfang 2009 innerhalb des Bundesprojekts zur Bekämpfung des Westlichen Maiswurzelbohrers Untersuchungen zu den Auswirkungen von Beizstaubexposition auf Honigbienen und zur Quantifizierung von Rückständen in bienenweidetauglichen Nachbarkulturen durchgeführt.

In praxisnahen Abdriftversuchen 2009 und 2010 wurden durch Erhebung des Totenfalls und der Flugaktivität die Auswirkungen der Beizstaubabdrift auf einzelne Bienen in winddurchlässigen Holzkäfigen (direkte Staubexposition) sowie an ganzen Bienenvölkern in Zelten und im Freiland (indirekte Staubexposition durch kontaminierten Pollen und Nektar) untersucht. Außerdem wurden für die Rückstandsanalytik von beiden Varianten zusätzliche Proben von Pollen- und Nektarsammlern sowie von frisch eingelagertem Nektar und Pollen gezogen und Populationsschät-

zungen der Bienenvölker durchgeführt. Als Nachbarkultur dienten Winterraps bzw. Ackersenf, welche bei der Aussaat von Maissaatgut (Poncho Pro[®] behandelt, Saatgut aus 2008, hohe Staubabriebwerte) bzw. Rapssaatgut (Elado[®] behandelt, mittlere Abriebwerte) bei der Aussaat durch Abdrift mit wirkstoffhaltigen Stäuben kontaminiert wurden. Für die Aussaat von Mais kam eine pneumatische Sämaschine mit Unterdruck bei mindestens 90 % Driftreduktion durch Umrüsttechnik und für Raps eine pneumatische Sämaschine mit Druckluft zum Einsatz. Zusätzlich zu den Halbfreiland- und Freilandversuchen wurden vor der Aussaat auf freigeschnittenen Randflächen der Nachbarkultur Petrischalen in unterschiedlicher Höhe und in konkreten Abständen zum Feldrand der Drillfläche (1, 3, 5, 10 und 20 m) präparierte Petrischalen für Belauftests (mit Zuckerwasser bestrichenes frisches Senfblatt) bzw. für Fütterungstest (mit Honigschicht) aufgestellt. Die in den anschließenden Tests verwendeten Bienen wurden im Labor bis 48 Std. beobachtet und deren Verhalten und Totenfall dokumentiert. Weitere Erkenntnisse über die Wirkung der indirekten Staubexposition auf Bienenvölker in Abhängigkeit der Applikationsmenge an Staub pro Flächeneinheit (T1 = 0,5 g a.i./ha und T2 = 2,0 g a.i./ha Clothianidin) wurden aus zwei Versuchsansätzen in Zelten mit gezielter manueller

Applikation von praxisorientierten Mengen an Maisbeizstaub-Erd-Gemisch verschiedener Korngrößenfraktionen in Rainfarn-Phazalie gewonnen.

Die bisher ausgewerteten Ergebnisse zeigen, dass bei Rapsaussaat über sämtliche Versuchsansätze keine oder nur sehr geringe Auswirkungen auf Bienen und Bienenvölker zu erwarten sind, während bei der Maisaussaat im Freilandversuch 2010 ein Anstieg der Mortalität der Bienen in den Totenfallen festzustellen war.

In den Streuversuchen wurde eine leicht erhöhte Mortalität der Bienen bei einer Applikationsmenge 2,0 g a.i./ha Clothianidin festgestellt, bei der Applikation von 0.5 g a.i./ha waren keine Effekte

erkennbar. Da die Auswertungen derzeit noch nicht vollständig abgeschlossen sind, ist eine abschließende Bewertung der Ergebnisse noch nicht möglich.

Für 2010 - 2011 sind weitere Untersuchungen der Auswirkung von Beizstäuben auf die Populationsentwicklung von Bienenvölkern und potentielle subletale Effekte sowie Tests zu unterschiedlichen Resorptionswegen von Beizstäuben in Bienen und der Bienenbrut bei verschiedenen Korngrößenfraktionen geplant. Zusätzlich soll das Abdriftverhalten von Beizstäuben verschiedener Kulturpflanzen in einem Windkanal ermittelt werden.

Der Asiatische Marienkäfer *Harmonia axyridis* - Schadschwellen bei der Weinbereitung unter Berücksichtigung verschiedener Verarbeitungskonstellationen

S. Kögel, J. Gross, C. Hoffmann

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz im Obst- und Weinbau

susanne.koegel@jki.bund.de

Als Nützling zur biologischen Schädlingsbekämpfung von Blattläusen in Nordamerika und Mitteleuropa eingeführt, breitet sich der Asiatische Marienkäfer immer weiter aus. Seit dem Jahr 2002 werden auch aus Deutschland Massenvermehrungen gemeldet.

Im Jahr 2007 kam es erstmals auch innerhalb von Weinbaugebieten zu massenhaften Vermehrungen des Käfers. Da der Käfer im Herbst Trauben als Nahrung aufnimmt um seinen Zuckergehalt zu erhöhen, stellt er ein Gefahrenpotenzial für den Weinbau dar. Mit der Lese kann er ins Traubengut gelangen und durch die in seinen Hämolymphe enthaltene Schrecksubstanz, den Weingeschmack verderben. Dabei handelt es sich vor allem um 2-Isopropyl-3-Methoxypyrazin. In den USA führten Verunreinigungen des Leseguts durch den Käfer bereits zu großen wirtschaftlichen Schäden, weil sich in Weinen Fehleraromen gebildet hatten.

Im September 2009 konnte erstmals in Deutschland ein starker Befall in den Weinreben auf dem Geilweilerhof in Siebeldingen beobachtet werden. Dort wurden vor allem die ungespritzten, beschädigten Trauben angefliegen und angefressen, nachdem der Käfer zuvor in Obstanlagen an Pfirsichen, Zwetschgen

und Äpfeln gefressen hatte. Auch hier ist eine Rolle als Schädling nicht mehr auszuschließen.

Der Rücklauf einer Fragebogenaktion unter Winzern (n=50) ergab, dass bereits 80% in der Weinbauregion Pfalz, 65% in Franken und 55% an der Mosel *Harmonia axyridis* in ihren Weinbergen gesehen haben und über 50% in der Pfalz, knapp 40% in Franken und 30% an der Mosel davon die Käfer sogar in der Presse mit dem Lesegut gefunden haben.

Dabei spielte es keine Rolle, ob die Käfer per Handlese oder Vollernter gelesen wurden. In beidem Fällen konnte *Harmonia* in der Presse nachgewiesen werden.

Nach ersten Verkostungen käferbelasteter Versuchsweine des Jahrgangs 2009 durch Fachleute, war eine Geruchsbelastung belasteter Weine festzustellen. Hierbei waren insbesondere die stärker mit Käfern dotierten Weine (ab 4 Käfer/Kg Trauben) sensorisch auffällig. Hierbei ist die Tendenz zu erkennen, dass bei Rotwein bei gleicher Käferkonzentration die Pyrazine deutlicher wahrgenommen können (sensorische Schwelle von 50% der Testpersonen bei 1ng/L) als bei Weißwein (sensorische Schwelle bei 2ng/l) und die Weine mit Maischegärung stärker nach

Pyrazinen riechen als die maischeerhitzten Weine.

Weitere Aspekte bei der Weinbereitung stellen der Pressdruck, die Pressdauer und die Entrappung dar. Die Mortalität der Käfer in der Maische und somit die Menge an Hämolymphe im Most steigt bei höherem Pressdruck (ab 3bar) deutlich an, weshalb ein niedrigerer Pressdruck bei Käferbelastung gewählt werden sollte. Aber auch die Pressung nicht abgebeerter Trauben kann die Mortalität senken, da

hier die Käfer mehr Hohlräume finden, in denen sie den Pressvorgang lebend überdauern können. Ein weiterer Faktor bei der Reduktion des Käfertons im Wein, kann in der Dauer des Pressvorgangs gesehen werden. Je länger die Trauben gepresst werden, umso mehr Pyrazine können in den Wein abgegeben werden. Hier sollte eine Risikoabschätzung vorgenommen werden und zwischen Mehrertrag an Most und Belastung des Weins durch Käfer abgewogen werden.

Sektion 3 Züchtung

Entwicklung generativ vermehrbare Hochleistungslinien von Zitronenmelisse (*Melissa officinalis*) durch konventionelle Erzeugung homozygoter Linien als Voraussetzung für Synthetiks oder Hybridsorten

Kittler, J.¹, Kästner, U.¹, Junghanns, W.², Marthe, F.¹, Blüthner, W.D.³

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst, ²Dr. Junghanns GmbH, ³N.L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH Erfurt
johannes.kittler@jki.bund.de

Zitronenmelisse (*Melissa officinalis* L.) ist eine Gewürz- und Arzneipflanze, die schon seit über 2000 Jahren genutzt wird und vor allem wegen ihrer antiviralen, sedativen und spasmolytischen Wirkung auch heute noch pharmazeutisch genutzt wird. Melisse ist aufgrund ihrer mediterranen Herkunft nur bedingt winterhart und wird unter mitteleuropäischen Kulturbedingungen nur vegetativ vermehrt. Innerhalb des Demonstrationsvorhabens Arzneipflanzen „KAMEL“ des Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) und der Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (NFR), sollen in diesem Projekt winterharte, samenvermehrbar und ölreiche Hochleistungssorten von Zitronenmelisse erzeugt werden. Mit Hilfe von konventioneller Linienzucht sollen möglichst homogene, stabile Linien erzeugt werden, wel-

che auch für Hybridzuchtansätze eingesetzt werden können. Die Erzeugung von Hybriden wird vor allem bei erfolgreichen Ergebnissen des Schwesterprojekts „Erzeugung von Doppelhaploiden und Suche nach männlicher Sterilität in Zitronenmelisse (*Melissa officinalis*)“ forciert.

Des Weiteren sollen Nebenprojekte zur Klärung spezifischer Fragestellungen Bestandteil des Projekts werden. Darunter die Bestimmung der Ölverteilung und Ölgehalte während der Ontogenese (mit Hilfe von *in situ*-Hybridisierung), die künstliche Steigerung des Ölgehaltes durch den Einsatz spezifischer und oder regulierbarer Promotoren, Versuche zur Ölerzeugung mit Hilfe von Zellkulturen und heterologer Expression in *Saccharomyces cerevisiae* oder *Escherichia coli* und Untersuchungen zur Auswirkung der Erhöhung der Ploidiestufe.

Charakterisierung der *lox*-Genfamilie in *Malus x domestica* und Entwicklung eines Marker-Systems

J. Vogt

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst
joerg.vogt@jki.bund.de

Die Fruchteigenschaften des Apfels entscheiden beim Konsumenten über den Kauf und sind somit für den Züchter wertvolle Zuchtziele. Bei den chemischen Eigenschaften spielen neben Zucker- und Säuregehalt auch Aromen eine maßgebliche Rolle. Das Aroma eines Apfels setzt sich aus verschiedenen Schlüsselkomponenten, vorwiegend flüchtigen Alkoholen und Estern zusammen. Substrate dafür werden unter anderem durch den Lipxygenase-Stoffwechselweg zur Verfügung gestellt. Das Enzym Lipxygenase

steht in diesem Stoffwechselweg an erster Stelle, vor Hydroperoxyd-Lyase, Alkohol-Dehydrogenase und Alkohol-Acyl-CoA-Transferase.

Die Identifizierung und Charakterisierung der *lox*-Gene klärt über deren Funktion auf und erlaubt die Etablierung eines auf single nucleotide polymorphisms (SNPs) basierenden Systems zur Abschätzung von Aromaeigenschaften ohne auf Früchte angewiesen zu sein.

Etablierung eines neuen Hybridsystems zur Züchtung von Möhren mit spezifischer Anbaueignung unter Trocken- und Salzstressbedingungen in Zentralasien

A. Rode, T. Nothnagel

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst
andrea.rode@jki.bund.de

Betrachtet man die Weltgemüseerzeugung (Statistisches Bundesamt, 2009), so belegt die Möhre (*Daucus carota sativus* Hoffm.) aktuell mit 27.387.000t/a den 7. Platz, mehr als 50 % davon werden in Asien angebaut. Der kommerzielle Möhrenanbau in den entwickelten Ländern nutzt weitgehend F1-Hybridsorten (>90%). Die entwickelten Hybridsorten beruhen alle auf der Bestäubungslenkung durch die cytoplasmatisch männliche Sterilität (cms). Nach intensiver Züchtungsforschung in den 1950-60er Jahren, nutzt die praktische Züchtung heute zwei cms-Systeme - zum einen das „brown anther“ System (cms^{b.a.}) bei dem das sterilitätbedingende Cytoplasma aus verschiedenen Kulturmöhrensorten (*Daucus carota* ssp. *sativus*) selektiert wurde, sowie das „petaloide“ cms-System (cms^{pet}), bei dem das Cytoplasma der Wildform *Daucus carota* ssp. *carota* verwendet wird.

Nach Evaluierung mehrerer Wildformen konnten weitere männlich sterile Pflanzen identifiziert, selektiert und rückgekreuzt werden. Theoretisch stehen damit zwei weitere alloplasmatische cms-Systeme basierend auf dem Cytoplasma *D.c. maritimus* (cms^{mar}) und *D.c. gadecaei* (cms^{gad}) für ein neues Hybridsystem zur

Verfügung. Im Rahmen des AIF-Projektes (Projektbeginn: 07.01.2010) werden zunächst potentielle Hybrideltern, die cms-Linie, Maintainer und Bestäuber vermehrt und evaluiert. Dazu werden blütenbiologische, histologische, agronomische und molekularbiologische Daten erfasst und beurteilt. Dabei spielen die Stabilität der cms-Linien, die allgemeine und die spezifische Kombinationseignung der Kreuzungspartner sowie ihre genetische Distanz eine entscheidende Rolle.

Trocken- und Salzstress sind weltweit wichtige limitierende Faktoren in der Pflanzenproduktion. Von der Bewässerungsfläche des zentralasiatischen Bodens sind bereits mehr als 50 % von Versalzung betroffen. Zur Selektion und Evaluation von trocken- und salzstresstoleranten Genotypen wird eine Methode in der Klimakammer entwickelt. Die gezielte Züchtung einer Möhrenhybride mit verbesserter Trocken- und Salztoleranz kann einen nachhaltigen Beitrag zur Steigerung der Anbaufläche, höhere Ertragsstabilität und eine wesentliche Qualitätsverbesserung des Erntegutes leisten.

Molekulare Verwandtschaftsanalyse von *Gaultheria*-Arten

C. Lehmann, S. Nehrlich, H. Budahn, S. Plaschil

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst
claudia.lehmann@jki.bund.de

Gaultheria procumbens, eine beliebte Herbstpflanze mit rotem Fruchtschmuck, kann massiv vom Pilz *Colletotrichum gloeosporioides* befallen werden. Der Pilzbefall führt zum Auftreten von bräunlich-schwarzen Läsionen an Blättern und Sprossen, zum Absterben von Trieben und Zweigen sowie zur Fruchtfäule. Insbesondere in Jungpflanzenbeständen kann es zu merklichen Ausfällen kommen, da der Erreger auch durch das Saatgut übertragen werden kann. Hieraus resultieren insgesamt drastische Qualitätsminderungen und sehr häufig auch Totalausfälle, die erhebliche Verkaufswertverluste zur Folge haben. Da Pflanzenschutzmittel zur Vermeidung derartiger Schäden nur begrenzt eingesetzt werden können und zukünftig weiter reduziert werden sollen, kommt der Entwicklung von krankheitsresistenten Formen eine besondere Bedeutung zu. Die Etablierung von Resistenz gegen die durch *Colletotrichum* in *Gaultheria* verursachte Mykose hängt dabei wesentlich von der Verfügbarkeit und Nutzungspotenz neuer pflanzen genetischer Ressourcen ab. Nach der Resistenzevaluierung von *Gaultheria*-Arten besteht das Ziel, durch Artkreuzung Resistenz oder Toleranz gegenüber *Colletotrichum gloeosporioides* auf *Gaultheria procumbens* zu übertragen.

Da oft nur Arten mit einer geringen genetischen Distanz miteinander kreuzbar sind, ist eine molekulare Verwandtschaftsanalyse verschiedener *Gaultheria*-Arten hilfreich. Zur Ermittlung der genetischen Distanz von 22 *Gaultheria*-Arten wurde mit einer RAPD-Analyse und 8 Doppelprimerkombinationen gearbeitet. Durch die Gelelektrophorese und die anschließende Silbernitratfärbung konnten markante Banden erzielt werden. Die Softwareprogramme NTSYSpc 2.2 und Treecon 1.3b ermöglichten die Auswertung der Daten und die Erstellung von drei verschiedenen Dendrogrammen, die die genetische Distanz zwischen den Arten zeigen. Übereinstimmungen und Unterschiede der Dendrogramme der drei Auswertungsprogramme wurden geprüft. Daraus resultierten sieben konsistente Gruppen von nah verwandten *Gaultheria*-Arten, die in allen drei Dendrogrammen übereinstimmen. *G. procumbens* zeigte dabei eine sehr enge Verwandtschaft zu *G. pumila*. Diese konsistenten Gruppen wurden mit den Herkunftsgebieten der *Gaultheria*-Arten verglichen. Dabei stammen eng verwandte *Gaultheria*-Arten meist aus ähnlichen geografischen Herkunftsgebieten.

Erhaltung des Wildapfels (*Malus sylvestris*) im Osterzgebirge

S. Reim, M. Höfer

Julius Kühn Institut, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst, Dresden Pillnitz
stefanie.reim@jki.bund.de

Vom März 2007 bis zum April 2011 bearbeitet die Grüne Liga Osterzgebirge e.V. das Projekt zur Erhaltung des Holzapfels, mit dem offiziellen Titel „Erhaltung des Wildapfels (*Malus sylvestris*) unter *in-situ*-Bedingungen im Osterzgebirge“. Das Projekt wird gefördert über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) und wissenschaftlich durch das Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst in Dresden-Pillnitz betreut.

Ziel des Projekts ist die langfristige Erhaltung des einzigen, in Deutschland heimischen Wildapfels an seinem natürlichen Standort („*in-situ*“). Das Osterzgebirge ist eines der wenigen Gebiete in denen der Wildapfel noch in größerer Zahl vorkommt. Trotzdem ist der Wildapfel, der auch als Holzapfel bezeichnet wird, in seiner Existenz gefährdet. Vor allem durch

die Intensivlandwirtschaft werden die Holzapfelbestände dezimiert. Finden die Holzapfelbäume untereinander nicht genügend Befruchtungspartner kommt es zudem zu einer Vermischung mit dem Kulturapfel.

Im Rahmen des Projekts werden daher durch umfangreiche Kartierungsarbeiten und genetische Analysen die ‚echten‘ Holzäpfel erfasst. Ausgewählte Sämlinge dieser echten Holzäpfel werden in zwei Gen-Erhaltungsplantagen in Zusammenarbeit mit dem Staatsbetrieb Sachsenforst gepflanzt. Ferner soll durch die Etablierung einer nachhaltigen Nutzung des Holzapfels, einer intensiven Öffentlichkeitsarbeit über den Holzapfel und der Erstellung eines Managementplans die nachhaltige Sicherung des Wildapfels im Osterzgebirge garantiert werden.

Auftreten von *Plasmodiophora brassicae* als Erreger der Kohlhernie im Winterrapsanbau in Europa sowie Identifizierung, Charakterisierung und molekulare Kartierung neuer Kohlhernieresistenzgene aus genetischen Ressourcen

Wolfgang Lüders¹, Stefan Abel¹, Wolfgang Friedt², Doris Kopahnke³, Frank Ordon³

¹Limagrain GmbH, ²Justus-Liebig-Universität Giessen, ³Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz

wolfgang.lueders@jki.bund.de

Mit einem zunehmenden Rapsanteil in der Fruchtfolge gewinnt der Erreger der Kohlhernie (*Plasmodiophora brassicae*) in Europa an Bedeutung. Der Befall führt im Wurzelbereich zur Ausbildung von knollenartig verdickten Gallen, die zur Zerstörung der Wurzeln und Leitgefäße führen. In jedem Jahr entstehen dadurch massive Schäden im Winterrapsanbau. Das Pathogen ist aufgrund seiner Biologie als obligat biotropher Protist standorttreu und kann nur durch Bodenpartikel verbreitet werden. Der problematische Aspekt ist die Persistenz des Erregers im Boden. Flächen mit starker Kohlhernie-Kontamination werden v.a. in Nord- und Nordostdeutschland sowie in einigen Regionen Frankreichs und Englands mit zunehmender Tendenz nachgewiesen.

Bekämpfungsmöglichkeiten durch Fungizide sind nicht bekannt. Somit ist der Anbau von Winterraps auf kontaminierten Flächen nur möglich, wenn resistente Sorten zum Einsatz kommen. Die gezielte Nutzung der genetischen Variabilität zur Erstellung von resistentem Ausgangsmaterial für die Pflanzenzüchtung stellt gerade in Anbetracht der Tatsache, dass dem praktischen Anbau aktuell nur eine einzige resistente Winterrapssorte zur Verfügung steht, einen für die Landwirtschaft äußerst wichtigen Forschungsansatz dar.

Resistente Genotypen sind in Kohl

(*Brassica oleracea*), Rübsen (*B. rapa*) sowie im Raps (*B. napus*) bekannt. In diesem Projekt sollen Rapssorten und mit dem Raps eng verwandte Steckrübensorten (*B. napus ssp. napobrassica*) als Resistenzdonoren dienen. Die ersten phänotypischen Untersuchungen dienten dazu, diverse Genotypen mit verschiedenen Isolaten zu analysieren. Dabei erwiesen sich einige Rapssorten, wie z.B. TOSCA oder die Steckrübensorte WILHELMSCBURGER, als resistent gegenüber der Mehrheit der getesteten Isolate.

Da Unterschiede in der Virulenz des Erregers je nach Herkunft zwar bekannt sind, aber bisher kaum untersucht wurden, werden zunächst mittels eines Differentialsortiments (European Clubroot Differential Set) unterschiedliche Virulenzen in einem europaweit gesammelten Sortiment identifiziert. Die laufenden Arbeiten geben erste Hinweise darauf, dass je nach Herkunftsregion unterschiedliche Pathotypen gefunden werden.

Aus ausgewählten Resistenzdonoren werden anschließend spaltende Populationen (RILs und DHs) erstellt, die in Gewächshausprüfungen phänotypisiert und mit einem SNP-Marker-Set genotypisiert werden, so dass sie anschließend über entsprechend eng gekoppelte Marker für die moderne Pflanzenzüchtung nutzbar sind.

Feuerbrandresistenz: Identifikation, Klonierung und funktionelle Charakterisierung korrelierender Gene bei *Malus x robusta*

Vogt, I., Wöhner, T., Peil, A., Flachowsky, H., Hanke, M.-V.

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst

Die Pflanzenkrankheit Feuerbrand, welche durch das Enterobakterium *Erwinia amylovora* verursacht wird, stellt ein ernstes Problem für die Apfelproduktion vieler europäischer Staaten dar. Infektionen in den vergangenen Jahren haben zu enormen Ernteeinbußen und zu damit verbundenen Schäden in Millionenhöhe geführt. Eine erfolgreiche und zuverlässige Bekämpfung des Erregers ist bislang nur mit Streptomycinhaltigen Pflanzenschutzmitteln möglich, welche zumindest in Deutschland mit Ausnahmegenehmigung nur stark reglementiert eingesetzt werden dürfen. Ein Ausweg aus dieser Situation wird vor allem in Anbau und Züchtung resistenter Sorten gesehen. Bereits auf dem Markt eingeführte widerstandsfähige Sorten zeigen allerdings auf Grund ihrer oft unzureichenden Fruchtqualität nur einen eingeschränkten kommerziellen Absatz. Eine weitere Möglichkeit bietet die Einführung von Resistenzgenen aus dem Genpool des Apfels in bereits etablierte Sorten wie ‚Golden Delicious‘ oder ‚Braeburn‘. Solch eine cisgene

Apfelpflanze würde ausgezeichnete Fruchtqualität und Resistenz gegenüber Feuerbrand in sich vereinen und eine marktfähige Alternative bieten. Geeignete Resistenzquellen finden sich zum Beispiel in einzelnen Akzessionen von *M. baccata*, *M. fusca* und *M. robusta*. Bisherige Untersuchungen an *Malus robusta* 5 (*Mr5*) konnten ein QTL auf Kopplungsgruppe 3 identifizieren, welches 67-83 % der phänotypischen Varianz erklärt.

Innerhalb des Projektes soll nun mittels „Genome walking“ ein Resistenzgen aus *Mr5* isoliert und anschließend charakterisiert werden. Ein ergänzender Ansatz ist dabei der Nachweis einer möglichen Gen-für-Gen Beziehung zwischen Avirulenz- und Resistenzgenen mit Hilfe des Yeast Two-Hybrid Systems. Ein weiterer Schwerpunkt liegt in der Analyse des Transkriptoms und des Proteoms. Hier sollen Unterschiede zwischen infizierten und nicht infizierten Pflanzen Aufschluss über weitere beteiligte Gene und somit einen Beitrag zur Aufklärung des Resistenz-Mechanismusses liefern.

Sektion 4

Biologischer Pflanzenschutz

Wie der Mensch zum Pflanzenschützer wurde!

A. Scherf

Julius Kühn-Institut, Institut für Biologischen Pflanzenschutz,
andrea.nowak@jki.bund.de

Vor ca. 13 000 Jahren wurde der Mensch sesshaft. Damit ging einher, dass er anfangs Pflanzen zu schützen, die er als Nahrung nutzen wollte. Der Schutz der Pflanzen führte dazu, dass diese domestizierten Arten zu Gunsten des Ertrages einige natürlichen Eigenschutzmaßnahmen verloren, z.B. wurden die Samenschalen dünner, die genetische Vielfalt nahm ab.

Wahrscheinlich sehr viel länger als die Kultivierungsgeschichte von Pflanzen ist die Geschichte der Nutzung von Wildpflanzen durch den Menschen als Medizinalpflanzen.

Erste Hinweise zur Kultivierung der Medizinalpflanzen finden sich in alten babylonischen, ägyptischen und chinesischen Schriften. Bedingt durch das nun sichere Angebot dieser Heilpflanzen war es nur eine Frage der Zeit bis der Mensch anfangs, Pflanzen, die gegen seine Krankheiten halfen, auch gegen Krankheiten seiner Nutzpflanzen einzusetzen.

Der Vortrag spannt einen Bogen von den frühen Anfängen des Pflanzenschutzes bis zu aktuellen Ergebnissen der eigenen Doktorarbeit.

Wirkung von *Aneurinibacillus migulanus* gegen den Falschen Mehltau an der Gurke (*Pseudoperonospora cubensis*)

C. Schuster, A. Schmitt

Julius Kühn-Institut, Institut für Biologischen Pflanzenschutz
christina.schuster@jki.bund.de

Der Mikroorganismus *Aneurinibacillus migulanus* (früher *Brevibacillus brevis*) gehört zu den Firmicutes, welche unter ungünstigen Umweltbedingungen Dauersporen ausbilden können. Dabei produziert *A. migulanus* verschiedene Metabolite. Dazu gehört z. B. das cyclische Decapeptid Gramicidin S, welches an der Sporenoberfläche angelagert ist, sowie ein „Bio-Netzmittel“, das zu einer Verkürzung der Blattnässedauer auf den Blattoberflächen von Pflanzen führt. Die Wirkung des Mikroorganismus gegen den Erreger des Grauschimmels, *Botrytis cinerea*, wurde bereits in anderen Arbeiten nachgewiesen. In eigenen Untersuchungen, welche im Rahmen eines

Projektes aus dem Bundesprogramm „Ökologischer Landbau“ durchgeführt wurden, sollte geprüft werden, ob Flüssigkulturen von *A. migulanus* auch gegen den Erreger des Falschen Mehltaus an der Gurke (*Pseudoperonospora cubensis*) wirken. Dazu wurden Versuche im Klimaraum sowie ein Praxisversuch (2009) durchgeführt. Diese zeigten, dass *A. migulanus* nicht nur gegen Grauschimmel, sondern auch gegen den Falschen Mehltau an der Gurke wirksam ist. Erste Untersuchungen zur Wirkweise der Gesamtkultur, der Sporen mit Gramicidin S sowie des im Überstand befindlichen Bionetzmittels wurden begonnen und sollen vorgestellt werden.

Regulierung von Rapsschädlingen im ökologischen Winterrapsanbau durch den Einsatz naturstofflicher Pflanzenschutzmittel sowie durch den Misanbau mit Rübsen (*Brassica rapa*)

T. Ludwig¹, E. Jansen¹, B. Trost², J. Mayer¹, S. Kühne¹, H. Böhm³

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für Strategien und Folgenabschätzung im Pflanzenschutz, ²Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim e.V., ³Johann Heinrich von Thünen-Institut, Institut für Ökologischen Landbau
tobias.ludwig@jki.bund.de

A mixed cropping system with rapeseed and 10 % turnip rape as trap crop was compared with a single seeded oilseed rape to demonstrate the reduction of infestation by insect pests. Furthermore the application of bio-pesticides like pyrethrum/rape oil (Spruzit[®] Neu), spinosad (SpinTor), SiO₂/sunflower oil and stone powder/water were tested. The oilseed rape showed a higher infestation by stem weevils (*Ceutorhynchus* spp.) in the mixed cropping system compared to

the single seeded system. A reduction of the pollen beetle (*Meligethes aeneus*) on the rapeseed was the result of higher attractiveness of the turnip rape by growth advance. The faster development of turnip rape seems to be the important aspect for a successful pollen beetle regulation. The application of Spruzit[®] Neu and SpinTor against *Ceutorhynchus* spp. had no effect, SpinTor was the only agent caused a reduction of the pollen beetle.

Management von Unkrautdiversität in Winterweizen anhand von selektiven Herbiziden

L. Ulber¹, H. Steinmann², S. Klimek³

¹Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, ²Georg-August-Universität Göttingen, Forschungs- und Studienzentrum Landwirtschaft und Umwelt, ³Johann Heinrich von Thünen-Institut, Institut für Biodiversität
lena.ulber@jki.bund.de

Unkräutern auf landwirtschaftlichen Nutzflächen reduzieren einerseits die Qualität und Quantität des Erntegutes, können aber andererseits auch Ressourcen und Habitat für nützliche Arten höherer trophischer Ebenen bereitstellen und somit z.B. zur biologischen Schädlingsbekämpfung beitragen. Allerdings unterscheiden sich verschiedene Unkrautarten deutlich sowohl in ihrer Nützlichkeit für höhere trophische Ebenen als auch in ihrer Konkurrenzkraft gegenüber den Kulturpflanzen. Um die ökologischen Leistungen ‚nützlicher‘ Unkrautarten zu fördern, können selektive Herbizide eingesetzt werden. Diese Herbizide mit einer reduzierten Wirkungsbreite gegenüber Unkrautarten könne einerseits wünschenswerte, weniger konkurrenzstarke Unkrautarten sowie seltene Arten begünstigen und andererseits konkurrenzstarke, unerwünschte Arten bekämpfen.

In Feldversuchen in Winterweizen wurde die Wirkung verschiedener selektiver Herbizide in unterschiedlichen Aufwandmengen getestet. Dabei konzentrierten sich die Versuche auf die Erhaltung der seltenen Art *Centaurea cyanus* und *Papaver rhoeas* als eine Art mit hoher Nützlichkeit für assoziierte höhere Taxa

sowie auf die Bekämpfung der konkurrenzstarken Art *Galium aparine*. Es wurden die Auswirkungen der Herbizidbehandlungen auf die Unkrautdeckung der untersuchten Arten, die Gesamtartenzahl, den Winterweizenertrag sowie die Zusammensetzung der Unkrautpopulationen untersucht. Die Herbizide mit den Wirkstoffen Fluroxypyr und Amidosulfuron + Iodosulfuron stellten sich als die geeignetsten Mittel zur selektiven Erhaltung nützlicher Arten bei gleichzeitiger Bekämpfung konkurrenzstarker Arten heraus. Multivariate Untersuchungen der Populationszusammensetzung anhand von Principal Response Curves (PRC) zeigten zudem, dass die Herbizidbehandlungen unterschiedliche Auswirkungen auf die Artenzusammensetzung aufwiesen.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass selektive Herbizide eingesetzt werden können um seltene oder nützliche Unkrautarten zu erhalten und konkurrenzstarke Arten zu bekämpfen. Allerdings sollte die jeweilige Behandlung situationspezifisch an die vorhandenen Unkrautarten angepasst werden um eine erhöhtes Aufkommen von konkurrenzstarken Arten zu vermeiden.

454 Sequenzierung: Ein solides Verfahren zur vergleichenden Genomanalyse von Baculoviren

J. T. Wennmann,
Julius Kühn-Institut, Institut für Biologischen Pflanzenschutz,
joerg.wennmann@jki.bund.de

Sequenzierungsverfahren der neuen Generation zeichnen sich durch einen hohen Durchsatz und einen parallelen Sequenzierungsprozess aus. In kurzer Zeit lassen sich so kostengünstig auch mehrere vollständige Genome gleichzeitig sequenzieren. Heute ist bereits eine Vielzahl von Baculovirengenome sequenziert, die einen tiefen Einblick in den molekularen Aufbau dieser bereits als Pflanzenschutzmittel eingesetzten Viren erlauben. Vergleichende Genomanalysen von Baculoviren haben am Beispiel verschiedener *Cydia pomonella* Granulovirus (CpGV) Isolate gezeigt, welche molekularbiologischen Faktoren für die Resistenzüberwindung beim

Apfelwickler verantwortlich sind. Es zeigte sich, dass im Zuge eines nachhaltigen Resistenzmanagements sich die Kombination verschiedener Isolate als vorteilhaft erweist. Zur Bekämpfung von Eulenraupen (*Agrotis sp.*) mittels Baculoviren kommen bis heute drei verschiedene Nucleopolyhedroviren (NPV) und ein Granulovirus (GV) in Frage, die aus *A. segetum* und *A. ipsilon* isoliert wurden: AgseNPV-A, AgseNPV-B, AgipNPV und AgseGV. Die Identifikation genetischer Unterschiede und die molekularbiologische Charakterisierung der unterschiedlichen Isolate werden als Schlüssel für eine nachhaltige biologische Bekämpfung erachtet.

Sektion 5

Molekulare Marker

Entwicklung und Anwendung molekularer und informatorischer Werkzeuge für das genetische Monitoring bei Wildrüben (*Beta* sp., *Patellifolia* sp.)

M. Enders^{1,2}, L. Frese¹ und M. Nachtigall¹

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für Züchtungsforschung an landw. Kulturen mit Versuchsstation zur Kartoffelforschung, ²Martin Luther Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik
matthiasenders@gmail.com

Die zum Genpool (Harlan und de Wet 1971) einer Kulturart zugehörigen Wildarten werden als Crop Wild Relatives (CWR) bezeichnet. Sie sind eine wirtschaftlich bedeutende pflanzengenetische Ressource (PGR) für die Pflanzenzüchtung (Maxted et al. 2008). Ein Verfahren zur Erhaltung von PGR am natürlichen Standort (*in situ*) stellt die Einrichtung sog. „genetic reserve“ dar (Maxted et al. 1997). Dieser Ansatz sichert vorhandene innerartliche Diversität, ermöglicht im Gegensatz zu *ex situ* Verfahren aber die Entstehung neuartiger genetischer Variabilität. Bei der Entwicklung des Verfahrens sind die bislang nicht sicher vorhersehbaren Auswirkungen des Klimawandels, die damit verbundenen Veränderungen der Lebensräume sowie daraus resultierender Prozesse wie genetische Erosion und Migration zu berücksichtigen. Das Konzept des „Genetischen Schutz-areals“ wird im Rahmen des JKI koordinierten EU Projektes „AEGRO“ u.a. an der Gattung *Beta* praxisnah getestet. *Beta patula* (Ait.) und *Beta vulgaris* (L.) ssp. *maritima* (Arcang.) dienen dabei als Modellarten. Beide Arten sind wichtige Ressourcen der Zuckerrübenzüchtung (Skaracis, 2005) und verfügen über sehr unterschiedliche

Verbreitungsareale. *Beta patula* ist selten, gefährdet und besitzt ein kleines

Verbreitungsareal. Diese Kriterien sprechen für die Einrichtung eines genetischen Schutzareals auf der Schäre „Ilheu do Desembarcadouro“ (Pinheiro de Carvalho et al. 2010). *B. vulgaris* ssp. *maritima* kommt hingegen entlang der Atlantikküste Westeuropas häufig vor. Diese Unterart scheint sich seit ca. 150 Jahren entlang der Ostseeküsten auszubreiten (Drießen, 2003). Seit 2004 ist sie auch auf einer russischen Insel südlich von Finnland anzutreffen (Glazkova, 2006). Die Unterart „*maritima*“ ist deshalb zur Untersuchung von Folgen der Migration auf die innerartliche Diversität geeignet.

Beide Fragestellungen erfordern eine Analyse der geographischen Strukturen genetischer Diversität. Hierfür wurden von *B. patula* auf zwei Schären nahe Madeira (Portugal) auf sieben Teilflächen und für *Beta vulgaris* ssp. *maritima* an sieben Orten im westlichen Ostseeraum Einzelpflanzenblattproben gesammelt und die genetische Variabilität des Materials mit 25 SSR-Markern (Simple Sequence Repeat) analysiert.

Um die während eines genetischen Monitorings anfallenden Feld – und Labordaten speichern und für die spätere Verrechnung aufbereiten zu können, wurde eine Datenbank entwickelt. Zur

statistischen Analyse der genetischen Diversität beider Materialgruppen wurden u.a. die Anwendungen „Darwin“ (Gonnet et al. 2000), „Phylip“ (Felsenstein 1989) und „SAS“ (Anonym 2002) genutzt. Als Schnittstelle zwischen Datenbank und Auswertesoftware wurden VBA (Visual Basic for Applications) basierte Module entwickelt. Auf der Grundlage der Diversi-

tätsanalysen werden Empfehlungen für den Aufbau und das Management eines genetischen Schutzareals für *B. patula* diskutiert. Für *Beta vulgaris ssp. maritima* wurde eine Datenbasis für weiterführende Untersuchungen zur zeitlichen und räumlichen Veränderung genetischer Diversität geschaffen.

Etablierung einer Methode zur Phänotypisierung der Resistenz gegen die Schwarzfäule (*Guignardia bidwellii*) in der Weinrebe

F. Rex, L. Hausmann, R. Töpfer
Julius Kühn-Institut, Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
friederike.rex@jki.bund.de

Der Erreger der Schwarzfäule *Guignardia bidwellii* wurde im 19. Jahrhundert aus Nordamerika nach Europa eingeschleppt. Seit 2002 wird der Ascomycet vermehrt in deutschen Weinanbaugebieten beobachtet und führt gebietsweise zu erheblicher Ertragsminderung. Dies gibt Anlass, in Zukunft Reben zu züchten, die Resistenzen gegen die Schwarzfäule aufweisen. Für die Züchtung ist eine Methode erforderlich, um eine große Anzahl an Reben schnell und zuverlässig bezüglich ihrer Resistenz gegen die Schwarzfäule zu charakterisieren. Vorgestellt wird das Pathogen und verschiedene Verfahren der Phänotypi-

sierung der Resistenz in der Rebe. Gezeigt wird, welche Parameter bei der Bonitur festgehalten werden können, sowie ob Ergebnisse reproduzierbar und vergleichbar sind, wenn sich Umweltbedingungen ändern. Die Bonituren sind darauf ausgerichtet, Daten zu erheben, die für QTL-Analysen (quantitative trait loci) verwendbar sind. Letzendlich werden molekulare Marker entwickelt, die eng mit dem Merkmal Schwarzfäuleresistenz gekoppelt sind und daher in der Züchtung zur Frühselektion von Reben verwendet werden können.

Genetische Identifizierung der auf die asiatische Wildrebe *Vitis amurensis* zurückgehende Resistenz gegenüber dem Falschen Mehltau (*Plasmopara viticola*) und deren Nutzung in der Züchtung

F. C. Schwander^{1,2}, R. Eibach¹ und R. Töpfer¹

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für Rebenzüchtung, ²Karlsruher Institut für Technologie
florian.schwander@jki.bund.de

Für die Züchtung von Rebsorten mit einer hohen und dauerhaften Resistenz ist die Kombination (Pyramidisierung) verschiedener Resistenzmechanismen in einer neuen Sorte anzustreben. Eine neue und weitere Resistenzquelle ist die aus der asiatischen Wildrebe *Vitis amurensis* stammende Resistenz gegenüber dem Falschen Mehltau (*Plasmopara viticola*), die im Rahmen dieses Forschungsprojektes, im Genom lokalisiert und näher charakterisiert werden soll.

In der bearbeiteten Kreuzungspopulation Gf.Ga-52-42 x 'Solaris' konnten Genotypen mit Resistenzpyramidisierung identifiziert werden. Der am Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof entwickelte Zuchtstamm Gf.Ga-52-42 ('Bacchus' x 'Villard blanc') trägt die aus

Untersuchungen an 'Regent' bekannte auf amerikanische Wildarten zurückgehende *Plasmopara*-Resistenz, während sich der asiatische Resistenzträger bei 'Solaris' im Stammbaum befindet. Anhand der Nachkommenschaft wurde mit SSR-Markern eine genetische Karte erstellt und die Widerstandsfähigkeit der Individuen durch Blattscheibentests ermittelt. Anschließende Berechnungen ermöglichen die Lokalisierung merkmalsrelevanter Bereiche (QTL: quantitative trait loci).

Mit dem Resistenzlocus korrelierende molekulare Marker erlauben eine effiziente und beschleunigte Züchtung durch die gezielte Auswahl geeigneter Kreuzungs-eltern, die Anwendung in der markergestützten Selektion und den Nachweis pyramidierter Resistenzen.

Entwicklung und Kartierung genbasierter Marker bei Roggen

E. Lornsen, P. Wehling, und B. Hackauf

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landw. Kulturen mit Versuchsstation zur Kartoffelforschung

Roggen (*Secale cereale* L.) ist als nachwachsender Rohstoff für die Energiegewinnung etabliert. In Folge seiner ausgeprägten Toleranz gegenüber Krankheiten und abiotischen Stressfaktoren erzielt Roggen auch auf solchen Standorten stabile Erträge, die für die Produktion anderer Energiepflanzen wie Mais, Weizen oder Zuckerrüben ungeeignet sind. Obwohl einige ertragsrelevante Prozesse durch einzelne Majorgene gesteuert werden, folgen die meisten Merkmale, die einen Einfluss auf den Ertrag besitzen, einem komplexen, quantitativen Erbgang.

Die Grundlage für die Identifizierung von Genombereichen (*Quantitative Trait Loci*, QTL) mit Effekten auf die Ausprägung quantitativer Merkmale wie beispielsweise Biomasseertrag liefert die QTL-Kartierung mittels molekularer Marker. Insbesondere im Hinblick auf komplex vererbte Merkmale versprechen molekulare Marker eine schnellere und effizientere Entwicklung von Sorten, als dies durch eine rein phänotypische Selektion möglich wäre. Für den Roggen liegen bislang jedoch noch keine ausreichenden Kenntnisse über Genombereiche vor, auf denen ertragsrelevante QTL lokalisiert sind.

In der vorgestellten Studie soll daher das Roggengenom in zwei umfassenden umfassenden Kartierungsfamilien, die für

agronomisch relevante Merkmale spalten, mit Hilfe molekularer Marker charakterisiert werden. Für die Kartierung werden zunächst die für Roggen verfügbaren Mikrosatelliten-Marker eingesetzt sowie Kartierungsfamilien, die für agronomisch relevante Merkmale spalten, mit Hilfe molekularer Marker charakterisiert neue, genbasierte Marker entwickelt. Für die Entwicklung genbasierter Marker wird der Erkenntnisgewinn aus der grundlagenorientierten Forschung an Modellgenomen über Gene genutzt, welche ertragsrelevante Parameter kontrollieren. Eine erste Projektion ihrer Position im Roggengenom ist durch In-silico-Kartierung der Kandidatengensequenzen im Reisgenom und der kürzlich erarbeiteten Genombeziehungen zwischen Reis und Roggen möglich. Für die Darstellung der Kandidatengene ist ein Protokoll zur Direktsequenzierung subgenomischer Fragmente aus den Elternlinien der Kartierungspopulation und weiterer Inzuchtlinien etabliert worden. Neben der Validierung der Zielsequenzen liefert die Sequenzanalyse Informationen über Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNP) zwischen den Elternlinien, die für Kartierungszwecke genutzt werden sollen. Die im Rahmen dieses Projektes erstellten genetischen Karten werden die Grundlage für die erste, umfassende QTL-Analyse bei Winterroggen bilden.

Analyse von Promotoren pathogeninduzierbarer Gene der Weinrebe

T. Moser¹, J. Bogs² und E. Zyprian¹

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für Rebenzüchtung; ²Dienstleistungszentrum ländlicher Raum Rheinpfalz, Studiengang Weinbau und Oenologie
tina.moser@jki.bund.de

Der Echte und der Falsche Mehltau (*Erysiphe necator* und *Plasmopara viticola*) sind Schaderreger, die sich seit ihrer Einschleppung im 19. Jahrhundert aus Amerika in den Weinanbaugebieten Europas ausgebreitet haben. Daher sind seitdem erhebliche Fungizidbehandlungen unerlässlich, welche Kosten verursachen und die Umwelt belasten. Diese Maßnahmen sollen durch die Züchtung resistenter Rebsorten reduziert werden. Um die Züchtung zu erleichtern, ist es von Vorteil den genauen Mechanismus der Pathogenabwehr zu kennen. Molekulare Marker aus Merkmals-gekoppelten Genen können dann zur Selektion auf genetischer Ebene in der Züchtung ergänzt werden. Aus diesem Grund wurden in vorherge-

henden Arbeiten die Promotoren verschiedener Kandidatengene der Pilzresistenz-eigenschaft sequenziert. Diese wurden dann mit Hilfe verschiedener Datenbanken auf regulative Elemente untersucht, anschließend verlängert und amplifiziert. Die Promotoren sollen für die Analyse der transkriptionellen Regulation in transiente Expressionssysteme mit Hilfe von Reporterfusionen kloniert werden. Des Weiteren soll eine funktionelle Charakterisierung der Kandidatengene durchgeführt werden. Dieses Projekt wird in Kooperation mit Dr. Jochen Bogs und der Universität Heidelberg durchgeführt und ist von der Deutschen Forschungsgemeinschaft gefördert (DFG Zy11/8).

Sektion 6

Tierische Schaderreger

Die Bedeutung sekundärer Pflanzenstoffe bei der Vergrämung von Wühlmäusen

D. Fischer¹, A. Prokop², J. Jacob¹, M. Wink³ und H. Mattes⁴

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst; ²W. Neudorff GmbH KG; ³Universität Heidelberg, Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie; Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Institut für Landschaftsökologie
daniela.fischer@jki.bund.de

Wühlmäuse, insbesondere Schermäuse (*Arvicola spec.*), und Feldmäuse (*Microtus arvalis*), sind seit jeher als Schädner bekannt. Sie befallen landwirtschaftlich und kleingärtnerisch genutzte Flächen und verursachen dort mitunter beträchtliche Pflanzenschäden.

Herkömmliche Bekämpfungsmethoden wie Rodentizide und Schlagfallen können zwar Schäden durch Wühlmäuse minimieren, stellen aber auch Risiken für Nichtzielorganismen dar. Bislang auf dem Markt vertriebene Vergrämungsmittel und -geräte, der Anbau bestimmter Pflanzenarten, das Einbringen von bodenlosen Flaschen und die Anwendung anderer „Hausmittel“ brachten hingegen bislang nicht den erwünschten Erfolg.

Deshalb wurde von 2007 bis 2010 in einem Gemeinschaftsprojekt der Firma Neudorff GmbH KG und des Julius Kühn-Instituts an der Entwicklung eines nachhaltigen Pflanzenschutzverfahrens zur Abwehr von Wühlmäusen gearbeitet. Im Fokus stand die Abwehr und Vertreibung der Wühlmaus von Kulturflächen durch Repellentien auf Basis sekundärer Pflanzenstoffe. Dabei wurde darauf geachtet, dass das fertige Produkt anwenderfreundlich, umweltschonend und toxikologisch

unbedenklich ist. Zudem sollten die Pflanzenstoffe problemlos erhältlich und kostengünstig sein. Im Projekt wurden die Wühlmäuse mit verschiedenen sekundären Pflanzenstoffen konfrontiert, die unter anderem geruchlich vergrämend auf die Wühlmäuse wirken sollten.

Dazu konnten die Schermäuse in einem T-Labyrinth zwischen einer mit einem Pflanzenstoff „bedufteten“ Testbox und einer „unbedufteten“ Kontrollbox wählen. Die Substanzen galten als repellent, wenn die Testbox gemieden wurde. In dieser Versuchsreihe wurden vier pflanzliche Stoffe gefunden, die vergrämend wirkten. Sie gehören zu den Pflanzenfamilien Piperaceae (Mann-Whitney-U-Test, $p=0,005$), Rutaceae ($p=0,006$), Geraniaceae ($p=0,046$) und Amaryllidaceae ($p=0,046$). Diese Stoffe wurden anschließend in Kombination getestet, jedoch ohne einen gesteigerten Vergrämungseffekt festzustellen.

Die Wirkung der zwei effektivsten Pflanzenstoffe (Piperaceae und Rutaceae) werden derzeit an Schermäusen und Feldmäusen in Gehege- und Freilandversuchen überprüft. Die Stoffe werden dabei als Schaum oder Spray in die Gänge der Wühlmaus appliziert.

Ausbreitungsdynamik von Feldmäusen in Agro-Ökosystemen

A. Leukers und J. Jacob

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst
angela.leukers@jki.bund.de

Feldmäuse (*Microtus arvalis*) können sich von Refugien (z.B. Ackerrandstreifen) auf Ackerflächen ausbreiten und dadurch vor allem bei Massenvermehrungen signifikante Ernteverluste in Land- und Forstwirtschaft verursachen. Die Regulierung von Nagetierpopulationen erfolgt meist durch chemische Rodentizide, die ein Risiko für Nicht-Zielarten sein können. Alternativen zur Anwendung von Rodentiziden können mit Naturschutzinteressen kollidieren, wie z.B. kurze Vegetation an Ackerrändern oder tiefgründige Bodenbearbeitung. Gelingt es, die Feldmäuse rechtzeitig an der Ausbreitung zu hindern, könnten sich Gegenmaßnahmen räumlich und zeitlich gezielt auf sehr kleine Areale (Refugien, Grenzflächen) beschränken, massiver Befall und resultierende Pflanzenschäden könnten verringert werden. Gleichzeitig würde die Aufrechterhaltung kleiner, von Mäusen besiedelten Rückzugsflächen der Nahrungsversorgung einer Vielzahl von Beutegreifern dienen. Fundierte Kenntnisse der dem Dispersionsdruck zugrunde liegenden Prozesse sind eine wichtige Voraussetzung für das Verständnis der Ausbreitungsdynamik und für die Entwicklung gezielter und umweltschonender Gegenmaßnahmen. In diesem

von der Deutschen Bundesstiftung Umwelt geförderten Projekt sollen die Ausbreitungsmuster der Feldmäuse vom Refugium auf den Acker erforscht und geeignete nachhaltige Management-Methoden abgeleitet werden.

Auf Versuchsflächen in Sachsen-Anhalt wird deshalb untersucht, welche Umweltfaktoren den Dispersionsdruck beeinflussen und nach welchem Verteilungsmuster die Ausbreitung auf dem Acker erfolgt. Als experimentelles, reproduzierbares Untersuchungsdesign dienen Grünlandflächen um Windkraftanlagen, von denen aus angrenzende Ackerflächen von Feldmäusen besiedelt werden. Seit Oktober 2009 werden monatlich mittels Fang-Wiederfang-Serien Populationsentwicklung und Dispersionsdruck von den Refugien auf den Acker gemessen. Durch die Auswertung von Luftbildern soll das Verteilungsmuster der Population auf dem Acker analysiert werden. Ergänzend wird Radio-Telemetrie eingesetzt, um die Ausbreitungsdynamik für Individuen zu untersuchen. Im Vortrag werden aktuelle Resultate aus den Fang-Wiederfang-Serien und der Telemetriearbeit vorgestellt.

Zusammenhang zwischen Nahrungsverfügbarkeit, Klima, Habitat und Abundanz von Waldnagern

K. Kühn^{1,2}, J. Jacob¹, H. Mattes², D. Reil¹ und C. Imholt¹

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, AG Wirbeltierforschung; ²Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Institut für Landschaftsökologie
katarina.kuehn@uni-muenster.de

Hohe Abundanzen von Waldnagern sind oft mit Mastjahren von Forstbäumen korreliert. Mastjahre sind Jahre, in denen Waldbäume eine außergewöhnliche starke Blüte und Fruchtbildung zeigen. Lange Perioden mit hoher Sonnenscheindauer und geringe Niederschläge im vorangegangenen Frühjahr können die Fruktifikation fördern.

Um auf eine Korrelation zwischen Nahrungsverfügbarkeit und Abundanz von Rötel- und Waldmäusen zu testen, werden in verschiedenen Bundesländern Zeitserien zur Abundanz von Waldnagern, Mastjahren und Wetterdaten (Lufttemperatur, Sonnenscheindauer und Niederschlagsmenge) aus dem Zeitraum 1999-2009 genutzt und zusätzlich aktuelle Lebendfänge (2009/2010) einbezogen.

Lebendfänge erfolgen in 3 Wäldern in NRW, THR, BW und MVP. Neben den Lebendfängen im Frühjahr, Sommer und Herbst 2010 wird die Habitatstruktur ergänzend erfasst. Dazu werden Bodenbedeckung [%], Höhe der Bodenbedeckung [cm], Deckung der Strauchschicht [%], sowie die Anzahl der Bäume und Sträucher in der befangenen Fläche aufgenommen.

Erste Lebendfänge im April 2010 zeigten auffallend hohe Abundanzen von Rötelmäusen in NRW (78 ± 12 Individuen/ha), THR (99 ± 51 Individuen/ha) aber nicht in BW (46 ± 38 Individuen/ha) und MVP (25 ± 18 Individuen/ha). Die Ergebnisse weiterer Fänge in 2010 und der Analyse der Zeitserien werden präsentiert.

Population development of beet cyst nematodes and their damage potential to sugar beets under different temperature regimes

B. Vandenbossche^{1,2}, B. Niere¹ und S. Vidal²

Julius Kühn-Institut, ¹Institut für nationale und internationale Angelegenheiten der Pflanzengesundheit; ²Georg-August Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Agrarentomologie
bart.vandenbossche@jki.bund.de

Heterodera schachtii, the white beet cyst nematode, is considered as one of the most important nematode pests on sugar beet and is present in most sugar-beet growing areas. The yellow beet cyst nematode, *Heterodera betae*, is less prevalent but has also been found damaging beet crops. However, knowledge about the damage potential and population dynamics of the yellow beet cyst nematode is limited. The amount of damage inflicted by nematodes is dependent on different factors. An important factor influencing the sugar beet yield decline by beet cyst nematodes is the soil temperature. Relationships between soil temperature, *H. schachtii* population densities and sugar beet yields

have been reported previously. Until present, most studies have been conducted under constant temperatures. Since several studies have demonstrated that the population dynamics of many species are sensitive to small differences in temperature (1-4°C), we subjected in our pot experiment sugar beet plants (cultivar Monza) to 2 gradually increasing temperature regimes in separate climate chambers. Temperatures in the two climate chambers were increased from 8°C to 22°C and 12°C to 26°C, respectively. Results on the influence of soil temperature on the *Heterodera schachtii* and *Heterodera betae* population densities and sugar beet growth parameters are presented.

