

---

## **Resistenzzüchtung / Widerstandsfähigkeit gegen Schadorganismen**

---

### **108 - Identifikation hochwirksamer bisher nicht genutzter Braun- und Gelbrostresistenzen in genetischen Ressourcen des Weizens**

*Characterization of wheat genetic resources to identify unknown leaf rust and stripe rust resistances*

**Ulrike Beukert, Albrecht Serfling, Frank Ordon**

Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz

Durch resistente Weizensorten können Ernteverluste umweltschonend minimiert werden. Die Identifikation neuer Resistenzgene in genetischen Ressourcen spielt eine wichtige Rolle, um Epidemien durch Getreideroste zu vermeiden. Dafür werden die ca. 9700 Winterweizenakzessionen der ex-situ Genbank des IPK Gatersleben auf ihre Resistenz gegenüber Gelb- und Braunrost untersucht. Die Phänotypisierung erfolgt sowohl in Feld- als auch in Gewächshausversuchen mit definierten hochaggressiven Rassen des Braun- und Gelbrosts. Alle Genotypen werden in Blattsegmenttests mit Hilfe digitaler Bilderfassung im Hochdurchsatz (digitale Erfassung der Blattsegmente durch Robotertechnik Macrobot) ausgewertet. Genotypen, die eine quantitative, rassenunspezifische Resistenz aufweisen, werden mit Hilfe von mikroskopischen und molekularen Techniken detailliert untersucht. Von den bisher untersuchten 4600 Genotypen zeigten 14,1 % bzw. 14,7 % eine qualitative Resistenz gegen Braunrost bzw. Gelbrost und 48,6 % bzw. 44,5 % eine quantitative Resistenz gegen Braunrost bzw. Gelbrost. Eine kombinierte Resistenz konnte in 4,7 % (216) der analysierten Genotypen nachgewiesen werden. Diese sind besonders zur simultanen Verbesserung der Braun- und Gelbrostresistenz geeignet.

### **109 - Rassen und Resistenzen im Pathosystem Weizenschwarzrost in Deutschland**

*Races and resistances of the pathosystem wheat stem rust in Germany*

**Kerstin Flath<sup>1</sup>, Nicole Sommerfeldt<sup>2</sup>, Anne-Kristin Schmitt<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland  
Julius Kühn-Institut, Institut für Strategien und Folgenabschätzung

Weizenschwarzrost gefährdet weltweit die Getreideproduktion. Besonders die Rasse Ug99 und ihre Abkömmlinge breiten sich schnell nordwärts aus. Auch in Europa wird Schwarzrost durch zunehmende Sommertemperaturen begünstigt. Im Juni 2013 trat die Krankheit erstmals wieder in Deutschland auf. In Zusammenarbeit mit amerikanischen Wissenschaftlern der Universität Minnesota konnten neun Rassen identifiziert werden. Die aggressive Rasse Ug99 war nicht dabei, aber auch die in Deutschland aufgetretenen Schwarzrost-Rassen erwiesen sich als hochvirulent. Die am weitesten verbreitete Rasse (TKTTF) ist auch aus der Türkei, Asien und Ostafrika bekannt, wo sie in Äthiopien Ertragschäden bis hin zum Totalausfall anrichtete. Dies zeigt eindrucksvoll, wie wichtig ein regelmäßiges Monitoring der Rostpopulationen ist, wie es im Rahmen eines Forschungsprojektes markerbasiert entwickelt wird. Um das vom Schwarzrost ausgehenden Risikopotenzials für die deutsche Landwirtschaft abschätzen zu können, wurde das aktuelle Weizensortiment in Labor- und Feldtests mit den Haupttrassen aus 2013

inokuliert. Dabei ergab sich, dass auf rund 80 % der deutschen Weizenanbaufläche mittel- bis hochanfällige Sorten angebaut wurden. Dies zeigt das enorme Schadpotenzial dieses Pilzes. Aus diesem Grund ist im Hinblick auf eine prädikative Resistenzzüchtung dringender Handlungsbedarf geboten, um in Deutschland adaptierte Resistenzquellen zu ermitteln und mit Markern abzudecken, damit sie unmittelbar von deutschen Zuchtunternehmen genutzt werden können.

### **110 - Züchterische Nutzbarmachung von Resistenz gegen BaMMV/BaYMV und Toleranz gegenüber BYDV aus *Hordeum bulbosum***

*Utilization of resistance against BaMMV/BaYMV and tolerance against BYDV derived from *Hordeum bulbosum**

**Julia Kretsch<sup>1</sup>, Dragan Perovic<sup>1</sup>, Antje Habekuß<sup>1</sup>, Viktor Korzun<sup>2</sup>, Klaus Oldach<sup>2</sup>, Neele Wendler<sup>2</sup>, Frank Ordon<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz

<sup>2</sup>KWS LOCHOW GMBH

Viruserkrankungen verursachen jährlich hohe Ertragsverluste im Gerstenanbau. Um diese zu verhindern, stehen zwei Möglichkeiten zur Verfügung: zum Einen die Kontrolle virusübertragender Vektoren und zum Anderen die Resistenzzüchtung. Die Bekämpfung des blattlausübertragenen Barley yellow dwarf virus (BYDV) durch eine insektizide Vektorenbekämpfung wird aufgrund der Resistenzentwicklung der Blattläuse gegenüber den Wirkstoffen und sich verschärfender Anwendungsbestimmungen zunehmend eingeschränkt. Eine chemische Kontrolle des bodenbürtigen Protisten *Polymyxa graminis*, den Übertäger von Barley mild mosaic virus/Barley yellow mosaic virus (BaMMV/BaYMV), ist nicht möglich. Eine Quelle zur Erweiterung der in Kulturgerste (*H. vulgare*) vorhandenen genetischen Basis der Resistenz/Toleranz, stellt *Hordeum bulbosum* dar.

Die *H. bulbosum* Introgressionslinie 203S11 trägt auf dem Chromosom 2HL sowohl eine Resistenz gegen BaMMV/BaYMV (Rym16), als auch die Toleranz Ryd203S11Hb gegen BYDV. Nach einer Rückkreuzung dieser Introgressionslinie mit der Gerstensorte 'Emir' konnten mit Hilfe von 31 molekularen Markern DH Linien identifiziert werden, welche die Introgressionen Rym16 oder Ryd203S11Hb tragen. Diese dienen als Ausgangsmaterial für Kartierungspopulationen, mit deren Hilfe die Toleranz-/Resistenzloci unter Nutzung von -omics Technologien und genomischen Ressourcen genetisch eingrenzt und schließlich mittels kartengestützter Klonierung isoliert werden sollen.

### **111 - Evaluation of quantitative resistance against *Leptosphaeria maculans* in *Brassica napus* based on inoculation at different plant tissues**

*Bewertung der quantitativen Resistenz von *Brassica napus* gegen *Leptosphaeria maculans* anhand der Inokulation verschiedenen Pflanzengewebes*

**Dima Alnajjar, Andreas von Tiedemann, Birger Koopmann**

Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz

*Leptosphaeria maculans* is one of the most important pathogens on oilseed rape. Using resistant cultivars is proved to be the best method to manage *L. maculans*. Two types of resistance are generally described; R-gene mediated resistance and quantitative resistance. R-gene resistance is usually expressed on cotyledons by hypersensitive responses. On the other hand, adult plant resistance can only be evaluated at the end of the season at the

stem bases. Recent studies stated that combining R genes and quantitative resistance increases the effectiveness of cultivar resistance. Few studies have investigated the mechanisms of quantitative resistance against *L. maculans*. The infection pathway of the hemibiotroph *L. maculans* goes through different plant tissues; penetration of the leaves, symptomless transfer through the petioles and finally the formation of a basal stem canker at the stem base. This study aims to investigate whether quantitative resistance mechanisms cease the pathogen development even before *L. maculans* reaches the stem bases. In this experiment, seven varieties were inoculated using four different inoculation methods. The plants were inoculated either by spraying with spore suspension  $10^7$  spores/ml on the (1) leaf upper side or (2) leaf lower side or by mycelial agar plug application (3) directly on the petiole or (4) at the stem base. Disease phenotyping was applied based on a scale from 1-9 based on a modified scale from Kutcher et al. 1993 where the volumes of diseased tissues are calculated. Under controlled conditions, the results showed that the varieties reacted differently based on the inoculum placement. By spraying spore suspension on the lower side of the leaves, one variety showed to be more susceptible than the susceptible check. Whereas, inoculation by agar plug on either the stem or the petiole induced the highest disease severity on the susceptible check compared to the other varieties. Other cultivars in this experiment were consistently classified resistant regardless of the used inoculation method. The isolate used in this study, was examined at cotyledon level and showed virulence reactions with all tested varieties. Thus, the differences between the varieties are likely attributed to quantitative resistance in different plant tissues rather than to monogenic qualitative resistance.

#### Literatur

Kutcher, H. R.; van den Berg, C.G.J.; Rimmer, S. R. (1993): Variation in pathogenicity of *Leptosphaeria maculans* on Brassica spp. based on cotyledon and stem reactions. In Canadian Journal of Plant Pathology 15 (4), pp. 253–258. DOI: 10.1080/07060669309501920.

## 112 - Untersuchungen zur organspezifischen Resistenz von Raps gegen *Sclerotinia sclerotiorum*

*Investigations on organ specific resistance of oilseed rape against Sclerotinia sclerotiorum*

**Antonia Wilch<sup>1</sup>, Christoph Crocoll<sup>2</sup>, Andreas von Tiedemann<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz

<sup>2</sup>University of Copenhagen, Department of Plant and Environmental Sciences, Section of Plant Molecular Biology

*Sclerotinia sclerotiorum* ist ein weltweit verbreitetes Pathogen und befällt über 400 verschiedene Wirtspflanzenarten. An Raps (*B. napus*) verursacht der Erreger die Weißstängeligkeit und kann zu hohen Ertragseinbußen führen. Gegenwärtig gibt es keine Resistenz in kommerziellen Rapsorten. Auch bei 197 Brassica Linien, darunter Winterraps, Sommerraps, chinesische Sorten, Steckrübe und Kohl, die im Zuge dieser Arbeit gescreent wurden, ergab sich lediglich eine Variation der Anfälligkeit. Da bei Raps in der Regel keine Infektion der Wurzel erfolgt, wurde eine möglicherweise bestehende organspezifische Resistenz gegenüber *S. sclerotiorum* untersucht. Im Gewächshaus wurden blühende Rapspflanzen einer anfälligen (Loras) und einer partiell resistenten Sorte (Zhongyou 821) am Stängel, an der Wurzel und am Hypocotyl inokuliert. Es zeigte sich, dass das Hypocotyl anfälliger ist als der Stängel und die Wurzel. Im Hypocotyl ist auch in der anfälligen Sorte Loras die Peroxidaseaktivität infolge der Infektion erhöht. Bei der Analyse der Glucosinolate stellte sich heraus, dass Loras wesentlich niedrigere Gesamtkonzentrationen enthält als Zhongyou 821. Einzelne Glucosinolate sind jedoch im Hypocotyl erhöht, andere

im Stängel. Die Wurzel wies generell die höchste organspezifische Resistenz auf. Das Längenwachstum der Läsionen war im Vergleich zum Stängel und Hypocotyl verlangsamt und der Pilz war nicht in der Lage, in den Zentralzylinder einzudringen. Dies ging mit den wesentlich höheren Gesamtglucosinolatgehalten in der Wurzel einher. In allen Organen zeigten einzig die indolischen Glucosinolate eine Reaktion auf den Befall, indem die Gehalte zunahmen. Dieser Effekt konnte in beiden Sorten beobachtet werden. Histologische Untersuchungen zeigen deutlich differenzierte Kolonisierungsmuster der Pilzhyphen in den verschiedenen Organen: Während im Stängel zielgerichtetes, interzelluläres Wachstum der Hyphen im Cortex in Längsrichtung erkennbar ist, verbreitet sich der Pilz im Hypocotyl auch in Querrichtung und nutzt dabei mitunter die Zellwandtüpfel. Die biochemischen und histologischen Untersuchungen belegen eine höhere organspezifische Resistenz der Wurzel im Vergleich zum Stängel gegenüber *S. sclerotiorum*.

### **113 - Evaluierung der Resistenzeigenschaften neuer pilzwiderstandsfähiger Rebsorten**

*Evaluation of resistance properties of new fungal - tolerant grapevine varieties*

**Birgit Eisenmann<sup>1,2</sup>, Sebastian Hörsch<sup>1</sup>, Andreas Kortekamp<sup>1</sup>, Manuel Wörthmann<sup>2</sup>, Jochen Bogs<sup>1,3</sup>**

<sup>1</sup>Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum (DLR) Rheinpfalz

<sup>2</sup>Weincampus Neustadt

<sup>3</sup>Fachhochschule Bingen

Der Weinbau weltweit basiert auf traditionellen, europäischen Rebsorten (*Vitis vinifera* L.) die gegen den Falschen Mehltau (*Plasmopara viticola*) und den Echten Mehltau (*Erysiphe necator*) hoch anfällig sind. In der Praxis stellt die hohe Empfindlichkeit der europäischen Weinrebe gegenüber diesen Pathogenen ein erhebliches Problem dar und erfordert einen umfangreichen Pflanzenschutz (Muthmann and Nadin, 2007). Um die daraus entstehenden ökologischen und ökonomischen Nachteile zu minimieren, sind pilzwiderstandsfähige Rebsorten (Piwis) eine vielversprechende Alternative. Für die Züchtung dieser Sorten wurden Resistenzquellen gegen den Falschen und Echten Mehltau aus amerikanischen und asiatischen *Vitis*-Arten genutzt (Eibach et al. 2010, Jürges et al. 2009). Allerdings ist über den Resistenzgrad dieser neuen Sorten und das tatsächliche Fungizideinsparpotenzial im Weinberg wenig bekannt. Daher wurde im ersten Teil des Projekts die Infektions- und Sporulationsfähigkeit sowie die Entwicklung von *P. viticola* bei verschiedenen Piwis und konventionellen Sorten untersucht und verglichen. Um das Einsparungspotential von Pflanzenschutzmitteln bei pilzwiderstandsfähigen Rebsorten zu evaluieren, wurden Varianten mit reduzierter Anwendungszahl an Pflanzenschutzbehandlungen in Feldversuchen an unterschiedlichen Standorten mit zwei ausgesuchten Piwi - Sorten getestet. Die Ergebnisse der letzten drei Versuchsjahre haben gezeigt, dass es in Abhängigkeit der Sorte und der Wetterbedingungen möglich ist, Pflanzenschutzbehandlungen um bis zu 75 % zu reduzieren (Eisenmann et al. 2017).

Im zweiten Teil des Projektes werden die molekularen Grundlagen der unterschiedlichen Abwehrmechanismen verschiedener Rebsorten, die den Rpv 3.1, den Rpv 3.1 und Rpv12 oder keinen Resistenzlocus enthalten, untersucht. Dafür wurden vergleichende Infektionsstudien und Genexpressionsstudien durchgeführt. Hierbei konnte zum einen gezeigt werden, dass die Akkumulation von Stilbenen bei dem Rpv3.1 zugrunde liegenden Abwehrmechanismus eine Rolle spielen könnte, wohingegen die erfolgreiche Abwehr bei der Rebsorte mit der Kombination aus den Resistenzloci Rpv3.1 und Rpv12 auf anderen

Mechanismen zu beruhen scheint. Des Weiteren konnten differentiell exprimierte Gene zwischen den verschiedenen Genotypen identifiziert werden. Ziele dieses zweiten Projektteils sind die Identifizierung und Charakterisierung dieser Resistenzgene sowie Untersuchungen zu ihrer Rolle bei den unterschiedlichen Abwehrreaktionen der anfälligen und resistenten Rebsorten. Die Erkenntnisse über verschiedenen Abwehrmechanismen könnten genutzt werden, um so tatsächlich verschiedene Resistenzmechanismen in einer Sorte zu kombinieren und dadurch eine nachhaltige Resistenz der Neuzüchtungen gewährleisten.

#### Literatur

- EIBACH, R., HAUSMANN, L., TOEPFER, R. 2010: Use of genetic diversity for grapevine resistance breeding. *Mitt Klosterneuburg* 60:332–337
- EISENMANN B., KORTEKAMP A., BOGS J. 2017: „Widerstandskämpfer gegen Mehltau.“ *Das Deutsche Weinmagazin* 11, 16-19.
- JÜRGES, G., KASSEMEYER, H., DÜRRENBARGER, M., DÜGGELIN, M., NICK, P. 2009: The mode of interaction between *Vitis* and *Plasmopara viticola* Berk. & Curt. Ex de Bary depends on the host species. *Plant Biology*, 11: 886-898. doi:10.1111/j.1438-8677.2008.00182.x.
- MUTHMANN R., NADIN P. 2007: The use of plant protection products in the European Union.

### **113a - Identifizierung und Charakterisierung von Apfelenotypen mit erhöhter Widerstandsfähigkeit gegenüber der frühzeitigen Blattfallkrankheit (*Marssonina coronaria*)**

*Identification and characterization of apple genotypes with resistance to premature leaf fall (Marssonina coronaria)*

**Thomas Wöhner, Andreas Peil, Henryk Flachowsky**

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an Obst

Die frühzeitige Blattfallkrankheit wird durch den Pilz *Marssonina coronaria*, Ellis & J. J. Davis, verursacht und ist seit 2010 in ökologisch bewirtschafteten Apfelanlagen in Süddeutschland, der Schweiz, Österreich und Italien zu beobachten. In diesen Gebieten gewinnt die ökologische Erzeugung von Äpfeln zunehmend an Bedeutung. Eine erfolgreiche Bekämpfung des Erregers ist mit den dort zugelassenen Pflanzenschutzmitteln nur begrenzt möglich. Gerade die im ökologischen Anbau häufig verwendeten Apfelsorten sind gegenüber dieser Krankheit stark anfällig. Bei Befall bilden sich zunächst auf den Blättern kleine braune Flecken, welche sich schnell zu nekrotischen Bereichen ausdehnen und anschließend zu chlorotischen Verfärbungen größerer Blattbereiche führen. Folglich kann es zu einem frühzeitigen Blattfall kommen. Die Züchtung widerstandsfähiger Apfelsorten ist deshalb ein wichtiger Baustein bei der Bekämpfung dieser Krankheit. Dazu müssen geeignete Genotypen identifiziert werden. Aus diesem Grund wurden erste Untersuchungen zur Anfälligkeit von Apfelsorten gegenüber *Marssonina coronaria* am JKI in Dresden durchgeführt. Dabei zeigte sich, dass nahezu alle getesteten Sorten eine starke Anfälligkeit gegenüber dieser Krankheit aufwiesen. Im Gegensatz dazu konnten bei ähnlichen Arbeiten in Asien verschiedene widerstandsfähige Apfelenotypen gefunden werden. Bei Freilandbonituren im Versuchsfeld des JKI in Dresden wurde kürzlich eine Wildartenakzession (MAL0419) identifiziert, die ebenfalls widerstandsfähig zu sein scheint. Diese Akzession zeigte bislang keine Symptome dieser Krankheit. Dieses Ergebnis wurde anschließend mithilfe einer gezielten Inokulation verifiziert. Dazu wurden Blätter von MAL0419 im Vergleich zur anfälligen Apfelsorte 'Idared' im Labor und im Gewächshaus künstlich inokuliert. Nachfolgende mikroskopische Untersuchungen zeigten, dass auf den Blättern der Sorte 'Idared' im frühen Befallsstadium typische Erregerstrukturen wie Hyphen, Azervuli und Haustorien identifiziert werden konnten. Dagegen bildete MAL0419 keine dieser

Strukturen aus. Die Ergebnisse geben erste Hinweise, dass MAL0419 als potentieller Donor für Widerstandsfähigkeit gegenüber frühzeitigem Blattfall in zukünftigen Züchtungsvorhaben genutzt werden kann. In künftigen Untersuchungen muss nun geklärt werden, ob und in welchem Ausmaß die Widerstandsfähigkeit von MAL0419 an Nachkommen vererbt wird.

### **114 - Neues Konzept für die ökologische Tomatenzüchtung – Widerstandsfähigkeit gegenüber der Samtfleckenkrankheit**

*A new concept for organic tomato breeding – resistance against tomato leaf mold*

**Ulrike Meyer<sup>1</sup>, Ute Gärber<sup>1</sup>, Ulrike Behrendt<sup>2</sup>, Florian Jordan<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst

<sup>2</sup>Kultursaat e.V.

In Deutschland wurde im ökologischen Tomatenanbau in den vergangenen Jahren ein verstärktes Auftreten der Samtfleckenkrankheit, verursacht durch den Pilz *Passalora fulva*, beobachtet. Aufgrund der hohen Mutationsfähigkeit des Pilzes (Entstehung neuer Pathotypen) werden zunehmend die vorhandenen, monogen bedingten Resistenzen von bewährten Sorten durchbrochen (THOMMA et al. 2005, DE WIT & JOOSTEN 1999 MICHEL 2016).

Das hier vorgestellte Projekt, das in Zusammenarbeit mit Kultursaat e.V. bearbeitet wird, befasst sich mit neuen, auf das Pathosystem angepassten Züchtungsstrategien sowie der Erschließung und Validierung neuer Resistenzquellen mittels reiner Kreuzungszüchtung. Die neu entstandenen Linien sollen nach der CPVO (Community Plant Variety Office)-Richtlinie CPVO-TP/044/4 Rev 2 auf ihre Widerstandsfähigkeit gegenüber lokal bedeutsamen Erregerstämmen überprüft werden. Zudem wird eine Erfassung und Bestimmung der an wichtigen Anbaustandorten in Deutschland vorkommenden Pilzstämmen anhand eines Differentialsortimentes erfolgen. Bisher wurden Erregerstämmen von *P. fulva* von den beiden Züchterstandorten, Holste in der Nähe von Bremen und Überlingen am Bodensee, isoliert und für weitere Untersuchungen in Kultur genommen.

Das Erregerspektrum an den beiden Züchterstandorten (Holste und Überlingen) unterscheidet sich deutlich voneinander, was am unterschiedlichen Befall der Zuchtlinien an den Standorten deutlich wird. Dabei kommt es bei einzelnen Linien aus Hybrid-Nachkommenschaften (x16, x17, x24, x25, x31, x32) in der F1-Generation zu Aufspaltungen. Die symptomlos bleibenden Pflanzen sollen in der kommenden Saison züchterisch weiterbearbeitet werden, perspektivisch bis zum Erreichen der F4-Generation.

In den am Julius Kühn-Institut durchgeführten Resistenzversuchen (Klimakammer und Gewächshaus) spalteten ebenfalls die o.g. Linien sowie zusätzlich x1, x3, x6, x9, x17a in ihrer Empfindlichkeit gegenüber dem Erreger auf und sollen in die weitere Züchtungsarbeit einbezogen werden.

Nur eine der überprüften Linien (x8) zeigte sowohl am Julius Kühn-Institut als auch in Holste, jedoch nicht in Überlingen, starken Befall mit *P. fulva*. Die als mögliche Kandidaten für eine Immunreaktion (HR) einbezogenen Zuchtlinien ph49 und ph50 wiesen ebenfalls einen deutlichen Befall mit der Samtfleckenkrankheit auf.

Die sich anschließenden Arbeiten werden neben der züchterischen Weiterentwicklung der vielversprechenden Tomaten-Linien (Kultursaat e.V.) das weitere Sammeln und Aufbereiten neuer Pathovarianten des Pilzes von verschiedenen Anbaustandorten in Deutschland sowie Resistenzversuche unter kontrollierten Bedingungen (Julius Kühn-Institut) umfassen.

Das Projekt wird durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft gefördert.

Literatur

DE WIT, P. J. G. M., JOOSTEN, M. H. A. J., 1999: Avirulence and resistance genes in the *Cladosporium fulvum*-tomato interaction. *Curr. Opin. Microbiol.* **2** (4), 368-373.

MICHEL, V., 2016: Neue Rasse des Erregers der Samtfleckenkrankheit an Tomaten. *Gemüse* 4/2016, 24-25.

THOMMA, B. P. H. J., VAN ESSE, H. P., CROUS, P. W., DE WIT, P. J. G. M., 2005: *Cladosporium fulvum* (syn. *Passalora fulva*), a highly specialized plant pathogen as a model for functional studies on plant pathogenic Mycosphaerellaceae. *Mol. Plant Pathol.* **6** (4), 379-393.

## **115 - Markergestützte Entwicklung von Kartoffelsorten mit dauerhafter Resistenz gegen den Nematoden *Meloidogyne chitwoodi***

*Marker assisted breeding of potato cultivars with durable resistance towards the nematode *Meloidogyne chitwoodi**

**Janine König<sup>1</sup>, Johannes Hallmann<sup>2</sup>, Hans-Reinhard Hofferbert<sup>3</sup>, Eckhard Tacke<sup>4</sup>, Frank Ordon<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz

<sup>2</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

<sup>3</sup>Böhm-Nordkartoffel Agrarproduktion GmbH & Co. OHG

<sup>4</sup>BIOPLANT

In Deutschland wurde *Meloidogyne chitwoodi* erstmals Mitte der 1990er Jahre nachgewiesen. In einzelnen Regionen Frankreichs, Belgiens und den Niederlanden ist der Nematode *Meloidogyne chitwoodi* bereits weit verbreitet und stellt ein Problem im Kartoffelanbau dar. Weiter verstärkt wird die Problematik dadurch, dass im aktuellen Kartoffelsortiment keine Resistenzen gegen *M. chitwoodi* vorhanden sind und ein Fruchtwechsel aufgrund des breiten Wirkkreises dieser Art kaum zur Eindämmung geeignet ist.

In den drei Kartoffelwildarten *S. hougasii*, *S. bulbocastanum* und *S. fendleri* konnte jeweils ein Resistenzgen auf dem Chromosom XI identifiziert werden. Die Resistenz ist allerdings mit negativen Eigenschaften der Wildart gekoppelt, welche zu Ertragseinbußen führen (linkage drag) und somit durch Auskreuzung entfernt werden müssen. Um dies effizient durchführen zu können, sind molekulare, diagnostische Marker ein geeignetes Hilfsmittel. Für deren Entwicklung wurde eine hochauflösende genetische Karte mit Hilfe des DArTseq-Genotyping, bei dem die Eltern und 188 BC6 Linien analysiert wurden, erstellt. In Verbindung mit den phänotypischen Daten konnte so das Resistenzgen auf dem Chromosom XI kartiert werden und in Homologie verglichen auf Sequenzebene (BLAST) der allelspezifischen Marker mit Sequenzen der physikalischen Karte aus *S. tuberosum* ssp. *phureja* co-dominante Marker zum Nachweis des Resistenzgens entwickelt werden. Für ein nachhaltiges Resistenzmanagement ist es zudem essentiell, dass einander komplementierende Resistenzen kombiniert werden (Pyramidisierung), um so eine Selektion Resistenz-brechender Isolate zu verhindern. Deshalb sollen in weiterführenden Arbeiten weitere Resistenzquellen in Wildart-Akzessionen identifiziert werden.