

Die Ergebnisse bei Impatiens deuten darauf hin, dass sich die untersuchten Merkmale zwischen den Standorten stärker unterscheiden als zwischen den Genotypen. Dies lässt darauf schließen, dass die verabredeten Protokolle zur Pflanzenbehandlung und insbesondere zur Trockenstressapplikation nicht bei allen Partnern konsequent angewendet werden konnten und noch einen zu großen Raum für individuelle Unterschiede an den verschiedenen Standorten ließen. Neben der Wasser- und Nährstoffversorgung haben auch die Klimabedingungen an den einzelnen Standorten variiert und somit die Heterogenität der Bewertungen gefördert haben. Klimaaufzeichnungen zur Überprüfung dieser Hypothese liegen nur von einzelnen Standorten vor. Bei den Petunien wurden zusätzlich zu den Merkmalen Frischmassenreduktion, Gießhäufigkeit und Pflanzenschäden auch die Blütenzahl und ihre Reduzierung durch Trockenstressapplikation erfasst. Ähnlich wie bei Impatiens unterschieden sich auch die im Test befindlichen Petunien-Genotypen in ihrem Ranking stark voneinander (Tabelle 3). Allerdings fallen bei der Bewertung die Sorte 'Veranda White' durch viele niedrige Bewertungen (hohe Trockenstresstoleranz) und die Sorte 'Odyssey' durch viele hohe Bewertungen (niedrige Trockenstresstoleranz) auf. Zwischen den Standorten sind allerdings auch bei diesem Merkmal erneut große Unterschiede festzustellen.

Insgesamt hat sich auch bei den Petunien gezeigt, dass das Pflanzenwachstum und die gewählten Toleranzparameter Frischmassenreduktion, Blütenbildung und Schadintensität nach Trockenstressapplikation stärker durch die Bedingungen am Versuchsstandort als durch den Genotyp definiert werden. Dieser Sachverhalt belegt erneut den großen Einfluss der Standortbedingungen auf die Merkmalsausprägung von Zierpflanzen und die Notwendigkeit von Produkttestungen an verschiedenen Standorten. Gleichzeitig kann daraus geschlossen werden, dass Screeningprozesse mit einem Anspruch auf Reproduzierbarkeit zu einer deutlich exakteren Definition und Einhaltung der Kultur- und Versuchsbedingungen zwingen als das im Rahmen dieses Projektes realisiert wurde. Die gemessenen Unterschiede in der Nährstoffversorgung der Pflanzen und im Salzgehalt der Substrate beeinflussen bekanntermaßen die Stressintensität und damit auch die Testbedingungen. Ähnliches gilt auch für die bei diesem Projekt eingesetzten Boniturparameter. Beleg hierfür sind die sehr unterschiedlichen Bewertungen der Pflanzenschäden an den einzelnen Standorten und zwischen den Genotypen.

Neben den aufgeführten Ursachen kann man spekulieren, ob die genetischen Kontraste der geprüften Sorten zu gering waren, um sie mit Hilfe eines einfachen Praxistestes aufzudecken. Weiterhin ist denkbar, dass die Klimabedingungen und insbesondere die Einstrahlung am Ende der Differenzbehandlung die Intensität der Pflanzenschäden nach Trockenstressapplikation beeinflusst haben.

Danksagung

Die Autoren bedanken sich bei der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP) für die Koordination des Gesamtprojektes. Das Projekt wurde gefördert aus Mitteln.

Zugang zu neuen FuE-Konzepten durch innovative Verfahren der Pflanzenphänotypisierung

Access to novel R&D concepts through innovative plant phenotyping approaches

Altmann, Thomas

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Corrensstraße 3, 06466 Gatersleben

DOI: 10.5073/jka.2011.433.008

Zusammenfassung

Die Entwicklung und Anwendung automatisierter Verfahren der nicht- oder minimal-invasiven Erfassung von Eigenschaften und Merkmalen von Pflanzen eröffnet neue Möglichkeiten der Identifizierung genetischer Faktoren, die pflanzliche Leistungen und Charakteristika bestimmen, der Untersuchung von Umwelteinflüssen auf die Merkmalsausprägung, der Selektion von Individuen oder Linien mit vorteilhaften Eigenschaften aus großen Populationen, der Optimierung von Pflanzenproduktionsverfahren und des

Erkennens neuer Nutzungsmöglichkeiten für Pflanzen. Dieses wird durch die Entwicklung und Nutzung präziser und von der menschlichen Wahrnehmung unbeeinflusste und (idealerweise) hochdurchsatzfähige Messverfahren erreicht, mit deren Hilfe Eigenschaften genauer und für wesentlich größere Individuenzahlen als mit bisherigen Methoden bestimmt werden können, bisher nicht zugängliche Eigenschaften bestimmt werden können und durch wiederholte Messungen in zeitlicher Abfolge dynamische Prozesse beobachtet und quantifiziert werden können. Dazu sind (neuartige) Sensor- und Detektionsverfahren zu entwickeln und zu implementieren, Automatisierungsverfahren anzupassen und einzurichten, entsprechende Anlagen zu entwickeln und zu installieren, in denen neben den Pflanzeigenschaften simultan Umweltbedingungen erfasst und/oder simuliert werden, geeignete experimentelle Verfahren zu entwickeln und wirkungsvolle Datenanalysewerkzeuge zu etablieren und einzurichten.

Stichwörter: Phänomik, Sensorik, Fernerkundung, Automatisierung, Umweltbeobachtung/-simulation,

Abstract

The development and use of automated procedures of non- or minimal invasive monitoring of plant traits and features opens new opportunities for the identification of genetic factors determining plant characteristics and performance parameters, for the investigation of environmental effects on trait expression, for the selection of individuals or lines with preferred features from large populations, for the optimization of plant production systems, and for the recognition of novel uses of plants. This is achieved through development and application of precise and unbiased measurement procedures (not influenced by human perception), which (ideally) are amenable to high-throughput approaches. They enable more accurate and much larger scale investigations or screenings than hitherto possible, they allow the detection of features that previously could not be assessed, and they offer access to monitoring and quantification of dynamic processes through repeated measurements over time. To this end, (novel) sensor and detection systems have to be developed and implemented, automation procedures have to be adapted and established, corresponding facilities have to be constructed and installed, which support monitoring and/or simulation of certain environmental parameters (in addition to the measurement of plant features) and effective data analysis tools have to be developed and implemented.

Keywords: Phenomics, sensorics, remote sensing, automation, environment monitoring/-simulation

Einleitung

Pflanzenphänotypisierung bezeichnet die Erfassung der Eigenschaften und Merkmale von Pflanzen (pflanzlicher Phänotypen), die sich im Verlaufe der Individualentwicklung durch die Ausprägung der Erbinformation und die Einwirkung von Umwelteinflüssen herausbilden. Die Etablierung und Verfügbarkeit technischer Infrastrukturen und damit verbundener innovative Verfahren zur Pflanzenphänotypisierung sind eine wichtige Voraussetzung für zukünftigen Erkenntnisgewinn in der gesamten Bandbreite der grundlagen- und anwendungsorientierten Pflanzenforschung, für die Erschließung neuer pflanzlicher Ressourcen und für die effiziente Anwendung und Nutzung neuer Informationen und Produktionsmittel. In der Grundlagenforschung schließt dies die umfassende Aufklärung von biologischen Prozessen und Phänomenen sowie von Ursachen und Effekten biologischer Vielfalt ein. Im Bereich der anwendungsbezogenen Forschung werden mit der Phänotypisierung innovative Möglichkeiten und für die Erschließung und Nutzung neuer pflanzlicher Ressourcen und für die Entwicklung und Validierung pflanzenbiotechnologischer Ansätze eröffnet. In der praktischen Pflanzenzüchtung und der industriellen Pflanzenbiotechnologie sowie in der nachgelagerten Pflanzenproduktion können wesentliche Effizienzsteigerungen erzielt werden. Die Pflanzenphänotypisierung stellt somit eine wichtige zukunftsorientierte Technologieplattform für die pflanzenbasierte BioÖkonomie dar. Eine möglichst präzise und effektive Bestimmung der Architektur, der physiologischen Leistungen, der stofflichen Zusammensetzung und der Reaktionen von Pflanzen auf Umwelteinflüsse ist eine entscheidende Voraussetzung für

- Identifizierung und Charakterisierung genetischer Faktoren, welche pflanzliche Merkmale und Leistungen sowie das Reaktionsvermögen von Pflanzen auf äußere Einflüsse bestimmen,
- Erfassung und Untersuchung der Effekte von Umweltfaktoren auf die Entwicklung, das Wachstum und die Leistungsfähigkeit von Pflanzen,
- Identifizierung von Pflanzenindividuen oder -linien, die besonders vorteilhafte Eigenschaften aufweisen,
- Entwicklung optimaler Produktionsbedingungen für Nutzpflanzen und
- Erkennen neuer Nutzungsmöglichkeiten für Pflanzen.

Auf Grund der enormen Fortschritte in der Genomanalyse und der Anwendung von neuesten DNA-Sequenzierungs- und Typisierungsverfahren sind sehr umfangreiche Genotypinformationen von vielfältigen pflanzlichen Modellorganismen (z.B. Atwell et al., 2010) und wichtigen Kulturpflanzen (z.B. Huang et al., 2010; Lai et al., 2010) verfügbar geworden und es besteht Zugang zu einer weiteren massiven Zunahme der Kenntnisse zu Genomsequenz- und Kopiezahlvariation (z.B. Fu et al., 2010; Elshire et al., 2011; Springer et al., 2009). Ferner bieten neben der Hochdurchsatznukleinsäureanalytik molekularbiologische und biochemische Analyseverfahren als weitere `Omics'-Technologien Zugang zu tiefen Informationen im Bereich der molekularen Ausprägung der Erbinformation auf der Ebene von RNA-, Protein- und Metabolitprofilen (Transkriptom, Proteom, Metabolom) und erlauben Verfahren zur Detektion von Wechselwirkungen zwischen molekularen Komponenten detaillierte Einblicke in regulative und metabolische Netzwerke. Damit bestehen hoch effektive Möglichkeiten der Aufklärung molekularer Prozesse und der darin involvierten Faktoren, und durch Integration mit Genotypdaten Zugänge zur Identifizierung von Genen und deren allelischer Variation, die ursächlich sind für die Diversität bzgl. bestimmter pflanzlicher Eigenschaften (Langridge und Fleury, 2011) wie der Resistenz gegenüber Pathogenen, Toleranz gegenüber abiotischen Stressfaktoren, Entwicklungsprozessen wie der Blühinduktion oder Qualitätsparametern.

Um allerdings das Potenzial der sich durch Koppelungs- und Assoziationskartierung unter Nutzung der immer umfangreicher verfügbaren Genotypdaten eröffnenden Ansätze zur Identifizierung der für komplexe morphologische und/oder physiologische Eigenschaften sowie komplexer Wechselwirkungen mit der Umwelt verantwortlichen Gene (und deren Variation) verfolgen zu können, sind neue Verfahren der präzisen Erfassung von Eigenschaften im Hochdurchsatz erforderlich (Heard et al., 2010; Kolkusaoglu und Thurow, 2010). Dabei ist es nicht nur nötig einzelne Parameter in hoher Präzision zu einem bestimmten Zeitpunkt (z.B. einem bestimmten Entwicklungs- oder Reifestadium) für eine große Zahl von Individuen bestimmen zu können, sondern es bedarf der Messung vielfältiger relevanter Parameter, um die Ursachen für die Ausbildung komplexer biologischer Phänomene aufklären zu können (Houle et al., 2010). Dabei ist zu berücksichtigen, dass sich die Eigenschaften von Individuen (ihr Phänom als Gesamtheit aller Eigenschaften) durch komplexe Wechselwirkungen zwischen ihren genetischen Faktoren und den sie beeinflussenden Umweltfaktoren im Verlaufe ihrer Entwicklung ergeben und Umweltfaktoren dabei Einfluss auf die Ausprägung von Eigenschaften im genetisch bestimmten Rahmen nehmen, die Individuen jedoch ihrerseits ihre Umwelt modifizieren und dass entscheidende Rückkopplungen zwischen diesen Interaktionen bestehen (Konzept der Genotyp-Umwelt-Phänotyp-Karten, Houle et al., 2010). Daher sind mehrfache Messungen vielfältiger Parameter während der Individualentwicklung erforderlich, um die (ggf. individuell unterschiedliche) Dynamik der Prozesse und der Wechselwirkungen berücksichtigen zu können. Neben der Anforderung Messungen vielfältiger Parameter in hoher Präzision und hohem Durchsatz durchführen zu können, ist es daher darüber hinaus nötig nicht- oder minimal-invasive Methoden zum Einsatz zu bringen, sodass die wiederholte Untersuchung der selben Individuen möglich ist. Phänotypisierung (Phenomik) bezeichnet somit die (Entwicklung und) Anwendung von Verfahren zur Erfassung hoch-dimensionaler Merkmalsdaten gesamter Organismen auf unterschiedlichen räumlichen und zeitlich Skalen (Furbank, 2009). Diese Verfahren finden wie oben erwähnt Anwendung in einer großen Bandbreite von Nutzungen und sie bedürfen damit der Implementierung für Analysen von der Zell- über die Organ-, Gesamtpflanzen- bis zur Bestands-Ebene und für die Kultur von Pflanzen unter kontrollierten Anzuchtbedingungen, in denen

bestimmte Umweltsituationen hoch reproduzierbar dargestellt werden können und gezielt entscheidende Parameter variiert werden können, und andererseits für die Pflanzenkultur unter natürlichen (variierenden) Bedingungen (im Feld). Auf Grund der entscheidenden Bedeutung der Umweltfaktoren, die auf die beobachteten/analysierten Pflanzen einwirken, ist es essentiell neben den Pflanzenmerkmalen auch die lokalen (pflanzennahen) Umweltparameter simultan zu messen und in die Modellierung der beobachteten Prozesse einzubeziehen. Entsprechend der dargestellten Anforderungen stellen sich für die Entwicklung und Etablierung der Pflanzenphänotypisierung Herausforderungen in vielfältigen Bereichen:

- Entwicklung, Anpassung und Implementierung von Sensor- und Detektionstechniken für vielfältigste Eigenschaften, die idealerweise nicht-invasiv sind und gleichzeitig für den Hochdurchsatz geeignet sind,
- Entwicklung, Optimierung und Nutzung von Automatisierungsverfahren mit deren Hilfe hohe Zahlen parallel oder sequenziell analysierter Individuen und wiederholte Untersuchungen derselben Individuen ermöglicht werden können,
- Installation der Sensoren und Automatisierungen in unterschiedlichsten Anlagen/Plattformen gekoppelt mit Umweltmonitoring (z.B. im Feld) und/oder Umweltsimulation (z.B. in Expositions-kammern),
- Etablierung von spezifischen experimentellen Untersuchungsverfahren und Definition entscheidender (und möglichst effektiv bestimmbarer) Messparameter, um genetische Variation bzgl. wichtiger Merkmale und/oder deren Ausprägung unter bestimmten Umweltbedingungen effizient zu erfassen,
- Entwicklung, Optimierung und Einrichtung von Datenanalyseverfahren, die es ermöglichen aus den Messdaten die für die jeweilige Fragestellung relevanten Informationen zu extrahieren und die geeignet sind mit hochdimensionalen Datensätzen (von begrenzten Individuenzahlen) umzugehen,
- Integration der phänomischen Daten mit genomischen (Genotyp) und molekularen / biochemischen ('Omics'-) Daten und Einrichtung und Nutzung von Modellierungsmethoden, die es erlauben die hierarchischen, zeitlichen und räumlichen Abläufe und Wechselwirkungen aufzuklären, die zur Ausbildung bestimmter Eigenschaften führen.

Gemäß der Anforderungen nicht-destruktive Methoden einzusetzen, mit denen wiederholte Messungen der selben Individuen oder Bestände in hohem Durchsatz erfolgen können, bieten sich besonders optische Datenaufnahmeverfahren für die Phänotypisierung oberirdischer Pflanzenbereiche an. Diese reichen von automatisierten elektronischen Farbbildaufnahmesystemen des gesamten sichtbaren Spektralbereichs (z.B. Granier et al., 2006; Walter et al., 2007; Reuzeau et al., 2006; Meyer et al., 2010; www.lemnatec.de) zur Bestimmung von Blattflächen, projizierten Flächen des Sprosses oder Pflanzengrößen (Wachstumsbeobachtung) sowie Pigment-/Farbverteilungen oder von Fluoreszenzsignalen (z.B. Jansen et al., 2009) zur Detektion von Chlorophyll und anderen Fluorophoren, über Aufnahmen in nahen (z.B. Seelig et al., 2008, 2009) oder mittleren (z.B. Jones et al., 2009) Infrarotbereichen zur Erfassung von Wassergehalten bzw. Oberflächentemperaturen, bis zu Multi- und Hyperspektralanalysen (z.B. Rascher et al., 2010; Winterhalter et al., 2011a, 2011b), mit deren Hilfe Indexwerte für diverse Charakteristika (z.B. Wasser- oder Nährstoffversorgungsstatus, photosynthetische Aktivität) ermittelt werden können. Die breite Spanne der Anwendungsbereiche optischer Verfahren reicht dabei von der mikroskopischen Ebene (z.B. Ihlow et al., 2008) bis zur Fernerkundung unter Nutzung von Beobachtungstürmen, Flugzeugen oder Satelliten (z.B. Zarco-Tejada et al., 2009; Pieruschka et al., 2010; Gomez et al., 2011).

Für die Wurzelbeobachtung sind optische Verfahren eingeschränkter für die Erfassung von Strukturen an Oberflächen (z.B. in Wurzelkästen, Johnson et al., 2001) oder in künstlichen (durchsichtigen) Substraten bzw. Anzuchtverfahren anwendbar (z.B. Nagel et al. 2009; Iyer-Pascuzzi et al., 2010; Zhu et al., 2011). Zu 3D Darstellung von Wurzeln im Boden gewinnen daher durchdringende Methoden wie Röntgen-CT (z.B. Tracy et al., 2010) oder Magnetresonanztomographie (MRI, z.B. Jahnke et al., 2009) große Bedeutung, die gegenwärtig allerdings nur für einen begrenzten Durchsatz geeignet sind. MRI lässt sich mit Positronenemissionstomographie (PET) kombinieren, die zur Lokalisierung ¹¹C-markierter gefütterter Substanzen und damit für wichtige physiologische Untersuchungen genutzt werden kann (Jahnke et al.,

2009). Jüngste Entwicklungen im Bereich der Kernspinresonanzspektroskopie (NMR) und MRI erlauben über die nicht-invasive 3D-Darstellung von Strukturen und Geweben bestimmter Pflanzenteile oder Organe (z.B. Samen) hinaus die (nicht-destruktive) quantitative Erfassung von bestimmten Substanzen oder Substanz-gruppen in hohem Durchsatz (z.B. Lipide, Proteine, Kohlenhydrate oder individuelle Metabolite wie Saccharose, Alanin) oder, in niedrigem Durchsatz, deren räumliche Verteilung (Borisjuk et al., 2011). Ferner können mittels MRI dynamische Veränderungen der räumlichen Verteilung individueller ¹³C markierter (gefütterter) Substanzen beobachtet werden (Melkus et al., 2011; Rolletschek et al., 2011) und damit Substanz-spezifische Transport- und Akkumulations- bzw. Abbau-Prozesse *in vivo* verfolgt werden.

Die höchst umfangreichen, komplexen und multidimensionalen Datensätzen, die mit Hilfe der o.g. Verfahren gewonnen werden, bedürfen nicht nur individuell angepasster und optimierter Datenanalyseverfahren (z.B. Biskup et al., 2009; Nagel et al., 2009; Hartmann et al., 2011) sondern darüber hinaus sind Datenbank-, Management-, Integrations- und Visualisierungssysteme für die erhobenen Pflanzen-bezogenen Daten (z.B. Junker et al., 2006; Klukak und Schreiber, 2010; Mehlhorn und Schreiber, 2011; Rohn et al., 2011) und die Experiment-Metadaten (z.B. Hannemann et al., 2009) erforderlich, die es erlauben relevante Informationen abzuleiten und entscheidende Beziehungen zwischen verschiedenen Parametern und Merkmalen zu detektieren.

Literatur

- Atwell, S., Huang, Y. S., Vilhjálmsson, B. J., Willems, G., Horton, M., Li, Y., Meng, D., Platt, A., Tarone, A. M., Hu, T. T., Jiang, R., Muliya, N. W., Zhang, X., Amer, M. A., Ivan Baxter, I., Brachi, B., Chory, J., Dean, C., Debieu, M., de Meaux, J., Ecker, J. R., Faure, N., Kniskern, J.M., Jones, J.D.G., Michael, T., Nemri, A., Roux, F., Salt, D. E., Tang, C., Todesco, M., Traw, M.B., Weigel, D., Marjoram, P., Borevitz, J. O., Bergelson, J. und M. Nordborg, 2010: Genome-wide association study of 107 phenotypes in *Arabidopsis thaliana* inbred lines. *Nature* **465**, 627-631.
- Biskup, B., Scharr, H., Fischbach, A., Wiese-Klinkenberg, A., Schurr, U. und A. Walter, 2009: Diel growth cycle of isolated leaf discs analyzed with a novel, high-throughput three-dimensional imaging method is identical to that of intact leaves. *Plant Physiol.* **149**, 1452-1461.
- Borisjuk, L., Rolletschek, H., Fuchs, J., Melkus, G. und T. Neuberger, 2011: Low and high field magnetic resonance for *in vivo* analysis of seeds. *Materials* **4**, 1426-1439.
- Elshire, R. J., Glaubit, J. C., Sun, Q., Poland, J.A., Kawamoto, K., Buckler, E. S. und S. E. Mitchell, 2011: A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. *PLoS One* **6**, e19379.
- Fu, Y., Springer, N. M., Gerhardt, D. J., Ying, K., Yeh, C.-T., Wu, W., Swanson-Wagner, M., Millard, T., Freeberg, L., Aoyama, N., Kitzman, J., Burgess, D., Richmond, T., Albert, T. J., Barbazuk, W. B., Jeddeloh, Huang, X., Wei, X., Sang, T., Zhao, Q., Feng, Q., Zhao, Y., Li, C., Zhu, C., Lu, T., Zhang, Z., Li, M., Fan, D., Guo, Y., Wang, A., Wang, L., Deng, L., Li, W., Lu, Y., Weng, Q., Liu, K., Huang, T., Zhou, T., Jing, Y., Li, W., Lin, Z., Buckler, E. S., Qian, Q., Zhang, Q.-F., Li, J. und B. Han 2010: Genome-wide association studies of 14 agronomic traits in rice landraces. *Nat. Genet.* **42**, 961-967.
- Furbank, R. T., 2009: Plant phenomics: from gene to form and function. *Funct. Plant Biol.* **36**, V-VI.
- Gomez, J. A., Zarco-Tejada, P. J., Garcia-Morillo, J., Gama, J. und M. A. Soriano, 2011: Determining biophysical parameters for olive trees using a CASI-airborne and Quickbird-satellite imagery. *Agron. J.* **103**, 644-654.
- Johnson, M. G., Tingey, D. T., Phillips, D. L. und M.J., Storm, 2001: Advancing fine root research with minirhizotrons. *Environ. Exp. Bot.* **45**, 263-289.
- Granier, C., Aguirrezabal, L., Chenu, K., Cookson, S. J., Dauzat, M., Hamard, P., Thioux, J.-J., Rolland, G., Bouchier-Combaud, S., Lebaudy, A., Muller, B., Simonneau, T. und F. Tardieu, 2006: PHENOPSIS, an automated platform for reproducible phenotyping of plant responses to soil water deficit in *Arabidopsis thaliana* permitted the identification of an accession with low sensitivity to soil water deficit. *New Phytol.* **169**, 623-635.
- Hannemann, J., Poorter, H., Usadel, B., Bläsing, O. E., Fink, A., Tardieu, F., Atkin, O. K., Pons, T., Stütt, M. und Y. Gibon, 2009: Xeml Lab: a tool that supports the design of experiments at a graphical interface and generates computer-readable metadata files, which capture information about genotypes, growth conditions, environmental perturbations and sampling strategy. *Plant Cell Env.* **32**, 1185-1200.
- Hartmann, A., Czauderna, T., Hoffmann, R., Stein, N. und F. Schreiber, 2011: HTPheno: an image analysis pipeline for high-throughput plant phenotyping. *BMC Bioinformatics* **12**, 148.
- Houle, D., Govindaraju, D. R. und S. Omholt, 2010: Phenomics: the next challenge. *Nat. Rev. Genet.* **11**, 855-866.
- Ihlow A., Schweizer P und Seiffert U (2008) A high-throughput screening system for barley/powdery mildew interactions based on automated analysis of light micrographs. *BMC Plant Biology* **8**:6.

- Iyer-Pascuzzi, A. S., Symonova, O., Mileyko, Y., Hao, Y. L., Belcher, H., Harer, J., Weitz, J. S. und P. N. Benfey, 2010: Imaging and analysis platform for automatic phenotyping and trait ranking of plant root systems. *Plant Physiol.* **152**, 1148-1157.
- Jahnke, S., Menzel, M. L., van Dusschoten, D., Roeb, G. W., Bühler, J., Minwuyelet, S., Blümmler, P., Temperton, V. M., Hombach, T., Streun, M., Beer, S., Khodaverdi, M., Ziemons, K., Coenen, H. H. und U. Schurr, 2009: Combined MRI-PET dissects dynamic changes in plant structures and functions. *Plant J.* **59**, 634-644.
- Jansen, M., Gilmer, F., Biskup, B., Nagel, K.A., Rascher, U., Fischbach, A., Briem, S., Dreissen, G., Tittmann, S., Braun, S., De Jaeger, I., Metzloff, M., Schurr, U., Scharr, H. und A. Walter, 2009: Simultaneous phenotyping of leaf growth and chlorophyll fluorescence via GROWSCREEN FLUORO allows detection of stress tolerance in *Arabidopsis thaliana* and other rosette plants. *Funct. Plant Biol.* **36**, 902-914.
- Jones, H. G., Serraj, R., Loveys, B. R., Xiong, L. Z., Wheaton, A. und A. H. Price, 2009: Thermal infrared imaging of crop canopies for the remote diagnosis and quantification of plant responses to water stress in the field. *Funct. Plant Biol.* **36**, 978-989.
- Junker, B.H., Klukas, C. und F. Schreiber (2006): VANTED: A system for advanced data analysis and visualization in the context of biological networks. *BMC Bioinformatics*, **7**,109.
- Klukas, C und F. Schreiber, 2010: Integration of -omics data and networks for biomedical research. *J. Integr. Bioinform.* **7(2)**: **112**,1-6.
- Kolkisaoglu, U. und K. Thurow, 2010 : Future and frontiers of automated screening in plant sciences. *Plant Sci.* **178**, 476-484.
- Lai, J., Li, R., Xu, X., Jin, W., Xu, M., Zhao, H., Xiang, Z., Song, W., Ying, K., Zhang, M., Jiao, Y., Ni, P., Zhang, J., Li, D., Guo, X., Ye, K., Jian, M., Wang, B., Zheng, H., Liang, H., Zhang, X., Wang, S., Chen, S., Li, J., Fu, Y., Springer, N. M., Yang, H., Wang, J., Dai, J., Schnable, P.S. und J. Wang, 2010: Genome-wide patterns of genetic variation among elite maize inbred lines. *Nat. Genet.* **42**, 1027-1030.
- Langridge, P. und D. Fleury, 2011: Making the most of 'omics' for crop breeding. *Trends Biotechnol.*, **29**, 33-40.
- Heard, E., Tishkoff, S., Todd, J. A., Vidal, M., Wagner, G. P., Wang, J., Weigel, D. und R. Young, 2010: Ten years of genetics and genomics: what have we achieved and where are we heading? *Nat. Rev. Genet.* **11**, 723-733.
- Mehlhorn, H. F. und F. Schreiber, 2011: DBE2 - Management of experimental data for the VANTED system. *J Integr Bioinform.* **8(2)** e162.
- Melkus, G., Rolletschek, H., Fuchs, J., Radchuk, V., Grafahrend-Belau, E., Sreenivasulu, N., Rutten, T., Weier, D., Heinzl, N., Schreiber, F., Altmann, T., Jakob, P. und L. Borisjuk, 2011: Dynamic ¹³C/¹H NMR imaging uncovers sugar allocation in the living seed. *Plant Biotechnol. J.*, doi: 10.1111/j.1467-7652.2011.00618.x
- Meyer, R. C., Kusterer, B., Liseč, J., Steinfath, M., Becher, M., Scharr, H., Melchinger, A. E., Selbig, J., Schurr, U., Willmitzer, L. und T. Altmann, 2010: QTL analysis of early stage heterosis for biomass in *Arabidopsis*. *Theor. Appl. Genet.* **120**, 227-237.
- Nagel, K. A., Kastenholz, B., Jahnke, S., van Dusschoten, D., Aach, T., Mühlich, M., Truhn, D., Scharr, H., Terjung, S., Walter, A. und U. Schurr, 2009: Temperature responses of roots: impact on growth, root system architecture and implications for phenotyping. *Funct. Plant Biol.* **36**, 947-959.
- Pieruschka, R., Klimov, D., Kolber, Z. S. und J. A. Berry, 2010: Monitoring of cold and light stress impact on photosynthesis by using the laser induced fluorescence transient (LIFT) approach. *Funct. Plant Biol.* **37**, 395-402.
- Rascher, U., Damm, A., van der Linden, S., Okujeni, A., Pieruschka, R., Schickling, A. und P. Hostert, 2010: Sensing of Photosynthetic Activity of Crops. In: *Precision Crop Protection - the Challenge and Use of Heterogeneity* (eds E.-C.Oerke et al.), Springer.
- Reuzeau, C., Frankard, V., Hatzfeld, Y., Sanz, A., Van Camp, W., Lejeune, P., De Wilde, C., Lievens, K., de Wolf, J., Vranken, E., Peerbolte, R. und W. Broekaert, 2006: Traitmill™: a functional genomics platform for the phenotypic analysis of cereals. *Plant Genet. Res.: Charact. and Utiliz.* **4**, 20-24.
- Rohn, H., Klukas, C. und F. Schreiber, 2011: Creating Views on Integrated Multi-Domain Data. *Bioinformatics* **27**, 1839-1845.
- Rolletschek, H., Melkus, G., Grafahrend-Belau, E., Fuchs, J., Heinzl, N., Schreiber, F., Jakob, P. M. und L. Borisjuk, 2011: Combined non-invasive imaging and modelling approaches reveal metabolic compartmentation in the barley endosperm. *Plant Cell*, doi:10.1105/tpc.111.087015.
- Schnable, J. A., Schnable, P. 2010: Repeat subtraction-mediated sequence capture from a complex genome. *Plant J.* **62**, 898-909.
- Seelig, H. D., Hoehn, A., Stodieck, L. S., Klaus, S. M., Adams, W. W. und W.J. Emery, 2008: The assessment of leaf water content using leaf reflectance ratios in the visible, near- and short-wave-infrared. *Int. J. Remote Sens.* **29**, 3701-3713.

- Seelig, H. D., Hoehn, A., Stodieck, L. S., Klaus, S. M., Adams, W. W. und W.J. Emery, 2009: Plant water parameters and remote sensing r (1300)/R (1450) leaf water index: controlled condition dynamics during the development of water deficit stress. *Irrig. Sci.* **27**, 357-365.
- Springer, N. M., Ying, K., Fu, Y., Ji, T., Yeh, C.-T., Jia, Y., Wu, W., Richmond, T., Kitzman, J., Rosenbaum, H., Iniguez, A. L., Barbazuk, W. B., Jeddeloh, J. A., Nettleton, D. und P. S. Schnable, 2009: Maize inbreds exhibit high levels of copy number variation (CNV) and presence/absence variation (PAV) in genome content. *PLoS Genet.* **5**, e1000734.
- Tracy, S. R., Roberts, J. A., Black, C. R., McNeill, A., Davidson, R. und S. J. Mooney, 2010: The X-factor: visualizing undistrubed root architecture in soils using X-ray computed tomography. *J. Exp. Bot.* **61**, 311-313.
- Walter, A., Scharr, H., Gilmer, F., Zierer, R., Nagel, K. A., Ernst, M., Wiese, A., Virnich, O., Christ, M. M., Uhlig, B., Jünger, S. und U. Schurr, 2007: Dynamics of seedling growth acclimation towards altered light conditions can be quantified via GROWSCREEN: a setup and procedure designed for rapid optical phenotyping of different plant species. *New Phytol.* **174**, 447-455.
- Winterhalter, L., Mistele, B., Jampatong, S. und U. Schmidhalter, 2011a: High throughput sensing of aerial biomass and above ground nitrogen uptake in the vegetative stage of well-watered and drought stressed tropical maize hybrids. *Crop Sci.* **51**, 479-489.
- Winterhalter, L., Mistele, B., Jampatong, S. und U. Schmidhalter, 2011b: High throughput phenotyping of canopy water mass and canopy temperature in well-watered and drought stressed tropical maize hybrids in the vegetative stage. *Europ. J. Agron.* **35**, 22-32.
- Zarco-Tejada, P. J., Berni, J. A. J., Suarez, L., Sepulcre-Canto, G., Morales, F. und J. R. Miller, J. R., 2009: Imaging chlorophyll fluorescence with an airborne narrow-band multispectral camera for vegetation stress detection. *Rem. Sens. Env.* **113**, 1262-1275.
- Zhu, J. M., Ingram, P. A., Benfey, P. N. und T. Elrich, 2011: From lab to field, new approaches to phenotyping root system architecture. *Curr. Op. Plant Biol.* **14**, 310-317.

Resistenzevaluierung mittels eines digitalen Bildanalyzesystems am Beispiel von *Rhododendron*

A Digital Image Analysis System for Resistance Evaluation on *Rhododendron*

Plaschil, Sylvia; Krämer, Reiner

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

Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

Tel.: 03946/47-491; E-Mail: sylviaplaschil@jki.bund.de

DOI: 10.5073/jka.2011.433.009

Zusammenfassung

Die Stammgrundfäule (*Cylindrocladium scoparium*) ist eine der wichtigsten pilzlichen Erkrankungen bei der Topfazalee (*Rhododendron simsii*). Für die Resistenzevaluierung sollten geeignete Biotests erarbeitet werden, die es ermöglichen, eine große Anzahl von Genotypen prüfen zu können. Biotests mit Blättern und Triebspitzen wurden entwickelt und ein digitales Bildanalyzesystem zur Auswertung genutzt. Zur Verifizierung der Biotests diente ein Jungpflanzentest unter Gewächshausbedingungen. Alle drei Testmethoden zeigten eine gute Reproduzierbarkeit, jedoch korrelierten die Biotests nur untereinander und nicht mit dem Jungpflanzentest. Sowohl hoch anfällige als auch tolerante Genotypen (R60, R114 und R120) ließen sich mit allen drei Testmethoden nachweisen. Eine Resistenz gegen *C. scoparium* wurde nicht gefunden. Mit der digitalen Bildanalyse steht für das Wirt-Pathogen-System *Rhododendron-Cylindrocladium* in Kombination mit dem Triebspitzentest eine gut adaptierte, zerstörungsfreie Evaluierungsmethode zur Verfügung. Ergebnisse des Triebspitzentests sollten mit einem Test ganzer Pflanzen wie z.B. bewurzelter Stecklinge verifiziert werden.

Stichwörter: *Rhododendron*, *Cylindrocladium*, Resistenz, Biotest