

17-8 - Ralfs, J.-P.¹⁾; Kaul, P.²⁾; Gebauer, S.²⁾; Moll, E.²⁾; Dröge, K.²⁾

¹⁾ Landwirtschaftskammer Niedersachsen; ²⁾ Julius Kühn-Institut

Anpassung der Pflanzenschutzmittel-Aufwandmenge an die Laubdichte von Apfelbäumen – Methodischer Ansatz zur vereinfachten gerätespezifischen Handhabung im Obstbaubetrieb

Pflanzenschutzmittel-Aufwandmengen für Apfelanlagen werden in Hektar und Meter Kronenhöhe dosiert. Unterschiede in der Laubdichte bei gleich hohen Apfelbäumen werden dabei nicht berücksichtigt. Apfelanlagen weisen bei gleicher Kronenhöhe unterschiedliche Laubdichten auf. Dieses ist zu einem auf den Blattzuwachs und zum anderen auf Faktoren wie Sortenunterschiede, Standortbedingungen, Gesundheitszustand der Bäume sowie die Kulturführung zurückzuführen.

Höhere Laubdichten bei Apfelbäumen sind aufgrund der größeren Blattfilterfläche schlechter mit Spritzflüssigkeit zu durchdringen als Bäume mit geringerer Laubdichte. Die Durchdringung hängt zum einen von der Laubwanddichte und -breite eines Bestandes ab und zum anderen von den technischen Parametern des verwendeten Sprühgerätes. Das Einbeziehen der Durchdringbarkeit eines Baumbestandes eröffnet die Möglichkeit das herkömmliche Verfahren zur Berechnung der Aufwandmengen zu erweitern, indem eine Anpassung an die Laubdichte unter Berücksichtigung der eingesetzten Gerätetechnik erfolgt.

Die Grundlage für die Anpassung der Pflanzenschutzmittel-Aufwandmenge stellt ein regressionsanalytisches Modell dar, das die Laubwanddichte, die Laubwandbreite, die Geschwindigkeit des Trägerluftstroms am Gebläsauslass und den MVD (mittlere voluminöser Durchmesser) als entscheidende Faktoren des Durchdringungsverhaltens der Tropfen in einem Baumbestand beschreibt. Das Ergebnis ist eine Reduzierung des Sollaufwandes der Pflanzenschutzmittelmengen in %. Grundlage für den methodischen Ansatz ist die visuelle Erfassung der Laubdichten. Dafür wurde ein Katalog mit Schattenbildern von Apfelbäumen an der Niederelbe erstellt, der eine Klassifizierung hinsichtlich der Laubdichte aller Kernobstanlagen auf schwachwüchsiger Unterlage zulässt.

Die Laubdichteeinteilung erfolgt nach drei BBCH Entwicklungsstadien von BBCH 0 bis BBCH 90, denen acht unterschiedliche Baumtypen mit einer geringen Laubdichte von mindestens 5 % bis zu einer maximalen Laubdichte von 100 % zugeordnet werden. Die Laubdichte wird in drei Kategorien unterteilt; die Laubdichte in Stammnähe, die maximal vorkommende Laubdichte sowie die mittlere Laubdichte zwischen zwei Bäumen.

Die einzelnen Bilder zeigen die projizierte Schattenfläche von zwei bis vier Bäumen in einer Reihe. Mit einer Einteilung von insgesamt 24 Laubdichten ist eine ausreichende Auflösung und damit eine möglichst genaue Zuordnung der vorhandenen Obstplantagen möglich. In Abhängigkeit der im Obstbaubetrieb verwendeten Pflanzenschutztechnik variieren die gerätespezifischen Parameter – „mittlere Luftgeschwindigkeit am Auslass“, „mittlere Tropfengröße“ (MVD) und „Winkel der oberen Düse zur Horizontalen“. Im Obstbau kommen Sprühgeräte mit unterschiedlichen Gebläsetypen zum Einsatz. Tangential-Querstromgebläse erzeugen geringere Luftgeschwindigkeiten als Radialgebläse. Bei der Applikation in sehr dichten Beständen mit Geräten, die sehr hohe Luftgeschwindigkeiten erzeugen, reduziert sich die Aufwandmenge aufgrund der besseren Durchdringung. Über die Wahl der Düsen wird der MVD bestimmt. Je größer der Tropfen, desto kleiner ist der Sollaufwand des Pflanzenschutzmittelmengen. Der Winkel der oberen Düse zur horizontalen beschreibt die Richtung der Sprühwolke. Ist der Winkel negativ, ist die Richtung zentrisch. Bei positivem Winkel spritzt das Gerät exzentrisch. Die exzentrische Richtung bedingt höhere Pflanzenschutzmittelmengen. Die Verrechnung der Geräte- und anlagenspezifischen Parameter führt im Ergebnis zu einer betriebsindividuellen Baumtypengalerie, aus der die mögliche Reduzierung der Pflanzenschutzmittel-Aufwandmenge für jede Apfelanlage abgelesen werden kann.

Sektion 18 – Resistenzzüchtung / Widerstandsfähigkeit gegen Schadorganismen

18-1 - Knüfer, J.; Olbrich, A.; Hoppert, M.; Koopmann, B.; Von Tiedemann, A.
Georg-August-Universität Göttingen

Histologische Untersuchungen zur *Verticillium*-Resistenz in Raps

Histological investigations of *Verticillium* resistance in oilseed rape

Verticillium longisporum, der Erreger der krankhaften Abreife an Raps, erlangt durch den verstärkten Rapsanbau der letzten Jahre immer mehr an Bedeutung. Dies kann auf eine Anreicherung der Überdauerungsorgane (Mikrosklerotien) des Pilzes im Boden und auf eine langjährige Kontamination des Bodens zurückgeführt werden.

Mikrosklerotien keimen aus und penetrieren mit Hyphen die Rhizodermis, durchdringen den Wurzelcortex intra- und interzellulär und treten in das Gefäßsystem der Pflanze ein, wo eine systemische Verbreitung im Zentralzylinder der Wurzeln und den Gefäßbündeln des Sprosses stattfindet. Mit beginnender Seneszenz der Pflanze bricht der Pilz aus dem Xylem aus und bildet subepidermal und im Stängelmark Mikrosklerotien, die mit Pflanzenresten in den Boden gelangen.

Ziel der hier vorgestellten Arbeiten ist es, anhand von Gewächshaus- und Feldversuchen gegen *V. longisporum*, resistente Hoch-Ölsäure-Linien zu identifizieren und die der Resistenz zugrunde liegenden Mechanismen näher zu beschreiben. Hierfür wurden mittels Transmissionselektronenmikroskopie die bei einer systemischen Besiedlung auftretenden Gefäßverschlüsse wie Thyllen und Gele sowie Ligninauflagerungen untersucht. Mittels Wurzel-tauchinokulation wurde je eine resistente sowie eine anfällige Winterrapslinie mit Konidien suspension von *V. longisporum* infiziert und im Hypokotylbereich histologisch untersucht. Parallel dazu wurde die Verbreitung des Pathogens mit quantitativer PCR ermittelt. So konnte in der anfälligen Linie im Zeitraum von 14 bis 35 Tagen nach der Inokulation eine deutlich erhöhte Menge an Pilzbiomasse in Hypokotyl und Spross nachgewiesen werden. In den elektronenmikroskopischen Studien wurden grundlegende pathologische Veränderungen im Hypokotylgewebe der anfälligen und resistenten Linie identifiziert, die durch eine *V. longisporum*-Infektion verursacht werden. Dazu gehörten Beschädigungen der Mittellamelle und der primären Zellwand im Bereich der Gefäßtüpfel und Auflagerungen elektronendichter Strukturen auf der sekundären Zellwand der Gefäßelemente. Zudem konnten die für eine vaskuläre Infektion typischen Gefäßverschlüsse mittels TEM sichtbar gemacht werden. Dabei konnte jedoch kein struktureller Unterschied der Gelbildung zwischen der anfälligen und resistenten Linie festgestellt werden. Die Ausbreitung des Pathogens in angrenzende Gefäßelemente in der anfälligen Linie scheint unter anderem über Tüpfel zu erfolgen.

18-2 - Häffner, E.¹⁾; Karlovsky, P.²⁾; Diederichsen, E.¹⁾

¹⁾ Freie Universität Berlin; ²⁾ Georg-August-Universität Göttingen

A new *Arabidopsis thaliana* Recombinant Inbred Line (RIL-) population for the genetic investigation of *Verticillium* resistance traits

Verticillium longisporum is a soil-borne fungus infecting Brassicaceae like oilseed rape. It colonises its host systemically through the xylem and causes severe yield losses by inducing early senescence and premature ripening. Resistance against this pathogen is highly desirable, but difficult to implement because the genetic basis is complex. To date, only quantitative resistance is available against *V. longisporum*, which is conditioned by several genes of partial effects.

Arabidopsis thaliana is a host of *V. longisporum*, showing symptoms that are comparable to those induced in *Brassica*. It is therefore used as a model to study *Verticillium* resistance genetics. Two ecotypes of *A. thaliana* were identified that displayed striking differences in their reaction towards *V. longisporum*. QTL-mapping in an F2/F3 mapping experiment revealed several chromosomal regions that controlled different disease and resistance traits like systemic spread of the pathogen in the xylem, stunting or changes in the branching pattern. *A. thaliana* is especially suited to study the genetic basis of such reactions. Its short generation time allows the establishment of advanced mapping populations based on Recombinant Inbred Lines (RIL). A RIL-population was generated originating from the parental ecotypes Burren (Bur) and Landsberg erecta (Ler). It allows high-resolution mapping of individual QTL and the selection of lines that represent certain QTL of interest for further investigations.

Spreading resistance is a common resistance mechanism against vascular pathogens in many hosts. Several QTL were identified in the present study that control this reaction in *A. thaliana*. The (Bur x Ler) RIL-population allows a detailed genetic investigation of this major resistance mechanism. Strategies to confine promising QTL in order to identify the corresponding genes include the generation of near-isogenic lines (NIL) that vary only for the QTL of interest. NIL provide the possibility to study effects of individual QTL and to identify and clone the gene(s) of interest. This strategy is exemplified for a major spreading resistance QTL discovered in Bur.

18-3 - Wulf, T.; Koopmann, B.; Von Tiedemann, A.

Georg-August-Universität Göttingen

Verbesserung der Resistenz von Winterraps gegenüber *Sclerotinia sclerotiorum*

Improving resistance of winter oilseed rape against *Sclerotinia sclerotiorum*

Im deutschen Winterrapsortiment finden sich derzeit keine zufrieden stellenden Resistenzen gegen den Erreger der Weißstängeligkeit, *Sclerotinia sclerotiorum*. Für die systematische Suche nach möglichen Resistenzquellen wurden

im Rahmen eines dreijährigen Projekts geeignete Screeningmethoden für die Resistenzbewertung im Gewächshaus und auf dem Feld entwickelt. Im Feld wurden 28 Genotypen eingesetzt, an denen unterschiedliche Feldinokulationsmethoden erprobt wurden. Ohne Erfolg war die Inokulation mittels einer Myzelsuspension im Versuchsjahr 2007/08. Dagegen konnte der Infektionsdruck auf den Versuchsfeldern an den Standorten Göttingen, Peine und Malchow/Poel in den nachfolgenden Jahren durch das Ausbringen von Sklerotien unterschiedlicher Herkunft deutlich erhöht werden. Die Bewertung der Resistenz der Genotypen erfolgte anhand der Bestimmung der Befallshäufigkeit zum Entwicklungsstadium BBCH 89. Trotz der relativ starken Witterungsabhängigkeit der Inokulationsmethode ließ sich im Versuchsjahr 2008/09 am Standort Göttingen eine gute Differenzierung der Genotypen erzielen.

Um den Einfluss der Witterung auf die Bewertung der Resistenz zu minimieren und während des gesamten Jahres Untersuchungen durchführen zu können, wurde neben den Feldversuchen auch eine Screeningmethode für das Gewächshaus entwickelt. Hierbei werden die Einzelpflanzen, mit einem myzelüberwachsenen Agarplug in einer Blattachsel künstlich inokuliert, ohne die Pflanze zu verwunden. Die Resistenz wird anhand des Wachstums der Läsion am Stängel über die Zeit beurteilt. Mit dieser Methode wurden *Brassica*-Wildarten sowie chinesische Rapsorten auf ihre Resistenz mit dem Ziel getestet, mögliche Resistenzquellen zu erschließen.

Schließlich wurde eine Screeningmethode für das Labor entwickelt, die es erlaubt eine große Anzahl an Genotypen in einer sehr kurzen Zeit und zu einem sehr frühen Entwicklungsstadium zu bewerten. Diese Methode beruht auf der Reaktion von Blattmaterial auf Oxalsäure, einem wichtigen Pathogenitätsfaktor von *S. sclerotiorum*. In diesem Ansatz werden die Zellmembranen des Blattgewebes durch Zugabe von bis zu 2 mM Oxalsäure gestresst, so dass es je nach Schädigungsgrad zu unterschiedlich starkem Austritt von Ionen aus den Zellen kommt. Anhand des Ioneneffluxes, der durch die Änderung der Leitfähigkeit der Lösung gemessen werden kann, wird somit die Reaktion des Blattgewebes auf diesen wichtigen Pathogenitätsfaktor des Pilzes bestimmt. Diese steht in einem engen Zusammenhang mit der im Gewächshaus ermittelten Resistenz der Genotypen.

18-4 - Lange, R.¹⁾; Rimmer, S.R.²⁾; Lydiate, D.²⁾; Kuzmicz, S.²⁾; Goßmann, M.³⁾; Büttner, C.³⁾

¹⁾ Alberta Innovates – Technology Futures; ²⁾ Agriculture and Agri-Food Canada, Saskatoon Research Centre;

³⁾ Humboldt-Universität zu Berlin

Linkage of Resistance to *Fusarium* Wilt (*Fusarium oxysporum*) in spring rapeseed (*Brassica napus*) with microsatellite markers

Fusarium Wilt (FW), caused by *Fusarium oxysporum* can cause yield losses of up to 30 % [1] in summer rapeseed (*Brassica napus*) in Canada [2]. The use of FW-resistant cultivars can improve the yield of summer rapeseed in fields where disease pressure is high by over 75 % [1]. FW-resistant and susceptible cultivars or breeding lines can be discriminated with growth chamber and field screening techniques [1]; use of these techniques allows the removal of susceptible germplasm from rapeseed breeding programs. However, this approach precludes introgression of desirable traits from or into FW-susceptible genotypes. Linkage of FW resistance to DNA-based genetic markers would allow rapeseed breeders to directly infer the genotype of very young plants and avoid time delays caused by phenotype testing, and simultaneously avoid confounding effects of genotype × environment interactions.

The mode of inheritance of FW-resistance is unknown, and has not been associated with molecular markers. Therefore we set out to infer the mode of inheritance and identify microsatellite markers linked to FW-resistance. The cultivars 'DH12075' (FW-resistant) and 'Canterra 1604' (FW-susceptible) were reciprocally crossed. The *Fusarium oxysporum* – *B. napus* interaction phenotypes of the parent plants and the F1 and F3 progeny was determined in controlled environment tests. 'Canterra 1604' and 'SP Banner' seedlings were included as susceptible and resistant controls, respectively. F3 phenotypic data were used to infer whether the F2 plants from which each F3 line was derived was homozygous resistant or susceptible (i.e. no segregation among F3 plants) or heterozygous (i.e. F3 plants segregating for both resistance and susceptibility). Phenotype tests of the parental genotypes confirmed that 'DH12075' was resistant, and 'Canterra 1604' was susceptible to *Fusarium* Wilt. Segregation ratios of F1 plants from reciprocal crosses were similar, suggesting that FW-resistance is not affected by cytoplasmic factors. Segregation between F3 lines was tested for fit to a monogenic dominant model, and chi-squared tests were used to test goodness-of-fit to the expected 3 : 1 resistant (R) : susceptible (S) F2 segregation ratio. Both reciprocal crosses fit the expected 3R : 1S ratio individually and when combined, suggesting that resistance in *B. napus* cv. 'DH12075' is controlled by a single dominant gene for resistance to FW.

Screening of primers distributed at 5cM intervals on the Agriculture and Agri-Food Canada *B. napus* consensus map revealed no polymorphic markers in linkage groups 10, 11, 13, 14, 15, 17, 18 and 19 of the *B. napus* C-genome that could be associated with FW resistance. Assessment of the A genome indicated that microsatellite markers sR0404 and sR9448 were associated with the resistant phenotype. In this study we identified FW-

resistance in *B. napus* as a single locus mapping to A-3 linkage group. Genetic analysis of FW resistance in *B. napus* has not been conducted previously, but resistance has been associated with *B. rapa* [3] which is ancestral to *B. napus*. *B. oleracea* Resistance to *F. oxysporum* has been characterized in *B. oleracea* [4, 5], the other *B. napus* ancestor, suggesting that additional, as-yet unidentified resistance to FW may be available on the *B. napus* C-genome.

Literatur

- [1] Lange, R.M., Gossmann, M., & Büttner, C. 2007. Yield loss in susceptible cultivars of spring rapeseed due to *Fusarium* wilt caused by *Fusarium oxysporum*. *Comm. Agr. Appl. Biol. Sci.* 72: 723-734.
- [2] Dmytriw, W. & Lange, R.M. 2005. Survey of canola diseases in Alberta, 2004. *Can. Plant Dis. Surv.* 85: 65-71.
- [3] Fjellstrom, R.G. & Williams, P.H. 1997. *Fusarium yellows* and *turnip mosaic virus* resistance in *Brassica rapa* and *B. juncea*. *HortScience* 32: 927-93.
- [4] Blank, L.M. 1937. *Fusarium* resistance in Wisconsin All Seasons cabbage. *J. Agric. Res.* 55: 497-510.
- [5] Blank, L.M. & Walker, J.C. 1933. Inheritance of *Fusarium* resistance in brussels sprouts and kohlrabi. *J. Agric. Res.* 46: 1015-1022.

18-5 - Pinnschmidt, H.O.

University of Aarhus

Das mlo-Gen und die *Ramularia*-Anfälligkeit von Sommergerstensorten

The mlo gene and the susceptibility of spring barley cultivars to *Ramularia* leaf spot

Unter natürlichen Infektionsbedingungen und ohne Fungizideinsatz gewonnene mehrjährige Feldversuchsdaten von mehr als 20 Standorten in Dänemark zeigten einen hochsignifikanten Zusammenhang zwischen dem Vorhandensein von mlo-Resistenz gegenüber Mehltau in Sommergerstensorten und deren apparenten Anfälligkeit gegenüber *Ramularia*-Blattflecken. Sorten mit mlo wiesen bei vergleichbarem RLS-Befallsdruck ca. 50 % höheren RLS-Befall auf als Sorten ohne mlo.

Es wurde geprüft, ob dieser Zusammenhang eine Scheinkorrelation darstellt, verursacht durch den von Mehltau und anderen Krankheiten ausgeübten erheblichen Befallsdruck, der mit sortenspezifischen Resistenzeigenschaften interagiert und die Expression der eigentlichen *Ramularia*-Resistenz möglicherweise verfälscht. So haben künstlich mit *Ramularia* inokulierte und vor anderen Krankheiten durch Fungizide geschützte Feldversuche gezeigt, dass mlo-Sorten, bei gleicher Inokulummenge, tatsächlich wesentlich höheren Ramulariabefall aufweisen als Sorten, die keine mlo-Resistenz gegen Mehltau besitzen. Dies spiegelt sich auch im Gehalt an *Ramularia*-DNA in den Blättern wider, nachgewiesen durch real-time PCR. Außerdem wiesen mlo-Sorten eine höhere Befallsstärke pro Menge an *Ramularia*-DNA in den Blättern auf als Sorten ohne mlo.

Die genetischen Zusammenhänge zwischen dem Vorhandensein des mlo-Gens und der *Ramularia*-Anfälligkeit von Sommergerstensorten werden in Kooperation mit der Universität Kopenhagen untersucht.

Literatur

- [1] Pinnschmidt HO, Sindberg SA, 2007. Expression of resistance of barley varieties to *Ramularia* leaf spot and the status of the disease in Denmark. In *Ramularia collo-cygni: a new disease and challenge in Barley production*, pp. 85-93. Eds B Koopmann, S Oxley, A Schützendübel and A von Tiedemann. Göttingen, Germany: Georg-August-University.
- [2] Pinnschmidt HO, Sindberg SA, 2009. Assessing *Ramularia* leaf spot resistance of spring barley cultivars in the presence of other diseases. *Aspects of Applied Biology* 92, The 2nd European *Ramularia* workshop – A new disease and challenge in barley production, pp. 71-80.

18-6 - Rodemann, B.

Julius Kühn-Institut

Untersuchungen zur Anfälligkeit von Sommergerstengenotypen gegenüber *Fusarium* sp. in der Ähre

Investigations for susceptibility of spring barley genotypes against *Fusarium* head blight

Diskussionen um das Auftreten von Ährenfusariosen und die damit verbundene Mykotoxinbelastung des Erntegutes werden mittlerweile in verschiedenen Getreidearten geführt. Auf der Basis der geltenden EU-VO 1881/2006 und 1126/2007 wurden Höchstmengen für verschiedene Fusariumtoxine festgelegt. Aktuell wird über entsprechende Grenzwerte für die T2 / HT-2-Toxine aus der Gruppe der Trichothecene diskutiert. Da Sommergerste und deren Ernteprodukte vielfach für Brauzwecke und auch für die Futtermittelherstellung verwendet werden, gilt es im

Rahmen eines vorbeugenden Verbraucherschutzes Risiko- und Einflussfaktoren aufzuzeigen und Präventionsprogramme zu formulieren.

Um Grundlagen für Vermeidungsstrategien zu erarbeiten, wurden Untersuchungen zur Biologie und Epidemiologie der *Fusarium* sp. an Sommergerste durchgeführt. Gerade die Zusammenhänge zwischen visuellem Ährenbefall, dem Pilzgehalt im Korn und der Toxinbelastung des Erntegutes wurden detailliert betrachtet. Erste Ergebnisse zur Anfälligkeit gegenüber verschiedenen *Fusarium* sp. (*Fusarium culmorum*, *Fusarium langsethiae*, *Fusarium poae*, *Fusarium sporotrichoides*), zur Befallsausbreitung (Resistenzmechanismen) in der Ähre und zur Toxinbelastung des Erntegutes wurden erarbeitet. Das Testsortiment umfasste 24 Braugerstensorten aus Deutschland, Frankreich und Großbritannien.

In den Untersuchungen mit *F. culmorum* konnte Fusarium Head Blight zwischen 0,5 % und 55 % ermittelt werden. Dabei konnte eine enge Korrelation zwischen dem Anteil befallener Ähren und der Befallsstärke an den befallenen Ähren mit $r = 0,93^{**}$ ermittelt werden. Besonders auffällig war, dass Sorten wie 'Imperial' oder 'Harbin' eine ausgeprägte Resistenz gegenüber der Ausbreitung des Erregers in der Ähre (Resistenztyp II) aufwiesen. Bei der Sorte 'Harbin' konnte dieses Resistenzverhalten auch gegenüber *Fusarium langsethiae* und *Fusarium sporotrichoides* nachgewiesen werden. Toxinanalysen auf Deoxynivalenol konnten eine gute Übereinstimmung mit den visuell erfassten Befallsdaten ($r = 0,79^{**}$) bestätigen. Bei Vergleichen zur Toxinbelastung von DON und T-2-Toxin konnte nur eine sehr schwache Beziehung ermittelt werden konnte, so dass bei den Testsorten von unterschiedlichen Resistenzmechanismen gegenüber den Schaderregern *F. langsethiae* und *F. culmorum* ausgegangen werden kann.

18-7 - Lindner, K.¹⁾; Haase, N.U.²⁾; Roman, M.³⁾

¹⁾ Julius Kühn-Institut; ²⁾ Max Rubner-Institut; ³⁾ Fangmeier Agro-Impex, Rumänien

Kartoffelstolbur – 3-jährige Sortenversuche

Potato stolbur – variety trails over the course of three years

Der Erreger von Kartoffelstolbur ist ein Phytoplasma der Stolburgruppe, zu der auch das Pathogen zählt, welches an Reben die Schwarzholzkrankheit hervorruft. Im Laufe der letzten 20 Jahre hat sich die Schwarzholzkrankheit zu einer der wirtschaftlich bedeutsamsten Krankheiten im Weinbau entwickelt. Ursache dafür ist insbesondere die signifikante Erhöhung der Tagesmitteltemperaturen, die zu einem deutlich intensiveren Auftreten des Phytoplasmavektors, der wärmeliebenden Windenglasflügelzikade (*Hyalesthes obsoletus*), geführt hat. Vermutlich erschließen sich die Zikaden aufgrund der veränderten Umweltbedingungen auch zusätzliche Lebensräume im Umkreis der Rebanlagen, so u. a. Kartoffelbestände. Es konnte nachgewiesen werden, dass das gleiche Stolburphytoplasma, das die Schwarzholzkrankheit der Rebe hervorruft, in der Lage ist, an Kartoffelpflanzen *Stolbur* zu verursachen. Bis 2005 galt Deutschland als befallsfrei. Seit 2006 wird Kartoffelstolbur jährlich nachgewiesen.

Die Krankheit kann bei warmer und trockener Witterung zu Ertragsdefiziten von bis zu 80 % führen. Außerdem weisen Kartoffelknollen infizierter Pflanzen einen erhöhten Zuckergehalt auf. Bei Verarbeitungskartoffeln verursacht dieses eine mehr oder weniger starke Braunfärbung der Kartoffelscheiben oder -stifte während des Backvorgangs, was zu deutlichen Qualitätsminderungen der Verarbeitungsprodukte führt.

Pestizide zur Kontrolle von Phytoplasmen gibt es nicht. Der Einsatz von Insektiziden gegen die Vektoren ist nicht hinreichend wirksam. Auch eine Pflanzgutzertifizierung erweist sich als unwirksam, da die Übertragung des Stolburphytoplasmas durch infizierte Tochterknollen auf die nächste Generation zwar möglich, aber von sehr untergeordneter Bedeutung ist. Als derzeit einzige effektive Pflanzenschutzmaßnahme gilt die Verwendung von resistentem Kartoffelpflanzgut.

Um dieses Pflanzgut aus den verfügbaren Kartoffelsorten zu selektieren, sind 3-jährige Sortenversuche in Sannicolau Mare im Banat in Rumänien, einem Standort, an dem die Krankheit jedes Jahr mit hoher Intensität auftritt, durchgeführt worden. Die Versuche wurden 2007 als randomisierte Blockanlage mit 4-maliger Wiederholung und einer Parzellen-größe von 26 m² durchgeführt. Im Folgejahr ist ein On-Farm-Experiment mit Versuchsflächen von jeweils 5 ha angelegt worden. 2009 kam wiederum eine randomisierte Blockanlage zur Anwendung. Die Parzellengröße betrug eine Reihe von 10 Kartoffeln, die im Abstand von 33 cm gepflanzt wurden. Die Prüfglieder wurden durch eine Reihe 'Desiree' voneinander getrennt.

Als Kriterium für die Widerstandsfähigkeit gegenüber *Stolbur* sind Konsistenz und Saccharosegehalt der Kartoffelknollen bewertet worden. Von den 13 untersuchten Kartoffelsorten erwies sich 'Lady Claire' mit einem Saccharosegehalt von 6.420 mg/kg FM in 16 % Knollen mit gummiartiger Konsistenz (starke Infektion) (2007) bzw. 9.800 mg/kg FM in 2 % Knollen mit gummiartiger Konsistenz (2008) als *Stolbur*-widerstandsfähige Sorte.

Für 'Courage' wurden hingegen Saccharosewerte von 15.580 mg/kg FM (2008) bei 34,3 % stark *Stolbur*-kranker Knollen ermittelt. 'Lady Rosetta' (nicht in den Versuch einbezogen) wies sogar einen Saccharosegehalt von 25.500 mg/kg FM (2007) auf. Die Ergebnisse beider Sorten lassen auf eine hohe Krankheitsanfälligkeit schließen.

Die Versuchsauswertungen für 2009 machten erneut eine deutliche Erhöhung der Saccharosegehalte in den stark *Stolbur*-kranken Kartoffelknollen deutlich. 'Lady Claire' erwies sich wiederholt als Sorte mit einem relativ geringen Gehalt an Saccharose auch nach starker Phytoplasmenerkrankung.

18-8 - Djalali Farahani-Kofoet, R.¹⁾; Römer, P.²⁾; Kofoet, A.¹⁾; Grosch, R.¹⁾

¹⁾ Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e. V.; ²⁾ GHG-Saaten GmbH, Aschersleben

Resistenzscreening von Basilikum-Herkünften (*Ocimum basilicum*) gegen den Erreger des Falschen Mehltaus (*Peronospora* sp.)

Screening of basil genotypes (*Ocimum basilicum*) for resistance against the causal agent of downy mildew (*Peronospora* sp.)

Das Auftreten von Falschem Mehltau an Basilikum kann in der Produktion von Schnitt- und Topfbasilikum zu erheblichen Ertragsausfällen führen. Übertragen wird *Peronospora* sp. über das Saatgut und durch Sporen in der Luft. Eine Bekämpfung des Erregers mittels chemischer Pflanzenschutzmittel ist in der Kräuterproduktion nur eingeschränkt möglich. Daher ist die Entwicklung von Zuchtmaterial mit Resistenz gegen *Peronospora* sp. ein effektiver Ansatz zur Kontrolle des Erregers an Basilikum.

Als Voraussetzung eines Screenings von Basilikumherkünften und -sorten gegen *Peronospora* sp. wurde auf der Basis der Biologie des Erregers zunächst eine Resistenzprüfmethode etabliert. Zur Identifizierung von Genotypen mit dem Merkmal „Resistenz gegenüber dem Falschen Mehltau“ wurde umfangreiches genetisches Material geprüft. Im Ergebnis des Screenings konnten nur wenige Herkünfte als „resistent“ eingestuft werden. Diese Herkünfte unterscheiden sich im Wuchshabitus und Geschmack stark von den etablierten Genoveser Basilikum-Sorten. Zur Einlagerung der Resistenz in die Genoveser Typen wurden resistente Herkünfte mit Genoveser Sorten gekreuzt. In der F1-Generation wurden intermediäre Nachkommen selektiert und vermehrt. Die F2-Nachkommen wurden wiederum auf Resistenz gegenüber dem Falschen Mehltau geprüft. Ein Großteil der F2-Nachkommenschaften zeigte sich als anfällig. Zwei Kreuzungslinien fielen durch hohe Resistenzen auf. Diese entsprachen jedoch stark den Wildtyp-Eltern. Resistente Einzelpflanzen werden bis zur Samenernte weitergeführt. Für den Züchter sind vorrangig diejenigen intermediären Vertreter interessant, in denen sich bereits typische „Genoveser“-Merkmale (fehlende Blattbehaarung, dunkelgrüne Blattfarbe, gewölbte Blattform und typischer Geschmack) wiederfinden.

Sektion 19 – Fungizide/Bakterizide IV / Schutz von Nichtzielorganismen

19-1 - Wittrock, A.; Homa, U.; Bernhard, H.-U.

Dow AgroSciences GmbH

Mancozeb – ein neuer Wirkungsmechanismus für die effektive *Septoria tritici*-Bekämpfung in Weizen

Mancozeb – a novel mode of action for an effective control of *Septoria tritici* on wheat

Der Wirkstoff Mancozeb ist seit den 60er Jahren weltweit im Einsatz und wird erfolgreich in über 70 Kulturen zur Bekämpfung von über 400 Pilzkrankheiten genutzt. Der einzigartige Wirkungsmechanismus (sechs Angriffspunkte im Energiestoffwechsel, sowohl im Cytoplasma als auch im Mitochondrium) hat die Entwicklung von Resistenzen nachhaltig verhindert.

Im Weizenanbau ist die Blattdürre (*Septoria tritici*) die wichtigste Krankheit. Die Wirksamkeit der Hauptwirkstoffe aus den Gruppen der Strobilurine und Triazole hat sich in den letzten Jahren deutlich vermindert. Für das Jahr 2011 wird die Zulassung des Wirkstoffes Mancozeb im Getreideanbau auch in Deutschland angestrebt, nachdem er in Frankreich und Großbritannien bereits erfolgreich genutzt wird. Versuche in Winterweizen zur Bekämpfung von *Septoria tritici* haben die gute Wirksamkeit von Mancozeb belegt. Kombinationen mit Triazol-Wirkstoffen zeigen einen klaren Synergismus, der sich in einer sehr guten Kontrolle des Erregers zeigt. Um diesen Synergismus zu nutzen und die Wirksamkeit anderer Wirkstoffe im Rahmen eines nachhaltigen Resistenzmanagements zu erhalten,