
Sektion 7 - Widerstandsfähigkeit gegen Schadorganismen

07-1 - Drechsler, N.¹⁾; Thieme, T.¹⁾; Shepherd, D. N.²⁾; Schubert, J.³⁾

¹⁾ BTL Bio-Test Labor GmbH Sagerheide

²⁾ Universität Kapstadt, Südafrika

³⁾ Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Jenseits von Afrika – Chancen für die Verbreitung des *Maize streak virus* in Deutschland

Out of Africa – chances for the spread of Maize streak virus in Germany

Das *Maize streak virus* (MSV, Geminiviridae) verursacht in Afrika eine der verheerendsten Maiskrankheiten und führt zu massiven Ertragsreduktionen. Dieses Virus tritt dort in der Subsahara-Region sowie auf umliegenden Inseln vom Tiefland bis in Höhen von 1800 m auf, wurde aber auch schon in Asien nachgewiesen. Es befällt neben Mais ungefähr 80 weitere Arten der Poaceae, darunter Zuckerrohr, Weizen, Reis, Hirse und Hafer. Vektoren sind nach bisherigen Untersuchungen mehrere Arten der Zikadengattung *Cicadulina*.

Im Rahmen der prognostizierten Klimaerwärmung und einer sich ändernden Landwirtschaft ist die Frage zu stellen, ob sich dieses Virus auch in Deutschland zu einem Problem entwickeln kann. Voraussetzung hierfür wäre (1.) eine Anfälligkeit der in Deutschland vorkommenden Gräser und (2.) das Vorhandensein geeigneter Vektoren.

Da das Eindringen des MSV in Deutschland wegen der sich ständig erweiternden Anbauflächen besonders für Mais, Hirse und Miscanthus negative Folgen haben könnte, wurden erste Untersuchungen an diesen Energiepflanzen durchgeführt. Als Infektionsmethode wurde eine in Südafrika entwickelte Agroinfektion genutzt. Hierdurch kann auf den Einsatz viruliferer Zikaden verzichtet werden, die eventuell entweichen könnten. Da Agroinfektionen mit kompletten Virusgenomen nur unter S2-Bedingungen durchgeführt werden dürfen, wurde auch die Persistenz der Agrobakterien in den Pflanzen untersucht. Um eventuell resistentes Material im weiteren Zuchtprozess nutzen zu können, ist der Negativ-Nachweis eine Voraussetzung. Erste Versuche zur Transmission des MSV mit einheimischen Vektoren wurden mit der Zikadenart *Psammodettix alienus* (Auchenorrhyncha: Cicadellidae) durchgeführt, dem Vektor des nahe verwandten *Wheat dwarf virus*.

Die Ergebnisse der Resistenztests und Transmissionsversuche werden vorgestellt.

07-2 - Mainka, C.¹⁾; Ortega, V.²⁾; Schulte, M.³⁾

¹⁾ Syngenta Seeds GmbH

²⁾ Syngenta Seeds S.A.S.

³⁾ Syngenta Agro GmbH

Breeding for *Helminthosporium turcicum* leaf disease resistance in early maize

Züchtung auf Resistenz gegen Helminthosporium-Blattdürre in frühreifen Maissorten

Helminthosporium turcicum (HT) is an upcoming disease in maize in Northern Europe. For infection temperatures of 18 °C and high leaf-moisture for more than eight hours advance the infestation. In years with special conditions (2007, 2008, 2011) the fungus can be found all over Germany, but also under cooler conditions in the Netherlands, Poland, Great Britain and Denmark. Cooler conditions favor the propagation with *Kabatiella zeae* ("eye spot"), which normally common in UK, could 2011 also be found in North Germany and the Netherlands. Warmer conditions favor *Helminthosporium carbonum*.

Helminthosporium turcicum ratings are also taken in varietal registrations trials in Germany; tolerance is a relevant factor for variety registration, even though the tolerance level is not indicated in the "Beschreibende Sortenliste". To face this new challenge for early-maturity groups of maize varieties, Syngenta started 2004 to integrate the screening of HT tolerance into the breeding process.

Breeding steps in pathology sites:

- Pre-Breeding: Screening of segregating populations lines "per se" testing in disease pressure environment.
- Line Development: "Topcross"-hybrids are tested in yield trials using disease screening. Elimination of susceptible genotypes.
- Product Evaluation: Potential varieties are characterized according to their disease tolerance level.

In locations offering reliable natural infection (Inn valley, Austria/Southern Germany; West-Bretagne, France), pre-breeding populations are screened and selected for HT tolerance. By this pre-selection the tolerance level of

segregating breeding populations can be improved before top cross and yield testing. Sources of tolerance are found in later material from North America and Italy, which has been developed under high disease pressure.

For development of high-yielding variety-components (lines) the Topcross-hybrids are also tested here and susceptible material is eliminated. It is the goal to improve the general level of HT tolerance. Several races of *Helminthosporium turcicum* are present in the field. According to the presence of various races and different genetic determinism on the germplasm, it is sometimes difficult to have a clear response on genetic tolerance behavior. The best way to have a stable tolerance is considered a quantitative approach to bring to the germplasm a global good tolerance to all pathotypes. A HT race-monitoring Syngenta is doing all over Europe, in 2011 identified a difficulty: While in the past years race 1 was dominant in the region, it was mainly race 2 in 2011. This changes the general behavior of the germplasm – some tolerant maize varieties become more susceptible. But a good "vertical" tolerance keeps the infection level often below the yield-relevant level. As a consequence of this observation, Syngenta in parallel to tolerance breeding pursues an alternative approach: fungicide solutions to be applied in case the natural tolerance of varieties is unsatisfactory or suddenly overcome by new HT races.

07-3 - Linkmeyer, A.; Hausladen, H.; Hückelhoven, R.; Hess, M.

Technische Universität München

Notwendigkeit und Potential von Fusariumresistenz in deutschen Sommergerstensorten

Necessity and potential of Fusarium resistance in German spring barley varieties

Monitoring-Untersuchungen an Erntegut von 2007 bis 2011 zeigten ein breites Auftreten verschiedener *Fusarium*-Arten an Sommergerste. Neben *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. sporotrichioides*, *F. poae*, *F. avenaceum* und *F. tricinctum* dominierte der Kornbefall mit *F. langsethiae*. Insbesondere 2007 wurden darüber hinaus erhöhte T-2- und HT-2-Gehalte im Erntegut gemessen. Anders zeigte sich der Befall in Wintergerste. Ähnlich dem Weizen war hier *F. graminearum* dominierend und führte insbesondere 2010 zu hohen DON-Kontaminationen im Korn.

Die Schadrelevanz der in dem Monitoring erfassten *Fusarium*-Arten wurde in dreijährigen Feldversuchen untersucht. Künstliche Inokulationen mit den T-2/HT-2-bildenden Arten *F. sporotrichioides* und *F. langsethiae* führten im Vergleich zum DON-Bildner *F. culmorum* nur zu schwacher Symptomausprägung an den Ähren. Alle drei Arten riefen aber starke Toxinkontaminationen im Erntegut hervor. Eine Abschätzung des Risikos für erhöhte Toxinwerte anhand sichtbarer Symptome war bei den Typ A Trichothecene bildenden Erregern demnach nicht möglich.

Im deutschen Gerstensortiment sind keine Resistenzen gegenüber Ährenfusariosen beschrieben. Daher wurde ein Resistenz-QTL aus einer Landsorte in den genetischen Hintergrund von vier deutschen Sommergerstensorten eingekreuzt und doppel-haploide Linien erzeugt. Insgesamt 129 doppel-haploide Linien, die für den Resistenz-QTL spalten, wurden durch künstliche Inokulation mit *F. culmorum* und *F. sporotrichioides* im Gewächshaus charakterisiert. Ein positiver Effekt des QTL auf den Fusarium-Befall konnte gezeigt werden. Durch die starke Heterogenität der Hintergründe und die quantitative Natur der Resistenz war der Effekt jedoch gering. Die Untersuchungen zeigen aber Potentiale der Resistenzzüchtung zur Kontrolle von Ährenfusariosen in Gerste auf. Ein möglicher Ansatz zur Verbesserung der Resistenzeigenschaften könnte sein, mehrere Resistenz-QTL im genetischen Hintergrund von Hochleistungssorten zu pyramidisieren.

07-4 - Rodemann, B.

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Anfälligkeit europäischer Weizensorten gegenüber *Drechslera tritici-repentis*, *Septoria tritici* und *Fusarium* sp.

Resistance phenotyping of European wheat cultivars against Drechslera tritici-repentis, Septoria tritici and Fusarium sp.

In einem BMBF-GABI-WHEAT-Projekt wurde die Populationsstruktur moderner deutscher und europäischer Weizensorten hinsichtlich Krankheitsresistenz, Ertrag und Ertragskomponenten evaluiert. Die Zielsetzung des Projektes war die Identifizierung von Assoziationen zwischen Daten molekularer Markeranalysen und o. g. Parameter als Basis für die Entwicklung neuer Weizensorten. Im Teilprojekt des Julius Kühn-Instituts wurde die Resistenz von 384 Weizenotypen gegenüber den Schaderregern *Fusarium graminearum* / *Fusarium culmorum*,

Drechslera tritici-repentis und *Septoria tritici* mit Hilfe künstlicher Inokulationen im Freiland untersucht.

In dem Beitrag sollen Ergebnisse der Phänotypisierung aus den Jahren 2009 und 2010 von verschiedenen Orten dargestellt und miteinander korreliert werden. Insbesondere die Zusammenhänge von Resistenz gegenüber Ährenfusariumbefall und Mykotoxinreduktion durch Sortengenetik sind wesentlicher Bestandteil der Präsentation. Aus dem Vergleich unterschiedlicher genetischer Ressourcen können neue Ansätze zur Kombination von Genotypen für zukünftige Sorten abgeleitet werden.

07-5 - Rieger, D.¹⁾; Labarre, A.²⁾

¹⁾ Belchim Crop Protection

²⁾ Goëmar

Resistenzinduktion mit Vacciplant (Laminarin)

Induction of resistance with Vacciplant (Laminarin)

Vacciplant, ein Produkt gewonnen aus Algen mit dem Wirkstoff Laminarin, aktiviert die Abwehrmechanismen von Pflanzen. Durch die induzierte erhöhte Abwehrleistung der Pflanzen wird dem Befall von Krankheiten (Pilze, Viren, Bakterien) vorgebeugt. Der aus den Algen extrahierte Wirkstoff Laminarin ist ein Oligosaccharid. Bei einem Einsatz sind keine Rückstände zu erwarten und keine Wartezeiten einzuhalten. Dies prädestiniert den Wirkstoff zu einem Einsatz in rückstandsrelevanten Kulturen wie z. B. Erdbeeren.

In Erdbeeren wurden seit 2010 Versuche mit Vacciplant durchgeführt, um den Einfluss auf die Fruchtfäuleerreger *Botrytis*, *Gnomonia* und *Colletotrichum* zu untersuchen. Neben den biologischen Wirkungsversuchen laufen aktuell Untersuchungen zum Einfluss der induzierten Resistenz mit Vacciplant auf die Resistenzentwicklung von *Botrytis* gegen chemische Fungizide.

07-6 - Fleischer, F.¹⁾; Volkmar, C.¹⁾; Lohwasser, U.²⁾; Börner, A.²⁾

¹⁾ Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

²⁾ Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben

Prüfung von Winterweizenherkünften auf Anfälligkeit gegenüber Weizengallmücken (*Sitodiplosis mosellana*, *Contarinia tritici*)

Examination of susceptibility of winter wheat genotypes to wheat midge infestation.

Im Jahre 2011 wurde im Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben ein Winterweizensortiment mit der Zielstellung untersucht, Resistenzen gegen die orangerote und gelbe Weizengallmücke (*Sitodiplosis mosellana*, *Contarinia tritici*) aufzufinden. Das Sortiment mit dem Namen Boris 96 enthält 96 verschiedene Winterweizenherkünfte aus 21 Ländern der Erde. Dabei unterscheiden sich die geprüften Genotypen deutlich in ihrem Phänotyp, so konnten unterschiedliche Wuchsformen, z. B. 'Tibet Dwarf' aus Tibet (kurzstrohig, 25 cm), 'Pobeda' aus Serbien (normale Weizenhöhe) oder 'Mironovska 808' aus der Ukraine (langstrohig, 130 cm), und Farbvariationen, z. B. 'S. Cerros' aus Mexiko (Rotfärbung), 'Hope' aus den USA (normale Weizenfärbung) oder 'ZG K T 159/82' aus Kroatien (Grünfärbung), erkannt werden. Auch bei der Ährenmorphologie sowie im Status der Begrannung zeigten sich weitere Unterschiede. 43 Genotypen weisen eine Begrannung auf und 53 keine. Außerdem bonitierten wir 2011 frühe, späte und intermediäre Entwicklungstypen.

Der Datenerfassung dienten Pheromonfallen, Weißschalen und Ährenproben. Die Pheromonfallen wurden am 11.05.2011 (BBCH 45) im Abstand von 15 Metern im Bereich der Versuchspartellen aktiviert und bis zum 13.07.2011 (BBCH 89) kontrolliert. Die Ermittlung der Flugaktivität der orangeroten Weizengallmücken erfolgte durch wöchentliche Auszählung (9 Termine) der Klebeböden. Mit Hilfe der Weißschalen konnte vom 01.06.2011 (BBCH 65-69) bis zum 13.07.2011 (BBCH 89-92) in jeder Parzelle die Aktivität der Weibchen und Männchen der beiden Gallmückenarten nachgewiesen werden. Das Hauptaugenmerk bei dieser Methode stellt jedoch die Erfassung der Abwanderung der Larven dar. Um noch genauer den Larvenbefall der Ähren festzuhalten, schnitten wir zu 3 Terminen 3 bzw. 6 Ähren pro Parzelle. Die Auszählung erfolgte in Form einer Ährenbonitur, bei der die Anzahl der Larven von *Sitodiplosis mosellana* und *Contarinia tritici* pro Spindelstufe und Ähre gezählt wurde.

Die Ergebnisse der Pheromonfallen am Standort Gatersleben zeigen eine gute Aktivität der orangeroten Weizengallmücke an. Im Maximum waren 59 Neufänge pro Falle und Woche zu verzeichnen. Aufgrund der 2011 herrschenden Frühsommertrockenheit entwickelte sich eine eher schwache Koinzidenz zwischen der Hauptflugzeit der Weizengallmücken und dem optimalen Entwicklungsstadium des Winterweizens für die Eiablage (BBCH 47-60). Die Weißschalenergebnisse wurden im Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben einer assoziationsgenetischen Studie unterzogen und mit den Programmen STRUCTURE und

TASSEL verrechnet. Es konnten zahlreiche hochsignifikante Marker-Merkmal-Assoziationen für beide Weizen-gallmückenarten auf verschiedenen Chromosomen gefunden werden. Weiterhin waren deutliche Unterschiede in der Anzahl der abgewanderten Larven zwischen den Genotypen zu verzeichnen, diese schwankten bei *Contarinia tritici*-Larven von 0 bis 46 aufsummiert über die 7 Boniturtermine und bei *Sitodiplosis mosellana*-Larven von 1 bis 113. Diese Prüfung auf Anfälligkeit wurde im Jahr 2012 mit dem gleichen Sortiment in Gatersleben nochmals durchgeführt. Im Vergleich zum Jahr 2011 war ein deutlich stärkeres Auftreten von *Contarinia tritici*-Imagines in den Weißschalen festzustellen. Auch zeigte sich in den Pheromonfallen mit 173 Neufängen pro Falle und Woche von *Sitodiplosis mosellana*-Männchen eine höhere Aktivität (Stand 18.06.2012).

Die Ergebnisse aus der Studie 2011 und 2012 werden in Form einer Masterarbeit 2013 zusammengefasst.

07-7 - Thieme, T.; Gloyna, K.

BTL Bio-Test Labor GmbH Sagerheide

Einflüsse von Dauerzucht auf die Biologie von tierischen Schaderregern: Nachweis für eine Domestikation und Probleme für die Resistenzzüchtung

Effects of long-term cultivation on the biology of pest species: evidence for domestication and problems for breeding for resistance

Zur Beantwortung unterschiedlichster Fragestellungen in der Pflanzenzüchtung und im Pflanzenschutz werden oft Testorganismen genutzt, die aus Dauerzuchten stammen. Für verschiedene tierische Schaderreger wird vorgestellt, dass durch die Haltung in Dauerzucht ein starker Selektionsdruck auf die Biologie der Tiere ausgeübt werden kann. Es wird an Beispielen demonstriert, welche Konsequenzen diese Selektionen auf die Versuchsergebnisse, u. a. in der Resistenzzüchtung, haben können. Vorschläge zur Lösung dieser Probleme werden unterbreitet.

07-8 - Menkhaus, J.; Ye, W.; Cai, D.

Christian-Albrechts-Universität Kiel

Identification and characterization of a superoxide-dismutase (SOD) and its role in the *Hs1^{pro-1}* mediated nematode resistance in sugar beet

*Identifizierung und Charakterisierung einer Superoxid-Dismutase (SOD) und deren Rolle in der *Hs1^{pro-1}* vermittelten Nematodenresistenz in der Zuckerrübe*

Resistance against beet cyst nematode (*Heterodera schachtii*) in sugar beet (*Beta vulgaris*) is controlled by the *Hs1^{pro-1}* locus. From the resistant sugar beet roots, the gene *BvGLP-2* was identified by use of the suppressive subtractive hybridization (SSH) strategy. The full length sequence has 727 bps in size and encodes a 225 amino acid protein. Blast sequence homology analysis revealed that *BvGLP-2* shares high similarity to various plant germin-like proteins (GLPs) and possesses all characteristic features of a germin-like protein. Phylogenetic analysis suggests that *BvGLP2* represents a new subfamily of germin-like proteins of sugar beet with variation in amino acid sequences and an elongation of N-terminal end in comparison with known GLPs of sugar beet. Enzyme activity in gel assays revealed that *BvGLP2* is a H₂O₂-generating superoxide dismutase and no oxalate oxidase activity was observed. Transcript analysis by RT-PCR and northern hybridization with RNA from leaves and roots demonstrated that *BvGLP-2* was constitutively expressed in both resistant and susceptible beet roots. The transcript level was strongly elevated after nematode infection but only in resistant and not in susceptible beet roots. To explore the functional role of *BvGLP-2* in nematode resistance, we transferred the gene into sugar beet roots and *Arabidopsis thaliana* plants and challenged these with nematode infection, in which non-transformed roots and plants served as a control. Over-expression of the gene leads to significant reduction in the number of nematode females in beet roots as well as *Arabidopsis* plants when compared to the control. By contrast, knock-out of a *BvGLP2* homologous gene from the genome of *Arabidopsis* Columbia, an ecotype showing partial nematode resistance, resulted in enhanced susceptibility of *Arabidopsis* mutants to nematode infection. Transcript profiling experiments revealed that the transgene *BvGLP2* specifically activates a serine/threonine kinase (OX11) in transgenic *Arabidopsis* plants expressing *BvGLP2*. These data strongly support that *BvGLP-2* encoding a superoxide dismutase mediates the *Hs1^{pro-1}*-nematode resistance by activation of the gene OX11. A functional model of *BvGLP-2* mediated signaling pathway to nematode resistance is discussed.