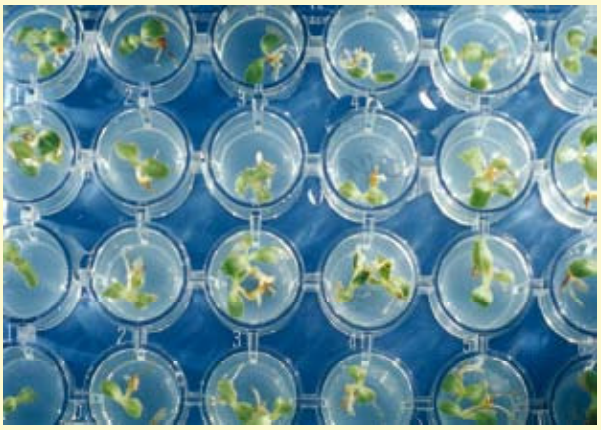
Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

Bundesministerium für
Ernährung, Landwirtschaft
und Verbraucherschutz

Innovationstage 2008



Pflanzenzüchtung

Pflanzenschutz

PT Innovations-förderung.

Ziel des Programms zur Innovationsförderung des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) ist die Unterstützung von technischen und nicht-technischen Innovationen in Deutschland in den Bereichen Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz. Durch Stärkung der wirtschaftlichen Innovationskraft, Schaffung und Sicherung von Arbeitsplätzen, Schonung natürlicher Ressourcen und Verbesserung der Arbeitsbedingungen soll somit die Wettbewerbsfähigkeit in diesen Bereichen gestärkt werden.

Eine Vielzahl von Unternehmen und kooperierenden Forschungspartnern haben bisher die vom BMELV veröffentlichten Bekanntmachungen genutzt, um Ideenskizzen beim Projektträger Innovationsförderung in der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) einzureichen. Viele richtungsweisende Projekte konnten bereits auf den Weg gebracht werden.

Im Mittelpunkt der Innovationstage 2008 stehen die landwirtschaftlichen Produktionszweige Pflanzenbau und Gartenbau. Ihnen ist gemeinsam, dass Sie im globalen Wettbewerb nur bestehen können, wenn hier verstärkt Innovationen forciert werden. Nur mit innovativem produktionstechnischem Know How und neuen Betriebsmitteln kann die gute fachliche Praxis weiterentwickelt werden. Nachhaltige Landwirtschaft sichert unsere Zukunft. Innerhalb der o.g. Produktionszweige wird jeweils ein prägnanter Überblick über die Pflanzenzüchtungs- und Pflanzenschutz-Vorhaben und deren ersten Ergebnisse gegeben. In der Pflanzenzüchtung steht hierbei die Züchtung neuer widerstandsfähiger Sorten im Vordergrund - beim Pflanzenschutz die Förderung von Innovationen zur Reduzierung der Anwendung von Pflanzenschutzmitteln.

Die Vorträge sollen den Erfahrungsaustausch zwischen den Akteuren forcieren und eine konstruktive Diskussion anregen. Viel Spaß beim Mitmachen und Durchschauen des Tagungsbandes.

Dorothée Hahn und Matthias Ziegler
(Projektträger Innovationsförderung)

Impressum:

Herausgeber:
Bundesanstalt für Landwirtschaft und
Ernährung (BLE)
Deichmanns Aue 29
53179 Bonn
www.ble.de

Titelfotos:
www.oekolandbau.de / Copyright BLE / Thomas Stephan

Inhaltsverzeichnis

Innovationen im Pflanzenbau

Modul: Pflanzenzüchtung

„Pyramidisierung von QTL im Hinblick auf eine Verbesserung der Barley yellow dwarf virus (BYDV) Toleranz der Gerste und genetische Analyse der Toleranz gegenüber Wheat dwarf virus (WDV)“

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP); Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz..... 5

„Analyse und Integration wirksamer Mehltauresistenzen in Triticale“

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP); Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland..... 7

„Ährenfusariosen bei Triticale - Einsatz neuer Methoden zur züchterischen Verbesserung der Resistenz“

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP); Universität Hohenheim – Landessaatzuchtanstalt..... 9

„Umfassende *Rhynchosporium secalis* Resistenz bei Gerste – von der Kartierung über die Entwicklung diagnostischer Selektionsmarker zum Pre-Breeding Material“

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP); Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) - Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung..... 10

„Kartierung und züchterische Nutzung neuer Resistenzquellen gegen die Weizenblattdürre (*Pyrenophora tritici-repentis*)“

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP); Saaten-Union Resistenzlabor GmbH - Betriebsstätte Gatersleben; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz..... 12

„Entwicklung und Einsatz innovativer Züchtungsstrategien zur Sicherung und Erhöhung des Ertrages und der Anbaubedeutung der Blauen Süßlupine (*Lupinus angustifolius* L.)“

Saatzucht Steinach GmbH; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen..... 14

„Selektion und Charakterisierung von Gerste mit Resistenz gegen freilebende Nematoden“

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel - Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung mit Kofinanzierer Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH..... 16

Modul: Pflanzenschutz

„Entwicklung eines Verfahrens zum biologischen Abbau des Inokulums strohbürtiger pilzlicher Pathogene im Getreide- und Rapsanbau auf Basis des pilzlichen Antagonisten *Microsphaeropsis ochracea*“

PROPHYTA Biologischer Pflanzenschutz GmbH; Georg-August-Universität Göttingen - Fakultät für Agrarwissenschaften - Department für Nutzpflanzenwissenschaften - Abt. Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz..... 18

„Optimierung der Biofumigation zur nicht-chemischen Bekämpfung bodenbürtiger Schaderreger“

P.H. Petersen Saatzucht Lundsgaard GmbH & Co. KG; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik; Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Grossbeeren/Erfurt e.V. - Abteilung Pflanzengesundheit; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz..... 20

„Prognosemodell für Massenvermehrungen von Feldmäusen“

proPlant Gesellschaft für Agrar- und Umweltinformatik mbH; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst..... 22

„Erweiterung des Prognose- und Entscheidungsmodells SIMSEPT durch ein Sortenmodul zur optimierten Bekämpfung von *Septoria tritici* und *Stagonospora nodorum* in Winterweizen“

Informationssystem Integrierte Pflanzenproduktion (ISIP) e.V.; Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz (ZEPP)..... 23

„Erstellung eines softwaregestützten Prognosemodells für die effektive Bekämpfung des Maiszünslers“

proPlant Gesellschaft für Agrar- und Umweltinformatik mbH; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Biologischen Pflanzenschutz..... 25

„Einsatz von Geografischen Informationssystemen im Internet zur Optimierung von Entscheidungshilfesystemen“

Informationssystem Integrierte Pflanzenproduktion (ISIP) e.V.; Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz (ZEPP)..... 27

Innovationen im Gartenbau (inkl. Wein- und Hopfenbau)

Modul: Pflanzenzüchtung

„Entwicklung von Zuchtmaterial von Basilikum (*Ocimum basilicum* L.) mit Resistenz gegen Falschen Mehltau (*Peronospora* sp.) und erhöhter Kältetoleranz“

GHG Saaten GmbH; Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Grossbeeren/Erfurt e.V. - Abteilung Pflanzengesundheit..... 29

„Biotechnologische und molekulare Methoden zur züchterischen Nutzbarmachung von Bakterienresistenz (*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*, *Ralstonia solanacearum*) bei Pelargonien“

Elsner pac Jungpflanzen GbR; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz..... 31

„Erschließung neuer Resistenzquellen in der Gattung *Gaultheria* gegen den Pilz *Colletotrichum gloeosporioides*“

Gartenbau Holz GBR; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst (ZGO)..... 33

„Verbesserung der abiotischen Stresstoleranz ausgewählter Zierpflanzen durch die Expression von Transkriptionsfaktoren“

Klemm + Sohn GmbH & Co. KG..... 35

„Züchtung von resistenten Hopfen mit besonderer Eignung für den Anbau in Niedriggerüstanlagen“

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) - Institut für Pflanzenbau u. Pflanzenzüchtung, AB Hopfen mit Kooperationspartnern Gesellschaft für Hopfenforschung (GfH), Hopfenverwertungs-genossenschaft e. G. (HVG), Betriebe Mauermeister und Schrag..... 36

„Entwicklung resistenter, homogener und ertragreicher Sorten von *Helleborus* spec.“

Gartenbaubetrieb Josef Heuger; Fachhochschule Weihenstephan - Forschungsanstalt für Gartenbau - Institut für Gartenbau..... 38

„Resistenzzüchtung bei der Europäischen Pflaume (*Prunus domestica*) gegen das Scharkavirus auf Basis der Hypersensibilitätsresistenz unter Nutzung neuartiger hochsensibler Pathogen-Diagnostik“

Technische Universität München - Wissenschaftszentrum Weihenstephan - Forschungsdepartment für Pflanzenwissenschaften - FG Obstbau mit Kooperationspartner Obstbaumschule Kiefer..... 40

„Entwicklung, Charakterisierung und züchterische Nutzung von Petersilienlinien (*Petroselinum crispum*) mit Resistenz gegen den Erreger der Septoria-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*)“

N. L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH Erfurt; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst (ZGO)..... 42

„Identifizierung und Charakterisierung von Mehltauresistenz bei Reben mittels subtraktiver EST-Arrays“

Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Rebenzüchtung mit Kooperationspartnern Weingut Jäger und Wolf Reben..... 44

Modul: Pflanzenschutz

„Entwicklung physikalischer und chemischer Verfahren zur Vergrämung von Schermäusen“

W. Neudorff GmbH KG; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst..... 46

„Samen- und bodenbürtige Pathogene im generativen Zierpflanzenbau - Alternativstrategie zum konventionellen Einsatz von chemischen Beiz- und Pflanzenschutzmitteln in Form neuartiger Saatgutprodukte“

Ernst Benary Samenzucht GmbH..... 48

„Nanofasern als neuartige Träger für flüchtige Signalstoffe zur biotechnischen Regulierung von Schadinsekten im integrierten und ökologischen Anbau“

Trifolio-M GmbH; Schmotzer Agratechnik GmbH; Justus-Liebig-Universität Gießen - Fachbereich Agrarwissenschaften, Ökotrophologie und Umweltmanagement - Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung II; Philipps-Universität Marburg - Fachbereich Chemie - Fachgebiet Makromolekulare Chemie; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) – Institut für Strategien und Folgenabschätzung im Pflanzenschutz..... 50

„Einsatz von *Trichogramma*-Schlupfwespen gegen den Apfelwickler *Cydia pomonella* L.“

AMW Nützlinge GmbH; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Biologischen Pflanzenschutz..... 51

„Biotechnische Kontrolle von Kirschfruchtfliegen (*Rhagoletis cerasi* u. *R. cingulata*) unter Minimierung des Insektizideinsatzes mit Köderverfahren“

Trifolio-M GmbH; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau..... 52

„Nanobiotechnologische Detektion von *Phytophthora*-Arten mittels elektrisch auslesbaren DNA-Chips“

BECIT GmbH; Julius Kühn - Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) - Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst; Institut für Photonische Technologien e. V. - Bereich Photonische Instrumentierung - Abt. Mikrofluidik..... 54

„Entwicklung eines innovativen Prognosemodells zur Bekämpfung des Echten Mehltaus (*Podosphaera macularis*) im Hopfen (*Humulus lupulus*)“

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) - Institut für Pflanzenbau u. Pflanzenzüchtung AB Hopfen mit Kooperationspartnern Hopfenverwertungsgenossenschaft e. G. (HVG), Hopfenring Hallertau (HOR), Gesellschaft für Hopfenforschung (GfH), Hopfenbaubetriebe: Briller, Huber, Kaindl, Kreitmeier, Mehrl, Schlagenheufer, Wittmann..... 56

„Optimierung der Sensortechnik zur zielobjektorientierten Steuerung von Sprühgeräten im Weinbau - Reduzierung von Pflanzenschutzmittelmenge und Abdrift“

Müller Elektronik GmbH & Co. KG; Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum Rheinhessen Nahe Hunsrück (DLR - RNH); Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Technik..... 58

RIEDEL, C.; HABEKUSS, A.; ORDON, F.,
Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Strasse 27, 06484 Quedlinburg

EINFELDT, C.[1], LAUBACH, E.[2], KORZUN, V.[3]
Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Kaufmannstraße 71, 53115 Bonn
[1] Dr. J. Ackermann & Co., Saatzucht Irlbach, Marienhofstr. 13, 94342 Irlbach
[2] Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH, Zuchtstation Gudow, Hofweg 8, 23899 Gudow
[3] KWS LOCHOW GMBH, Bollersener Weg 5, 29303 Bergen

28-1-41.002-06: „Pyramidisierung von QTL im Hinblick auf eine Verbesserung der *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) Toleranz der Gerste und genetische Analyse der Toleranz gegenüber *Wheat dwarf virus* (WDV)“

Pyramiding of QTL for tolerance against Barley yellow dwarf virus (BYDV) in barley and genetic analysis of tolerance to Wheat dwarf virus (WDV)

Sowohl das blattlausübertragene Barley yellow dwarf virus (BYDV) als auch das zikadenübertragene Wheat dwarf virus (WDV) nehmen durch ihr periodisch-epidemisches Auftreten und die daraus folgenden erheblichen Ertragsverluste (bis zu 40%) eine bedeutende Stellung im Gerstenanbau ein. Aufgrund der globalen Erwärmung ist davon auszugehen, dass diesen insektenübertragenen Viren zukünftig eine steigende Bedeutung zukommen wird. Die phänotypische Selektion auf Toleranz gegen diese Viren gestaltet sich aufgrund der ausschließlichen Übertragung durch die Vektoren (Rhopalosiphum padi bzw. Psammotettix alienus) im praktischen Zuchtgang nahezu unmöglich, so dass in molekularen Markern effektive Hilfsmittel für die Selektion auf Virustoleranz zu sehen sind. Ziel der Arbeit ist es, durch die markergestützte Kombination (Pyramidisierung) von Ryd2 [1], Ryd3 [2], und dem QTL auf Chromosom 2HL aus der Herkunft `Post´ [3] einerseits Erkenntnisse über die additive Wirkung dieser Loci zu gewinnen und andererseits Genotypen mit verbesserter Toleranz gegenüber BYDV, als Basis für eine weitergehende züchterische Bearbeitung dieses Merkmals, zu erstellen. Des Weiteren gilt es die Genetik der WDV-Toleranz der Herkunft `Post´ aufzuklären und basierend auf phänotypischen Daten und der bereits für die Population `Post´ x `Vixen´ vorhandenen genetischen Karte [3] eine QTL Analyse durchzuführen. Um weiterhin die genetische Basis der BYDV- und WDV-Toleranz zu verbreitern, werden H. bulbosum Introgessionslinien sowie H. spontaneum Genotypen hinsichtlich ihres Toleranzniveaus analysiert.

Für die Pyramidisierung der Toleranzallele gegen BYDV wurden von der KWS Lochow GmbH bzw. dem Resistenzlabor der Saaten-Union GmbH 714 DH-Linien der Wintergerstenkreuzung `RIL K4-56´ (*Ryd3*) x `DH136´ (*Ryd2,* QTL auf 2H), sowie 468 DH-Linien der Sommergerstenkreuzung `RIL K4-56´ (*Ryd3*) x `Coracle´ (*Ryd2*) zur Verfügung gestellt. Von diesen erwiesen sich 240 bzw. 173 als haploid, so dass für die weiteren Analysen 474 bzw. 295 DH-Linien zur Verfügung standen. Diese wurden in einem ersten Schritt mittels der für die entsprechenden Loci bekannten Marker [4,3,2] genotypisiert. Um den Bereich des QTL auf Chromosom 2H weiter einzugrenzen wurden SSRs aus dieser genomischen Region hinsichtlich Polymorphismen untersucht und es konnten 2 SSR-Marker im QTL-Intervall W20H480 – HVCSG (15,3 cM) kartiert werden. Im Rahmen der Genotypisierung zeigte sich für die Population `RIL K4 56´ x `DH136´ eine Aufspaltung von 92 (Ryd2/Ryd3/QTL 2H+) : 49 (Ryd2/Ryd3/QTL 2H-) : 45 (Ryd2/ryd3/QTL 2H+) : 94 (ryd2/Ryd3/QTL 2H+) : 49 (ryd2/ryd3/QTL 2H+) : 76 (ryd2/Ryd3/QTL 2H-) : 37 (Ryd2/ryd3/ QTL 2H-) : 28 (ryd2/ryd3/ QTL 2H-) und für die Population `RIL K4 56´ x `Coracle´ eine Aufspaltung von 70 (Ryd2/Ryd3) : 66 (Ryd2/ryd3) : 73 (ryd2/Ryd3) : 86 (ryd2/ryd3). Entsprechend der beobachteten Genotypen wurden je Kreuzung 200 DH-Linien für die Phänotypisierung ausgewählt. Zu diesem Zweck wurden pro DH-Linie zwölf Pflanzen in zwei Wiederholungen für vier Standorte entsprechend 19200 Pflanzen je Kreuzung im Gewächshaus künstlich mit BYDV tragenden Blattläusen infiziert und anschließend parallel mit den entsprechenden nicht infizierten Kontrollen am Standort des JKI in Quedlinburg sowie den Standorten der GFP-Mitgliedsunternehmen KWS Lochow GmbH, Nordsaat und Saatzucht Ackermann ausgepflanzt. Diese werden hinsichtlich ihres Toleranzverhaltens (Wuchs- und Ertragsparameter) charakterisiert, so dass erste Ergebnisse zur BYDV-Toleranz in Abhängigkeit der vorhandenen toleranzbedingenden Allele nach der Ernte 2008 vorliegen werden.
Im Gegensatz zu BYDV liegen bisher keine Erkenntnisse zur Genetik der Toleranz gegenüber WDV vor und in umfangreichen Screeningprogrammen konnte lediglich die Herkunft `Post´ als tolerant identifiziert werden, so dass im Rahmen dieses Projektes die DH-Population der Kreuzung `Post´ (tolerant) x `Vixen´ (anfällig) [1] bezüglich ihres Toleranzverhaltens gegenüber dem *Wheat dwarf virus*

charakterisiert wird, um anschließend QTL-Analysen unter Nutzung der bereits vorhandenen genetischen Karte durchzuführen. Die 79 DH-Linien wurden daher zur Phänotypisierung im Feldversuch mit Hilfe von virustragenden Zikaden (*Psammotettix alienus*) künstlich mit WDV infiziert und ihre WDV-Toleranz relativ zu nicht infizierten Pflanzen der selben DH-Linie ermittelt. In dem in der Vegetationsperiode 2006/07 durchgeführten ersten Infektionsversuch konnte die Toleranz der Herkunft `Post´, ebenso wie die Anfälligkeit der Sorte `Vixen´ gegenüber WDV bestätigt werden. In den analysierten DH-Linien zeigte sich eine erhebliche Variation, wobei der überwiegende Teil der Linien bezüglich der relativen Ertragsleistung nach WDV-Infektion im Bereich des anfälligen Elters lag. Eine zufriedenstellende Anpassung an eine Normalverteilung ergab sich jedoch für die relative Wuchshöhe nach WDV-Infektion. Für dieses Merkmal konnte ein erster QTL (LOD 4,76), der ca. 26% der phänotypischen Varianz erklärt, auf Chromosom 4H lokalisiert werden. Die DH-Linien wurden im Herbst 2007 erneut mit virustragenden Zikaden infiziert, so dass zur Ernte 2008 wiederholte phänotypische Daten zur WDV-Toleranz vorliegen werden.
Um darüber hinaus die BYDV-Toleranz bzw. WDV-Toleranz auf eine breitere genetische Basis zu stellen, wurden fünfzehn *H. bulbosum* Introgressionslinien und zwei *H. spontaneum* Linien im Feldversuch wie oben beschrieben parallel auf WDV- und BYDV-PAV Toleranz untersucht. Diese zeigten alle ein unzureichendes Toleranzniveau gegenüber WDV, jedoch konnte eine *H. bulbosum* Introgressionslinie identifiziert werden, welche bezüglich BYDV auf dem Niveau der toleranten Genotypen `Post´ und `Vixen´ liegt und somit geeignet ist die genetische Basis der BYDV-Toleranz zu verbreitern.

[1] SCHALLER, C.W. 1984: The genetics of resistance to barley yellow dwarf virus in barley. In: Barley Yellow Dwarf, a Proceeding of the Workshop. Burnett, P.A. (ed.), CIMMYT, Mexico, 93 – 99
[2] NIKS, R.E.; HABEKUSS, A.; BEKELE, B.; ORDON, F. 2004: A novel major gene on chromosome 6H for resistance of barley against the barley yellow dwarf virus. Theor. Appl. Genet. 109, 1536 – 1543
[3] SCHEURER, K.S.; FRIEDT, W.; HUTH, W.; WAUGH, R.; ORDON, F. 2001: QTL analysis of tolerance to a German strain of BYDV-PAV in barley (*Hordeum vulgare* L.). Theor. Appl. Genet. 103, 1074 – 1083
[4] FORD, C.M.; PALTRIDGE, N.G.; RATHJEN, J.P.; MORITZ, R.L.; SIMPSON, R.J.; SYMONS, R.H. 1998: Rapid and informative assays for Yd2, the barley yellow dwarf virus resistance gene, based on the nucleotide sequence of a closely linked gene. Molecular Breeding 4, 23 – 31

FLATH, K.[1)], KLOCKE, B.[1)], HERRMANN, M.[2)]
Julius Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, [1)] Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Stahnsdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow, [2)] Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Rudolf-Schick-Platz 3a, 18190 Groß Lüsewitz

Schachschneider R.[3)], Hartmann F.[4)], Kazman, E.[5)], Jacobi, A.[6)],
Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Kaufmannstraße 71, 53115 Bonn, [3)] Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH, Saatzucht Langenstein, 38895 Böhnhausen [4)] Kruse Saatzucht GmbH & Co. KG, Niederlassung Westerenger, 32130 Enger, [5)] SW Seed Hadmersleben GmbH, 39398 Hadmersleben, [6)] W. von Borries-Eckendorf GmbH & Co. KG, 33818 Leopoldshöhe

28.1-41-004.06: „Analyse und Integration wirksamer Mehltauresistenzen in Triticale“

Analysis and integration of effective resistances to powdery mildew in triticale

Der zunehmende Anbauumfang von Triticale führte in den letzten Jahren zur Anpassung der Mehltaupopulation an die rassenspezifischen Resistenzen aktueller Sorten. Im Rahmen des Forschungsprojektes soll neues, mehltauresistentes Ausgangsmaterial für die praktische Züchtung bereitgestellt werden, um die Widerstandsfähigkeit deutscher Triticalesorten zu erhöhen, Erträge langfristig zu sichern und die Wirtschaftlichkeit des Triticaleanbaus zu verbessern. Zur Abschätzung der Wirksamkeit und Dauerhaftigkeit dieser neuen Resistenzquellen wird eine bundesweite Analyse der Virulenzstruktur, Diversität und Komplexität der Triticalemehltaupopulation durchgeführt. Des Weiteren soll die Übertragbarkeit der Mehltauresistenz aus Weizen und Roggen in primäre Triticale untersucht werden. Schließlich ist die chromosomale Lokalisation von Resistenzgenen ausgewählter Triticalelinien mit Hilfe molekularer Marker vorgesehen. Dies ermöglicht eine gezielte züchterische Selektion mehltauresistenter Linien und wird die Entwicklung neuer, widerstandsfähiger Triticalesorten erheblich beschleunigen.

In Untersuchungen an Keimpflanzen der derzeit zugelassenen Triticalesorten erwiesen sich lediglich 'Grenado' und 'Cultivo' als vollständig resistent gegen 211 Triticalemehltauisolate aus unterschiedlichen Regionen Deutschlands. Ein erstes Screening von 826 vorselektierten Triticalestämmen der am Projekt beteiligten Züchterfirmen sowie des JKI mit drei bis vier hochvirulenten Isolaten zeigte jedoch, dass noch 10% der Stämme vollständig resistent reagierten. Diese potenziellen Resistenzquellen können zukünftig zur Erzeugung neuer, widerstandsfähiger Triticalesorten genutzt werden. Inwiefern es sich hier um Resistenzen unterschiedlicher genetischer Basis handelt, wird in den folgenden Versuchsjahren geklärt. Zur Beurteilung der Adultpflanzenresistenz der mittels Blattsegmenttest selektierten Triticalestämme wurden diese im Herbst 2007 an den Züchterstandorten sowie an den Versuchsstandorten des JKI in Berlin-Dahlem und Groß Lüsewitz angebaut. Die diesjährige Beurteilung des Mehltaubefalls wird zeigen, ob sich die im Keimpflanzenstadium als vollständig resistent ausgelesenen Triticalestämme auch unter natürlichen und künstlichen Infektionsbedingungen im Feld bewähren.

Zur Analyse der Virulenzsituation des Triticalemehltaus in den wichtigsten deutschen Anbauregionen wurden Einpustelisolate (EPI) aus mehltaubefallenen Blattproben hergestellt sowie mobile Sporensammlungen der Firma EpiLogic genutzt. Blattsegmenttests mit einem Differenzialsortiment aus 20 ausgewählten Triticalesorten konnten die bisher untersuchten 211 EPI insgesamt 86 unterschiedlichen Pathotypen zuordnen, von denen nur 22 Pathotypen häufiger als einmal vorkamen. Diese offenbar hohe Diversität der Triticalemehltaupopulation wird auch durch hohe Werte des Shannon- (3,7) und des Simpson-Index (0,95) dokumentiert.

Mit den Untersuchungen der von der Landessaatzuchtanstalt der Universität Hohenheim erstellten primären Triticale soll in diesem Jahr begonnen werden. Die Tests sollen zeigen, ob Resistenzgene aus Weizen und Roggen funktional in primäre Triticale übertragbar sind und somit Resistenzquellen aus beiden Arten für die Verbesserung der Mehltauresistenz erschlossen werden können.

Gemäß Projektplan war seitens des Institutes für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen vorgesehen, resistente Triticalestämme mit anfälligen Sorten zu kreuzen und die F1 zu erzeugen. Für sechs resistente Triticalestämme unterschiedlichster Abstammung wurden entsprechende Kreuzungen mit den mehltauanfälligen Sorten 'Focus' und 'Trimester' erzeugt. Die F1-Pflanzen wurden im Blattsegmenttest mit dem hochvirulenten Mehltauisolat T41 inokuliert. Dabei zeigten sich dominante Reaktionen der in den Stämmen 5015 und 63/1 vorliegenden Resistenzen. Für den Stamm 5015 konnten bereits F2- und BC1-Pflanzen aus der Kreuzung mit zwei weiteren anfälligen

Triticalestämmen geprüft werden. Die Ergebnisse lassen auf einen monogen-dominanten Erbgang der Resistenz schließen, da die F2-Familien im Verhältnis 3:1 spalteten und bei den BC1-Populationen das theoretisch zu erwartende Spaltungsverhältnis von 1:1 vorlag.

MIEDANER, T., FAUTZ, M., MAURER H.-P.
Universität Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt (720), Fruwirthstr. 21, 70593 Stuttgart

Weißmann, E.[1)], Reinbrecht C.[2)],
Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Kaufmannstraße 71, 53115 Bonn, [1)] Saatzucht Dr. Hege GbR mbH, Domäne Hohebuch, 74638 Waldenburg, [2)] Pflanzenzucht SaKa G.b.R., Zuchtstation Ranzin, 17495 Ranzin

28-1-41.007-06: „Ährenfusariosen bei Triticale – Einsatz neuer Methoden zur züchterischen Verbesserung der Resistenz“

Fusarium head blight in triticale – Innovative methods for genetic improvement of resistance

Ährenfusariosen führen bei Triticale zu Ertragsverlusten und zu Belastungen mit Mykotoxinen, vor allem Deoxynivalenol (DON). Dies führt beim Einsatz in der Fütterung zu erheblichen Gesundheitsproblemen der Tiere, insbesondere in der Schweinefütterung. Die Resistenz gegen Ährenfusariosen wird bei Triticale quantitativ mit einer überwiegenden additiven Genwirkung vererbt und ist deshalb nur durch aufwändige Feldprüfungen sicher zu erfassen [1]. Resistentere Genotypen haben im Durchschnitt auch geringere Gehalte an Mykotoxinen im Erntegut [2]. Molekulare Marker beschleunigen den Zuchtgang und ermöglichen die gezielte Introgression von günstigen *quantitative trait loci* (QTL, [3]). Mit dem Projekt sollen deshalb durch den innovativen Einsatz molekularer Marker Möglichkeiten zur Erhöhung der Resistenz von Triticale gegenüber dem Befall mit Ährenfusariosen untersucht werden. Ziele sind (1) die Analyse der Vererbung von Resistenz und verringerter Mykotoxinakkumulation in mehrortigen Feldversuchen, (2) die Identifikation von *quantitative trait loci* (QTL) für dieses Merkmal und die (3) Verifikation der gefundenen QTL in verwandten und unabhängigen Populationen.

Im ersten Jahr 2007 erfolgte die Feldprüfung der Kreuzung LASKO x ALAMO (resistent x anfällig) mit je 250 $F_{2:3}$-Linien an drei Standorten (Hohenheim, Singen-Bohlingen und Grabau) mit drei Wiederholungen in Mikroparzellen nach künstlicher Inokulation mit *Fusarium culmorum*. Erfasst wurden die Merkmale Ährenschieben, Wuchshöhe und Ährenbefall (0-100%), letzterer durch mehrfache Bonitur. Die DON-Werte der je 10% anfälligsten und resistentesten Genotypen, sowie die der Eltern und Standardsorten wurden mit Hilfe eines kommerziellen Immunotests bestimmt. Gleichzeitig wurden die Eltern mit bisher 643 *single sequence repeat* (SSR)-Primern auf Polymorphismus untersucht und 55 polymorphe Primer an der kompletten Nachkommenschaft geprüft. Ziel ist die Kartierung von 10 polymorphen Markern je Chromosom, um eine möglichst gleichmäßige Abdeckung des hexaploiden Triticale-Genoms zu gewährleisten.

In den kommenden zwei Jahren werden weitere Feldprüfungen mit künstlicher Inokulation folgen. Im Jahr 2008 werden dieselben 250 $F_{2:4}$-Linien sowie zusätzlich 150 DH-Linien der Kreuzung ALAMO x LASKO auf Resistenz geprüft. Zusätzlich sollen die gefundenen QTL in einem anderen genetischen Hintergrund (LASKO x VITALIS, N=120 Linien; LASKO x TRIMESTER, N = 120) verifiziert werden. Als letzten Schritt soll geprüft werden, ob die QTL des Resistenzträgers LASKO auch in einer unabhängigen Population (LUPUS x SWTalentro, N = 180 Linien) auftreten. Von einem Teil der im Feld geprüften Genotypen wird der DON-Gehalt bestimmt.

Der mittlere Ährenbefall der gesamten $F_{2:3}$-Linienpopulation lag in Hohenheim bei 32%, in Grabau bei 41% und in Bohlingen bei 42%. Es ergaben sich bei mittleren Heritabilitäten signifikante genotypische Unterschiede innerhalb der Population, allerdings war auch die Genotyp x Umwelt-Interaktionsvarianz bedeutend. Die DON-Werte ergaben im Mittel 44.0 mg/kg in Hohenheim und 40,8 mg/kg in Bohlingen. Zwischen den Merkmalen ergab sich eine zwar signifikante, aber nur mittelhohe Korrelationen (0,52), wie bereits früher bei anderem Material festgestellt [2]. Beim Primertest fand sich ein deutlich geringerer Polymorphiegrad zwischen LASKO und ALAMO als erwartet. Die Markeranalysen werden in diesem Jahr fortgeführt.

Die quantitativ-genetischen Parameter lassen günstige Voraussetzung für die Resistenzzüchtung im praktischen Zuchtbetrieb erwarten. Der nur geringe Anteil an Polymorphismus erschwert die Abdeckung des Triticalegenoms mit molekularen Markern.

[1] Oettler, G., N. Heinrich, and T. Miedaner. 2004. Estimates of additive and dominance effects for *Fusarium* head blight resistance of winter triticale. Plant Breed. 123: 525-530.

[2] Miedaner, T., N. Heinrich, B. Schneider, G. Oettler, S. Rohde, and F. Rabenstein. 2004. Estimation of deoxynivalenol (DON) content by symptom rating and exoantigen content for resistance selection in wheat and triticale. Euphytica 139: 123-132.

[3] Miedaner, T. 2007. Strategies for improving Fusarium head blight (FHB) resistance in European winter wheat pp 30-36. *In:* Proc. 5th Canadian Workshop on Fusarium Head Blight, Nov 27-30, 2007, Winnipeg, Manitoba, Canada.

HOFMANN, K.[1], STRENG, S.[2], EINFELDT, C.[3], KEMPE, H.[4], HERZ, M.[1] UND SCHWEIZER, G.[1]

[1]Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung,
Am Gereuth 2, 85354 Freising, guenther.schweizer@LfL.bayern.de

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Kaufmannstraße 71, 53115 Bonn
[2] Saatzucht Streng GmbH & Co. KG, Aspachhof, 97215 Uffenheim
[3] Dr. J. Ackermann & Co., Saatzucht Irlbach, Ringstr. 17, 94342 Irlbach
[4] Saatzucht Josef Breun GdbR, Amselweg 1, 91074 Herzogenaurach

28-1- 41.009-06: „Umfassende *Rhynchosporium secalis* Resistenz bei Gerste – von der Kartierung über die Entwicklung diagnostischer Selektionsmarker zum Pre-Breeding Material

Scald resistance in barley – development of diagnostic markers and pre breeding material

Die Blattfleckenkrankheit, ausgelöst durch den Schaderregerpilz „*Rhynchosporium secalis“*, führt bei Gerste zu enormen Ertrags- und Qualitätseinbußen. Der Züchtungsfortschritt ist durch den Mangel an geeigneten Resistenzdonoren sowie diagnostischen Selektionsmarkern für „smart breeding“-Programme deutlich hinter den Möglichkeiten zurückgeblieben.

Ziel des Verbundprojektes ist es, die Widerstandsfähigkeit der Gerste in einem umfassenden genetischen Ansatz mit Hilfe neuer und definierter Resistenzgene gegen *Rhynchosporium secalis* zu erhöhen, diagnostische Selektionsmarker für Major-Resistenzgene zu entwickeln und den Züchtungsfortschritt über eine sichere und effektive MAS (*marker assisted selection*) zu beschleunigen.
Die genetische Diversität bezüglich der Blattfleckenkrankheit bei Gerste wird durch die Nutzung diverser Resistenzquellen aus ausgewählten, unterschiedlichen Genpools erweitert. Zum Einsatz kommen neue, in Resistenztests bereits geprüfte Resistenzdonoren, deren Herkünfte Spanien, Uruguay, Großbritannien und Äthiopien sind.

Einzelziele:
I: Identifizierung und Kartierung neuer, wirksamer Resistenzgene (Nutzung genetischer Ressourcen):
Die bislang verfügbare genetische Resistenz gegen *Rhynchosporium*-Befall in Brau- und Futtergersten ist für die Praxis nicht ausreichend. Deshalb wurden für das Kooperationsprojekt auf ausgewählte Resistenzquellen aus unterschiedlichen Genpools zugegriffen. So stammen CIho1225 und CIho3515 aus der World Barley Collection des USDA, Esc15 und CNE145 sind Landrassen aus Uruguay bzw. Spanien, Pewter ist eine fortgeschrittene Sorte von hohem Adaptionsgrad. Die Resistenzgene dieser Donoren sollen über QTL- (Quantitativ Trait Loci) bzw. BSA- (Bulked Segregant Analysis) Ansätze kartiert und in bestehende Chromosomenkarten (Konsensuskarte) der Gerste integriert werden. Die phänotypische Resistenzerfassung erfolgt zweigleisig a) über einen spezifischen und etablierten Gewächshausinokulationstest an der LfL mit einem Einzelsporisolat und b) jährlich im Feld an drei verschiedenen Standorten der kooperierenden GFP-Züchter in Deutschland und Frankreich.

II: Entwicklung diagnostischer Selektionsmarker für eine markergestützte Selektion (MAS):
Für alle Major-Resistenzgene sollen praxisrelevante, diagnostische Selektionsmarker entwickelt werden. Hintergrund ist, dass aus Markerkarten zur Verfügung stehende DNA-Marker mit dem Resistenzgen zwar gekoppelt, aber im Linien- und Sortenspektrum der Züchter nicht diagnostisch sind. Sie bieten damit ein geringes Potential für einen Praxiseinsatz.
Des weiteren werden in einem umfangreichen Gerstendifferentialsortiment der LfL Clusteranalysen in Hinblick auf Vererbung, Nutzung und Kombination der Resistenzgene durchgeführt.

III: Nutzung und Erweiterung der genetischen Ressource in einen „smart breeding“ Ansatz:
Parallel zur phänotypischen Resistenzerfassung im Gewächshaus und im Feld, sowie der einhergehenden Markerentwicklung, werden von den kooperierenden Züchtungsunternehmen die zur Verfügung stehenden Resistenzgene gegen die Blattfleckenkrankheit zur Steigerung der Marktfähigkeit sowie zur Verbesserung einer nachhaltigen Landwirtschaft mit Markerunterstützung in adaptiertes Züchtungsmaterial überführt und in die jeweiligen Zuchtprogramme über „smart breeding“ Ansätze integriert.

Erste Ergebnisse:
Zu Projektbeginn konnten die Kartierungspopulationen bei den Verbundpartnern jeweils vermehrt und für die erste Feldprüfung im Herbstanbau ausgebracht werden. Der Materialaufbau konnte damit erfolgreich fortgeführt werden.

Im Gewächshaus-Inokulationstests konnten die ersten zwei DH-Populationen geprüft werden. Die aus der Kreuzung CIho1225 x Steffi gewonnene DH-Population DH757 (n= 84) wurde mit dem *R. secalis* - Isolat 271 geprüft. Auf Grund der in Abb.1 dargestellten Verteilung ist zunächst zu vermuten, dass der resistente Elter „CIho1225“ ein Major-Resistenzgen sowie eine zusätzliche quantitative Basisresistenz vererbt.

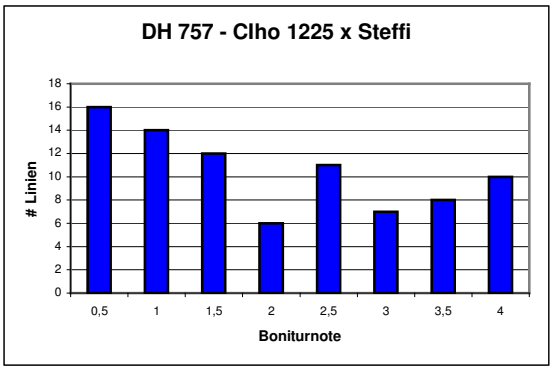


Abb.1: Verteilung der Boniturnoten der DH 757-Population. Die Bonitурskala reicht von 0 = „voll resistent“ bis 4 = „voll anfällig“.

Von den 523 DH-Linien der neu entwickelten DH-Population CNE145 x Beatrix (DH 32783) konnte eine Teilpopulation von 276 DH-Linien ebenfalls mit dem *R. secalis* - Isolat 271 geprüft werden. Die Verteilung der geprüften Linien ist in Abb.2 dargestellt. Auch hier dürfte es sich um die Vererbung eines einzelnen Major-Resistenzgens in Kombination einer schwächer ausgeprägten quantitativen Basisresistenz handeln.

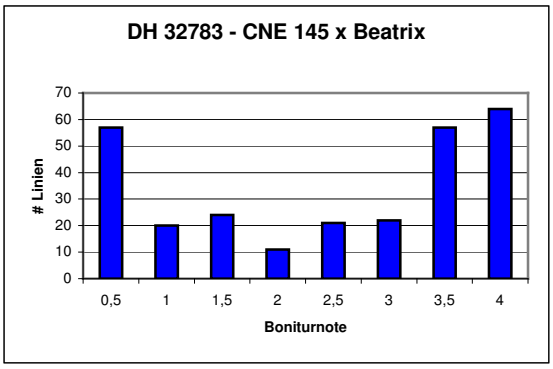


Abb.2: Verteilung der einzelnen Linien der DH32783-Population auf die verschiedenen Boniturnoten. (Bonitурskala s.o.).

Der Inokulationstest der DH-Populationen DH761 (CIho3515 x Steffi) und DH824 (Escaldadura15 x Hendrix) mit dem *R. secalis* - Isolat 271 befindet sich im Anbau. Parallel hierzu wird von jeder DH-Linie im Gewächshaus DNA-Isoliert und mit der entsprechenden Markeranalyse begonnen. In 2008 sollen alle DH-Populationen sowohl im Ge-wächshaus als auch mehrortig im Feld auf *Rhynchosporium*-Resistenz geprüft sowie züchtungsrelevante agronomische
Merkmale zusätzlich mit erfasst werden.

ENGELMANN, U.; KOPAHNKE, D.;ORDON, F.,

Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Strasse 27, 06484 Quedlinburg

WEYEN, J.[1]; WELZ, G.[2]; KOCH, M.[3]
Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Kaufmannstraße 71, 53115 Bonn
[1] Saaten-Union Resistenzlabor GmbH, Hovedisserstr. 92, 33818 Leopoldshöhe
[2] FR. STRUBE Saatzucht GmbH & Co. KG, Hauptstr. 1, 38387 Söllingen
[3] Deutsche Saatveredelung AG, Saatzuchtstation Thüle, Thüler Str. 30, 33154 Salzkotten-Thüle

PGI-06.01-28-1-41.026-06 - Verbundprojekt: Kartierung und züchterische Nutzung neuer Resistenzquellen gegen die Weizenblattdürre (*Pyrenophora tritici-repentis*)

Mapping and exploitation of new sources of resistance to tan spot (Pyrenophora tritici-repentis) in wheat

Die Weizenblattdürre, welche von dem pilzlichen Krankheitserreger *Pyrenophora tritici-repentis* hervorgerufen wird, ist weltweit verbreitet und hat aufgrund einer veränderten Produktionstechnik (enge Fruchtfolge, pfluglose Bodenbearbeitung, Verbleiben von Ernterückständen und Ausfallgetreide auf dem Acker) sowie sich wandelnder klimatischer Bedingungen an Bedeutung für die Landwirtschaft gewonnen. Die durch den Erreger hervorgerufenen Schadsymptome sind Chlorosen und Nekrosen an den Blättern, die im fortschreitenden Krankheitsverlauf zu einer vollständigen Mazeration des Blattgewebes führen können. Dadurch wird die photosynthetisch aktive Fläche reduziert, weniger Assimilate gebildet und es kommt zur Ausbildung von Kümmerkorn. Abhängig von der Anfälligkeit der Weizensorten sind Ernteverluste von bis zu 60% beschrieben. Eine Vermeidung dieser Ertragsverluste, d.h. Eindämmung des Pilzes, durch eine Veränderung der Produktionstechnik ist aus wirtschaftlichen Gründen schwer realisierbar. Auch die Behandlung mit Fungiziden ist ökonomisch aber auch unter dem Gesichtspunkt der nachhaltigen, umweltschonenden Pflanzenproduktion langfristig nicht vertretbar. Daher ist die Identifikation von Resistenzen gegenüber *Pyrenophora tritici-repentis* und deren züchterische Nutzung von besonderer Bedeutung. Ziel dieses Projektes ist es daher, die in Deutschland vorkommenden *Pyrenophora tritici-repentis* Isolate hinsichtlich ihrer Virulenz zu charakterisieren und basierend auf diesen Erkenntnissen die Genetik der Resistenz in verschiedenen DH-Populationen aufzuklären und molekulare Marker zu entwickeln, welche eine beschleunigte Introgression und Kombination von Resistenzen ermöglichen.
Für die Untersuchungen stehen fünf verschiedene DH-Populationen mit dem resistenten Elter `Jenga` bestehend aus 116; 111; 87; 231; bzw. 80 DH-Linien, die freundlicherweise von der Nordsaat Saatzucht GmbH zur Verfügung gestellt wurden, eine DH-Population der Kreuzung `Solitär` x `Türkis` (186 DH-Linien, bereitgestellt von Saatzucht Schweiger), sowie eine die DH-Population ‚Alcedo' x ‚HTRI 1410' (39 Genotypen, JKI) zur Verfügung. Die zugelassenen Sorten `Jenga' und `Solitär` sind vom Bundessortenamt mit der aktuell besten Resistenz gegenüber *Pyrenophora tritici-repentis* bewertet worden. Weiterhin wurden vom Saaten-Union Resistenzlabor bereits 109 DH-Linien aus Kreuzungen mit der resistenten Herkunft ´181-5´, die freundlicherweise vom All Russian Institute of Plant Protection, St. Petersburg zur Verfügung gestellt wurden, erzeugt. Diese werden zurzeit in Quedlinburg vermehrt. Darüber hinaus befinden sich momentan die Kreuzungen ´HTRI 1410´ x ´Alcedo´, ´K 56822´ x ´Ritmo´ und ´HTRI 3343´ x ´Kanzler´, die bei Herrn Dr. Börner (IPK Gatersleben) erstellt wurden, in der DH-Linienproduktion beim Saaten-Union Resistenzlabor. In der Summe konnten aktuell von diesen drei Kreuzungen 3626 Körner nach der Maisbestäubung induziert werden. Aus diesen wurden 485 Embryonen isoliert und auf Gamborg B5 plattiert. Aus diesen stehen bisher 165 Regenerate (haploide Pflänzchen) zur Verfügung, die in Kürze der Colchizinierung zugeführt werden.
Für die Charakterisierung der in Deutschland vorkommenden Isolate steht das Differentialsortiment von Lamari [1, 2] zur Verfügung, des Weiteren fünf von Lamari identifizierte Rassen [3] sowie sechs deutsche und vier ungarische Isolate.
Für eine phänotypische Charakterisierung unter Freilandbedingungen wurden 2007 Feldversuche an drei verschiedenen Standorten angelegt (390 Prüfglieder in zweifacher Wiederholung bei DSV – Salzkotten-Thüle, 390 Prüfglieder Fr. Strube Saatzucht GmbH- Söllingen, 1314 Prüfglieder davon 390 in zweifacher Wiederholung im JKI -Quedlinburg). Um einen hinreichend starken Befallsdruck mit *Pyrenophora tritici-repentis* zu gewährleisten, wurde mit einer Körnerbrut eine künstliche Infektion an

allen drei Standorten durchgeführt. Beginnend ab Mitte Mai wird der fortschreitende Befall der Blätter mit Chlorosen und Nekrosen über eine mehrmalige Bonitur erfasst.
Mit der phänotypischen Charakterisierung der DH-Linien mit Einzelisolaten unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus wurde begonnen. Zunächst wurden die 16 Populationseltern gemeinsam mit dem 10 Sorten umfassenden Differentialsortiment beginnend mit 10 PTR-Isolaten getestet. Dabei konnten unter unseren Bedingungen die von Lamari [3] erzielten Ergebnisse nachvollzogen werden und aufgrund der Differenzierung zwischen den Kreuzungseltern wurde das Isolat ASC1 für eine Phänotypisierung der DH-Population ‚Jenga' x ‚Tuareg' ausgewählt.
Parallel wurde mit der genotypischen Charakterisierung begonnen. Dazu wurde bisher ein Screening der Eltern ‚Jenga', ‚Tuareg', ‚Leiffer' mit 171 Weizenmikrosatelliten und ‚Jenga' ‚Toras' mit 331 SSR-Markern durchgeführt. Es konnten 93 SSR-Marker identifiziert werden, welche zwischen ‚Jenga' und ‚Toras' einen Polymorphismus zeigen sowie bisher 34 zwischen ‚Jenga' und ‚Tuareg' und 50 zwischen ‚Jenga' und ‚Leiffer' polymorphe Marker.
Aufgrund der phänotypischen Daten, d.h. der besten Differenzierung zwischen den Eltern, wurde zunächst die genotypische Charakterisierung der DH-Linien mittels SSR-Markern in der Population ‚Jenga' x ‚Tuareg' begonnen. Es wurden die bisher identifizierten 34 polymorphen SSR-Marker an 94 Genotypen dieser Population analysiert. Momentan werden diese kartiert und parallel eine Absättigung der genetischen Karte mittels AFLPs durchgeführt. Basierend auf dieser Karte sowie den aus dem Gewächshaus und den Feldversuchen vorliegenden phänotypischen Daten wird eine QTL-Analyse durchgeführt. Dieses Vorgehen erfolgt in gleicher Weise für die anderen Populationen.

[1] Lamari, L., Bernier, C.C. 1989, Virulence of isolates of *Pyrenophora tritici-repenetis* on 11 wheat cultivars and cytology of the differential host reactions, Canadian Journal of Plant Pathology, 11:284-290
[2] Lamari, L., Bernier, C.C 1989, Evaluation of wheat lines and cultivars to tan spot [*Pyrenophora tritici-repentis*] based on lesion type, Canadian Journal of Plant Pathology, 11:49-56
[3] Lamari, L. et al. 2003, The Identification of Two New Races of *Pyrenophora tritici-repentis* from the Host Center of Diversity Confirms a One-to-One Relationship in Tan Spot of Wheat, Phytophatology 93: 391-396

THIELE, C., EICKMEYER, F., RUGE-WEHLING, B., WEHLING P.

Saatzucht Steinach GmbH, Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen

28-1-41.028-06: Entwicklung und Einsatz innovativer Züchtungsstrategien zur Sicherung und Erhöhung des Ertrages und der Anbaubedeutung der Blauen Süßlupine (*Lupinus angustifolius*)

Development of innovative breeding strategies for increasing yield and yield stabiltity andpromoting the growing of narrow-leafed lupins (Lupinus angustifolius)in Germany

Die blaue Süßlupine steht als Proteinpflanze in Deutschland neben den einheimischen Leguminosen Ackerbohne und Erbse. Insbesondere auf leichteren Sandböden ist die Blaue Süßlupine die einzig verfügbare Leguminose, weil nur sie eine schnelle und ausreichend tiefe Pfahlwurzelbildung zeigt und auf diese Weise die auf jenen Standorten häufig auftretende Vorsommertrockenheit übersteht. In ihrer Proteinzusammensetzung ist die Blaue Süßlupine der Sojabohne annähernd gleichwertig, stellt also eine heimische, hochwertige Proteinquelle dar.
In diesem Verbundprojekt werden verschiedene Aspekte (Resistenz, Polyploidisierung, DH-Produktion, pH-Toleranz) bearbeitet, die die Anbaueignung der Blauen Süplupine erhöhen.
Eine wichtige Voraussetzung für die Weiterverarbeitung der proteinhaltigen Körner ist die Ernte von gesundem Erntegut. Die Blaue ebenso wie die Weiße und die Gelbe Lupine wird von dem pilzlichen Erreger der Anthraknose, *Colletotrichum lupini*, befallen, der Ertragseinbußen bis hin zum Totalverlust verursachen kann. Diese Krankheit führte dazu, dass der Anbau der Gelben und Weißen Lupinen hierzulande praktisch zum Erliegen kam. Unter den in Deutschland angebauten Sorten, die vornehmlich aus demselben genetischen Pool stammen, gibt es keine natürlichen Resistenzen. Daher ist das Hauptziel des Projekts, durch eine enge Kooperation der beiden Projektpartner neue Resistenzen zu identifizieren und auf diesem Wege den Anbau der Blauen Süßlupine in Deutschland zu stärken. Unter Verwendung eines zuverlässigen Resistenztests wurde im Jahr 2007 ein Sortiment von Zuchtstämmen der Fa. Saatzucht Steinach sowie Genbankmaterial von *L. angustifolius* auf das Resistenzverhalten nach künstlicher Inokulation mit *C. lupini* var. *setosum* gescreent und zwei Zuchtstämme mit Resistenz identifiziert. Die Resistenz einer der beiden Stämme konnte bereits 2007 im Feld nach künstlicher Inokulation bestätigt werden (Abb. 1).

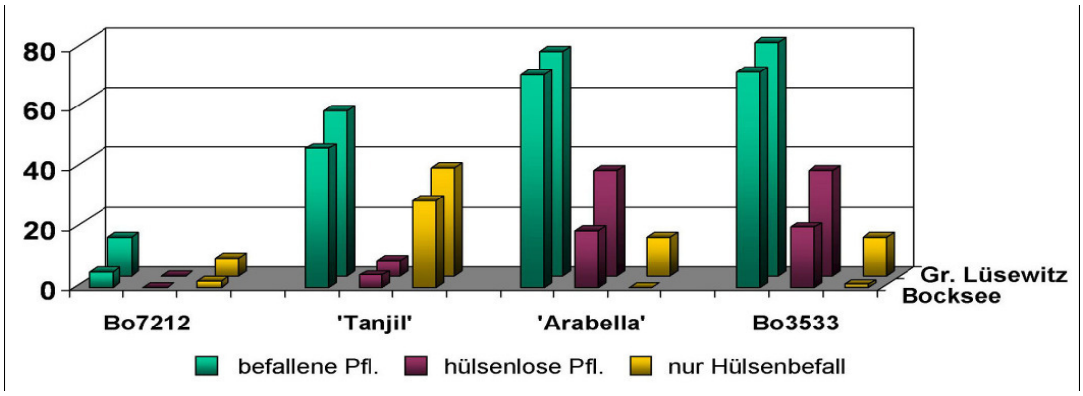


Abb. 1 Freiland-Resistenzversuch nach künstlicher Inokulation an den Standorten Groß Lüsewitz (JKI) und Bocksee (Saatzucht Steinach)

Die unterschiedliche Reaktion von Bo7212 und 'Tanjil' im zweiortigen Befallsversuch (Abb. 1) und der Vergleich von molekularen Markern, die eng mit dem Resistenzgen *Lanr1* aus der australischen Sorte 'Tanjil' gekoppelt sind, ergeben Hinweise, dass die Resistenz des Stamms Bo7212 neuartig ist. Zum Aufbau von Populationen zur genomischen Kartierung der Resistenz wurde der Stamm Bo7212 bereits mit verschiedenen aktuellen und hoch anfälligen Sorten gekreuzt. Die spaltenden F2-Nachkommen werden im 3. Quartal 2008 erwartet. Die Entwicklung von geeigneten Selektionsmarkern

hat bereits mit dem Eltern-Screening begonnen. Für die Markerentwicklung stehen dem JKI in Groß Lüsewitz verschiedene Ressourcen zur Verfügung. Ca. 150 cDNA-basierte Marker, die das Gerüst der genetischen Karte von *Lupinus angustifolius* darstellen (Nelson et al. 2006), werden gegenwärtig etabliert. Darüber hinaus werden die in der NCBI-Datenbank hinterlegten EST-Sequenzen von *Lotus japonica* auf das Vorhandensein von SSR-Motiven gescreent, um Mikrosatelliten-Marker für die Blaue Süßlupine zu etablieren.

Darüber hinaus umfasst das Projekt weitere Arbeitspakete:

Versuche zur **Tetraploidisierung** von *L. angustifolius* mit Hilfe von Colchizin: Von tetraploidem Material wird erwartet, dass der Proteingehalt des Korns durch Verringerung des Schalenanteils im Verhältnis zu einem größeren Kornvolumen deutlich erhöht werden kann. Hier wurden im Versuchsjahr 2007 verschiedene methodische Ansätze zur Applikation von Colchizin getestet. Außerdem wurden Mischungen von Alkaloiden (Nikotin, Atropin) nach der Colchizinbehandlung eingesetzt, um die Pflanzenentwicklung zu stimulieren.
Aufdoppelungen des Chromosomensatzes wurden in den verschiedenen Behandlungsvarianten flowcytometrisch bislang noch nicht beobachtet.
Künftige Experimente werden sich auf die Eintauchmethode von Esser (1952) und auf die Samenbehandlung stützen, weil diese Methoden die Behandlung größerer Samenmengen ermöglichen. Die Versuche werden an fünf verschiedenen Sorten durchgeführt.

Im Arbeitspaket **Haploidenerstellung** sind erste Untersuchungen durchgeführt worden, um anhand der Blütengröße der Spenderpflanzen den Zeitpunkt des frühen Einkernstadiums der Pollenmutterzellen möglichst gut zu treffen. Dieses Stadium ist bei Erbsen als optimales Stadium für die Entnahme der Mikrosporen beschrieben worden. Weitere vorbereitende Versuche befassen sich mit der Synchronisation der Zellteilungszyklen.

Innerhalb der determinierten Sorte 'Boruta' sind zwei Gruppen von Pflanzen im Jahr 2007 im **Wuchstyp** bestätigt worden. Eine Gruppe neigt aus noch unbekanntem Grund zur Verzweigung, während andere streng determiniert wächst. Die Neigung einer determinierten Sorte, unter besseren Standortbedingungen Verzweigungen zu bilden, erhöht einerseits das Ertragspotenzial. Andererseits führt diese Eigenschaft zu einer uneinheitlichen Abreife und zu Problemen in der Registerprüfung. Diese Eigenschaft wird in der Literatur als *mild-branching* beschrieben. Dieses phänotypisch definierte Material steht nun für die Suche molekularen Markern für den Wuchstyp bereit.

Im Arbeitspaket **pH-Toleranz** sind erste Wurzeluntersuchungen in Plexiglasrohren mit Substraten unterschiedlicher pH-Werte durchgeführt worden. Die untersuchten Varianten waren mit unterschiedlichen Rhizobien-Präparaten beimpft worden. Erste Ergebnisse zeigen, dass *L. angustifolius* sowohl im Sprossals auch im Wurzelwachstum durch Substrate mit höheren pH-Werten negativ beeinflusst wird, während *L. pilosus* indifferent reagiert. Ein Effekt des pH-Wertes oder des Rhizobien-Präparates auf die Neigung zur Verzweigung konnte bisher nicht nachgewiesen werden.

Esser K (1952) Eine Eintauchmethode zur Colchicinbehandlung. Der Züchter **23** (4/5):148-150. Nelson MN,Phan HTT, Ellwood SR, Moolhuijzen PM, Hane J, Williams A, O'Lone CE, Fosu-Nyarko J, Scobie M, Cakir M, Jones MGK, Bellgard M, KsiŜkiewicz M, Wolko B, Barker SJ, Oliver RP & Cowling WA (2006) The first gene-based map of *Lupinus angustifolius* L. - location ofdomestication genes and conserved synteny. Theoretical and Applied Genetics 113:225-238.

JUNG, C., SHARMA, S., KEIL, T.

Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung; Christian-Albrechts Universität zu Kiel, Olshausenstrasse 40, 24118 Kiel

28-1-41.030-06: „Selektion und Charakterisierung von Gerste mit Resistenz gegen frei lebende Nematoden“

Pflanzenparasitäre Nematoden sind in vielen Teilen der Welt als Schädlinge im Getreidebau bekannt. Besonders Nematoden der Gattung *Pratylenchus* (Familie *Pratylenchidae*), so genannte Wurzelläsionsälchen, verursachen dort erhebliche Schäden. Die ökonomisch weltweit bedeutendsten Vertreter dieser Gattung sind *Pratylenchus penetrans* und *P. neglectus*. Weitere bekannte Schädlinge sind *P. thornei*, *P. crenatus* und *P. fallax*. Sie kommen in allen gemäßigten Klimazonen der Erde vor und befallen zahlreiche Arten wie Gerste, Weizen, Raps, Mais, Kartoffel, Luzerne und Möhren. Nematoden dieser Gattung wandern vom Boden in die Wurzel ein und zerstören dort Teile des Wurzelgewebes. Durch Zerstörung des Gewebes und der Leitbahnen kommt es zum Nährstoff- und Wassermangel in der Pflanze, was sich optisch in einem reduzierten Wurzelwerk und mangelnder Bestockung widerspiegelt. An den Eintrittspforten zeigen sich braune bis schwarze nekrotische Zonen (Läsionen). Sie sind zunächst sehr klein und breiten sich später stark aus. Im Laufe der Infektion sterben diese betroffenen Wurzelabschnitte ab. Durch die Wunden treten Pilze wie Fusarien und Verticillium ein, die den Ertrag zusätzlich noch mindern können. Die Nematoden vermehren sich besonders gut auf leichten und gut durchlüfteten Böden.
Frei lebende Nematoden der Arten *P. penetrans*, *P. neglectus* und *P. crenatus* führen seit mehreren Jahren zu enormen Ertragsausfällen in Deutschland. Die Ausfälle liegen zwischen 30 und 70 % können aber durchaus auch einen Umbruch der Flächen notwendig machen. Im Gegensatz zu Pilzbefall in einem Bestand baut sich eine Nematoden-Population unter günstigen Vorraussetzungen wie sie in engen Getreidefruchtfolgen in Deutschland vorherrschen über Jahrzehnte hinweg auf. Chemische Mittel zur effektiven Bekämpfung dieses Problems auf großen Flächen sind nicht einsetzbar. Daher ist die Züchtung resistenter Sorten die einzige Maßnahme, den Schaden durch frei lebende Nematoden zu mindern.
Untersuchungen in Schleswig-Holstein ergaben, dass seit den 80er Jahren die Schädigungen durch frei lebende Nematoden im Getreidebau in Schleswig-Holstein stark zugenommen haben. So konnte auf 100 % der untersuchten Schläge mindestens eine Art der Gattungen *Tylenchorhynchus* oder *Pratylenchus* gefunden werden. Es wurden großflächige Befallsnester entdeckt, in denen die Gerstenpflanzen starke Symptome zeigten. Die zunehmende Schädigung durch frei lebende Nematoden wird zum Teil durch die „grüne Fruchtfolge“ erklärt, die zu einer nahezu ganzjährigen Bodenbedeckung durch Nutzpflanzen führt. Des Weiteren wird angenommen, dass die zunehmend warmen Winter, der vergangenen Jahre, zu einem Anstieg der Nematoden-Populationen geführt haben. *P. crenatus* verursacht besonders in Mecklenburg-Vorpommern erhebliche Schäden, während *P. neglectus* und *P. penetrans* häufiger im westlichen Teil Deutschlands Schäden verursachen. Dort klagt der ökologische Landbau besonders über starke Ertragsverluste durch *P. penetrans*.
Es sind weltweit keine anderen Arbeitsgruppen bekannt, die sich bisher mit der Resistenz von Gerste gegen Nematoden der Gattung *Pratylenchus* beschäftigen oder beschäftigt haben. Nachdem in einem Vorläuferprojekt ein Gewächshaustests zur Prüfung der Resistenz von Gerste gegen *P. penetrans* und *P. neglectus* etabliert worden war und erste resistente Herkünfte selektiert werden konnten, lauten die Ziele des Projektes wie folgt:

- Entwicklung eines real-time PCR Verfahrens für die Quantifizierung von *Pratylenchus*-DNA in Gerstenwurzeln. Etablierung eines Verfahrens zur Zählung der Gattung *Pratylenchus* spp. auf Basis bekannter Vorarbeiten mit einem multi-well Reader oder einer image-processing Software.
- Testen von ca. 500 Gerstenherkünften auf Resistenz gegen *Pratylenchus crenatus*.
- Selektion mehrfach resistenter Gerstenlinien und Feldanbau zur Bestimmung der Resistenz unter Praxisbedingungen
- Bestimmung des Erbgangs der Resistenz in spaltenden DH-Populationen.
- Kartierung von Resistenz-QTL und Entwicklung diagnostischer Marker

Für die Züchtung bedeutet das Projekt, dass wertvolle Marker für die Selektion auf Nematodenresistenz zur Verfügung stehen, die die aufwändige phänotypische Selektion ersetzen können. Neben der Identifizierung von *Pratylenchus* resistenten Gerstenherkünften, müssen die Nematodenresistenz-Gene in deutsches Elitematerial schnell und erfolgreich eingekreuzt werden. Dazu werden diagnostische Marker benötigt, die den Züchtungsprozess in Richtung marktreifer Sorten

stark beschleunigen können. Für die Landwirtschaft in Deutschland bedeutet dies, dass durch den Anbau nematodenresistenter Gerste die Erträge gesichert werden. Auf stark befallenen Flächen, auf denen der Anbau von Raps, Weizen und Gerste nicht mehr möglich ist, könnten resistente Sorten wieder Verwendung finden.

Am Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel werden seit 2004 Untersuchungen zur Selektion resistenter Gerstenherkünfte durchgeführt. Es wurde ein Gewächshaustest entwickelt, der es ermöglicht die Resistenz von Gerstenherkünften sicher zu erfassen. Der Gewächshausresistenztest beinhaltet ein Vermehrungssystem für Nematoden der Gattung *Pratylenchus*, ein verlässliches Infektionssystem der Pflanzen, eine halbautomatische Kultivierung der infizierten Pflanzen, sowie eine Nematoden-Extraktionskammer für 240 infizierte Pflanzen und die anschließende Auswertung der gewonnenen Proben. Unter 600 Herkünften aus aller Welt wurden solche mit signifikant verringertem Befall durch *P. penetrans* und *P. neglectus* gefunden. Mit dem dort etablierten Verfahren wurden die weltweit ersten Hinweise auf *P. penetrans* und *P. neglectus* resistente Wintergerstenherkünfte gesammelt, die in einem Feldversuch auf ihre Resistenz überprüft werden.

STADLER, M., EIBEN, U., LÜTH, P., VON TIEDEMANN, A.

Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Agrarwissenschaften, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abt. Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Griesebachstr. 6, 37077 Göttingen; PROPHYTA Biologischer Pflanzenschutz Gmbh, Inselstr. 12, 23999 Malchow / Poel

28-1-42.002-06 „Entwicklung eines Verfahrens zum biologischen Abbau des Inokulums strohbürtiger pilzlicher Pathogene im Getreide- und Rapsanbau auf Basis des pilzlichen Antagonisten *Microsphaeropsis ochracea*“

„ Development of a process for the biological degradation of straw-borne fungal pathogens of cereals and oilseed rape by the fungal antagonist Microsphaeropsis ochracea”

Microsphaeropsis ochracea ist eine neu entdeckte saprophytische Spezies der Coleomycetes und wurde erstmals in den 1990er Jahren von abgestorbenem Blattgewebe aus kanadischen Apfelplantagen isoliert [2]. Dieser Pilz ist in der Lage melanisierte Strukturen verschiedener Pilze zu besiedeln, in die Wirtszellen einzudringen und sich dort zu vermehren [1]. Dies führt zu einer Wachstumshemmung des Zielorganismus bis hin zum vollständigen Zelltod. Es konnte *in vitro* und unter Freilandbedingungen gezeigt werden, dass der Einsatz von *Microsphaeropsis ochracea* eine biologische Bekämpfung von *Botritis squamosa*, *Rhizoctonia solani* und *Venturia inaequalis*, ermöglicht [3] [4] [5].
Im Rahmen dieses Verbundprojektes soll untersucht werden in wie weit *Microsphaeropsis ochracea* industriell vermehrt, formuliert und gelagert werden kann um das Produkt auf einem breiten Markt anbieten zu können. Deshalb wurden von der Prophyta GmbH im Labormaßstab die Substrate Hafer, Haferflocken, Hartweizen, Roggen, Roggenflocken sowie Gerstenflocken hinsichtlich ihrer Eignung zur Produktion einer maximalen Sporenmenge geprüft. Im Ergebnis konnte bei den neu getesteten Substraten keine deutliche Steigerung der Sporenausbeuten von *Microsphaeropsis ochracea* gegenüber dem bisherigen Laborstandard, Triticaleflocken, erreicht werden. Insbesondere für die Untersuchung der Wirkung von *Microsphaeropsis ochracea* unter Freilandbedingungen werden größere Mengen formuliertes Inokulum von *Microsphaeropsis ochracea* benötigt. Zu diesem Zweck wurde im Herbst 2007 ein Fermenter mittlerer Größe mit Triticaleflocken angesetzt und beerntet. Der Sporenertrag betrug 8,1 x 10^9 Sporen/g Kultursubstrat. Die erste Formulierung der geernteten Sporen erfolgte an Glucose als Trägersubstanz. Auf diese Weise konnten 75 kg formuliertes Sporenprodukt in guter Qualität hergestellt werden. Kleine Proben von diesem Produkt wurden bereits in einem Lagerversuch hinterlegt, um die Veränderungen in der Produktqualität über einen längeren Zeitraum beobachten zu können.
Darüber hinaus soll in Labor- und Freilandversuchen eine mögliche Reduktion des Inokulums wichtiger Pathogene an Getreide (*Mycosphaerella graminicola, Pyrenophora tritici-repentis, Fusarium spp.*) und Raps (*Leptosphaeria maculans*, *Verticillium longisporum*) durch den Mykoparasiten *Microsphaeropsis ochracea* untersucht werden. Hierfür wurden auf Versuchsflächen der Universität Göttingen und auf einem landwirtschaftlichen Betrieb in Dummerstorf (Mecklenburg Vorpommern) im Herbst 2007 je drei Dauerfreilandversuche mit den Fruchtfolgen Raps Monokultur, Winterweizen Monokultur, Raps Winterweizen angelegt. Die Applikation von *Microsphaeropsis ochracea* erfolgte bereits im Herbst vor der Aussaat mit einer Aufwandmenge von 1 kg/ha bzw. 2 kg/ha formuliertem Produkt, und es soll eine weitere Applikation zu Vegetationsbeginn mit entsprechenden Aufwandmengen erfolgen. Eine mögliche Reduktion des Pathogeninokulums durch *Microsphaeropsis ochracea* soll mittels Befallsbonitur an den jeweiligen Kulturpflanzen untersucht werden.
Es wurden bereits im Herbst 2007 erste Bonituren an Raps durchgeführt. Dabei wurde ein deutlich geringerer Phomabefall der Rapspflanzen in den *Microsphaeropsis ochracea* behandelten Varianten, gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante bonitiert. Weitere Bonituren sollen im Frühjahr 2008 folgen.
Darüber hinaus wurde in ersten Laboruntersuchungen die Wirkung von *Microsphaeropsis ochracea* auf das Keimverhalten der Mikrosklerotien von *Verticillium longisporum* untersucht. In den Interaktionsversuchen konnte eine deutliche Hemmung der Mikrosklerotienkeimung durch *Microsphaeropsis ochracea* nachgewiesen werden. Während es bei einer Inokulation der Mikrosklerotien mit *Microsphaeropsis ochracea* Sporensuspensionen < 10^6 Sporen/ml nur zu einer teilweisen Hemmung der Mikrosklerotienkeimung kam, konnte durch den Einsatz von *Microsphaeropsis ochracea* Sporensuspensionen > 10^6 Sporen/ml eine vollständige Hemmung der Mikrosklerotienkeimung erreicht werden (Abb. 1a). Darüber hinaus zeigte sich, dass die Inkubationsdauer und die Inkubationstemperatur einen entscheidenden Einfluss auf die Wirkungssicherheit von *Microsphaeropsis ochracea* gegenüber den Mikrosklerotien haben. Durch eine

Verlängerung der Inkubationsdauer von 6 auf 10 Tage konnte auch bei Behandlungen mit gering konzentrierten Sporensuspensionen (< 10^6 Sporen/ml) eine annähernd 100%ige Mortalität der Mikrosklerotien erreicht werden. Ähnliche Interaktionen konnten in Abhängigkeit von der Temperatur festgestellt werden. Bei Inkubationstemperaturen < 16°C war nach erfolgter *Mikrosphaeropsis ochracea* Behandlung die Mortalitätsrate der Mikrosklerotien deutlich geringer als bei Inkubationstemperaturen > 16°C (Abb. 1b).

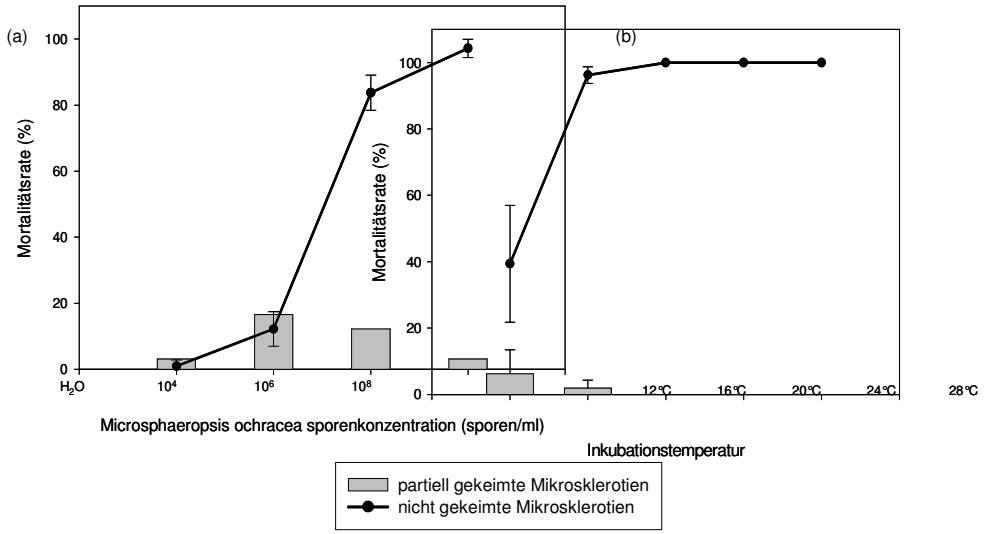


Abb. 1: Mortalitätsrate (%) der *Verticillium longisporum* Mikrosklerotien nach erfolgter *Microsphaeropsis ochracea* Inokulation und einer Inkubationsdauer von 6 Tagen; a) In Abhängigkeit von der Sporenkonzentration der *Microsphaeropsis ochracea* Inokulationslösung; b) in Abhängigkeit von der Inkubationstemperatur; partiell gekeimte Mikrosklerotien: vereinzelte Hyphen- und Mikrosklerotienbildung; nicht gekeimte Mikrosklerotien: es konnte keine Hyphen- und Mikrosklerotienbildung beobachtet werden;

Literatur

[1]Bassam, B., Benhamou, N., Carisse, O. (2002): The role of melanin in the antagonistic interaction between the apple scab pathogen *Venturia inaequalis* and *Microsphaeropsis ochracea*. Can. J. Microbiol. 48, 349-358.
[2]Bernier, J., Carisse, O., Paulitz, T.C. (1996): Fungal communities isolated from dead apple leaves from ochrads in Quebec. Phytoprotection 77, 129-134.
[3]Carisse, O., Philion, V., Rolland, D., Bernier, J. (2000): Effect of fall application of fungal antagonists on spring ascospore production of the apple scab pathogen *Venturia inaequalis*. Phytopathology 90, 31-37.
[4]Carisse, O., Bassam, S., Benhamou, N. (2001): Effect of *Microsphaeropsis* sp. strain P130A on germination and production of sclerotia of *Rhizoctonia solani* and interaction between the antagonist and the pathogen. Phytopathology 91, 782-791.
[5]Carisse, O., Rolland, D., Tremblay, D. M. (2006): Effect of *Microsphaeropsis ochracea* on production of sclerotia-borne and airborne conidia of *Botrytis squamosa*. BioControl 51, 107-126.

HALLMANN, J.[1], SCHLATHÖLTER, M.[2], GROSCH, R.[3], SCHÜTZE, W.[4], DAUB, M.[5]

[1]Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Toppheideweg 88, 48161 Münster; [2]P. H. Petersen Saatzucht Lundsgaard GmbH & Co. KG, Streichmühler Str. 8a, 24977 Grundhof; [3]Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau, Theodor Echtermeyer Weg 1, 14979 Großbeeren; [4]JKI, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg; [5]JKI, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Dürener Straße 71, 50189 Elsdorf

28-1-42.018-06: „Optimierung der Biofumigation zur nicht-chemischen Bekämpfung bodenbürtiger Schaderreger“

Optimisation of biofumigation for the non-chemical control of soil-borne diseases

Bodenbürtige Schaderreger gehören zu den am schwersten zu bekämpfenden Schaderregern von Kulturpflanzen. Eine Bekämpfung dieser Schaderreger allein über die Fruchtfolge ist aufgrund des breiten Wirtspflanzenspektrums dieser Schaderreger und ihrer meist langen Überdauerungszeiten im Boden nicht möglich. Die Biofumigation als natürliches und umweltfreundliches Verfahren stellt eine Alternative zum Einsatz synthetischer Pflanzenschutzmittel dar [1, 2, 3].

Der Begriff „Biofumigation“ wurde 1993 von Kirkegaard et al. [4] eingeführt zur Beschreibung der suppressiven Wirkung von Kruziferen gegenüber bodenbürtigen Schaderregern. Hierbei macht man sich folgendes natürliches Prinzip zu Nutze: Kruziferen enthalten Glucosinolate, deren Gesamtmenge in der Pflanze zum Zeitpunkt der Blüte am höchsten ist. Werden die Kruziferen zerkleinert und in den Boden eingearbeitet, kommt es zur Umsetzung (Hydrolyse, Myrosinase als Katalysator) der Glucosinolate u. a. in Isothiocyanate.

Glucosinolate sind schwefelhaltige Verbindung des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels, die vor allem in Pflanzenarten aus der Familie Brassicaceae auftreten [1]. Art, Menge und Verteilung der Glucosinolate innerhalb verschiedener Pflanzenteile sowie der daraus resultierenden Isothiocyanante variieren in Abhängigkeit von der Kulturpflanzensorte bzw. –art und den Umweltbedingungen [5]. Strukturell stellen Glucosinolate aufgrund eines chemisch identischen Kerns eine homogene Klasse mit einer variablen Struktur der Seitenkette dar. Unterschieden werden aliphatische, aromatische und Indol-Glucosinolate [1], wobei nur die ersten beiden Glucosinolate die biologisch aktiven Isothiocyanate freisetzen. Obwohl die toxische Wirkung dieser Isothiocyanate gegen bodenbürtige Pflanzenerreger seit langem bekannt ist [6], stellt ihre natürliche Nutzung über die Biofumigation ein sehr junges Verfahren dar, bei dem durch weitere Optimierungsstrategien noch deutliche Wirkungssteigerungen zu erwarten sind. Durch moderne züchtungsbegleitende Analytik (HPLC) ist eine schnelle und effektive Selektion von Kruziferen-Formen mit einem hohen Wirkstoffpotential möglich [7].

Ziel des Forschungsvorhabens ist es, den Wirkungsgrad und die Wirkungssicherheit der Biofumigation für die Bedingungen gemäßigter Klimaregionen zu optimieren, die Bekämpfung bodenbürtiger Schaderregern unter Praxisbedingungen zu verbessern und den Pflanzenschutzmitteleinsatz zu reduzieren. Um dies zu erreichen, wird (1) an einem vorhandenen Sortiment aussichtsreicher Kruziferenarten und –sorten der Anteil Isothiocyanate-freisetzender Glucosinolate bestimmt, (2) durch züchterische Bearbeitung der Glucosinolategehalt in Kruziferenarten und –sorten erhöht, (3) durch Optimierung der Anbaumaßnahmen die Glucosinolat-Menge pro Flächeneinheit gesteigert, (4) das neu gewonnene Wissen an die landwirtschaftliche und gartenbauliche Praxis adaptiert und transferiert und (5) die Wettbewerbsfähigkeit des beteiligten KMU erhöht.

Die Wirksamkeit der Biofumigation wird am Beispiel pflanzenparasitärer Nematoden (*Ditylenchus dipsaci, Heterodera schachtii, Meloidogyne hapla, Pratylenchus* spp.) sowie dem phytophatogenen Pilz *Rhizoctonia solani* untersucht, den Praktikern auf Feldtagen demonstriert und in einem Technischen Leitfaden Biofumigation veröffentlicht.

Erste Ergebnisse. Die nematizide Wirkung von sieben häufig auftretenden Isothiocyanaten wurde am Beispiel von *Meloidogyne hapla* bestätigt. Die stärkste nematizide Wirkung zeigte Benzylisothiocyanat mit 100 % Inaktivierung der Larven innerhalb von 3 Stunden bereits in der am niedrigsten gewählten Konzentration von 0,01 µmol. Inwieweit die Biofumigation bei Anbau als Sommer-Zwischenfrucht zur Reduzierung der Besatzdichte von *Pratylenchus* beitragen kann, wurde in 2007 auf zwei Praxisbetrieben untersucht. Die Betriebe unterschieden sich unter anderem in dem auftretenden Nematodenspektrum; auf Betrieb A trat u. a. *M. hapla*, *P. penetrans* und *P. neglectus*, auf Betrieb B *D. dipsaci* und *H. schachtii* auf. Angebaut wurden verschiedene Sorten von Sareptasenf, Weißem Senf

und Ölrettich sowie eine Mischung von Sareptasenf mit Ölrettich (Terraprotect RB) bzw. Sareptasenf mit Weißem Senf (Terraprotect MB). Zum Zeitpunkt der Einarbeitung wurde die Pflanzenfrischmasse und Pflanzentrockenmasse sowie der Glucosinolatgehalt ermittelt und vor Aussaat bzw. vier Wochen nach Einarbeitung der Besatz mit pflanzenparasitären Nematoden. Als primäre Glucosinolate traten auf: in Sareptasenf Sinigrin mit 10-12 µmol/g TS, in Weißer Senf Sinalbin mit 9-12 µmol/g TS und in Ölrettich Glucoraphasatin mit 10 µmol/g TS. Die Biofumigationsvarianten hatten nur eine geringe Wirkung auf *M. hapla*; da sie allesamt eine Vermehrung des Nematoden während der Anbauphase ermöglichten. Demgegenüber wurde *Pratylenchus* spp. (Mischpopulation von *P. penetrans* und *P. crenatus*) in allen Varianten reduziert (Abb. 1); die Vermehrungsraten lagen zwischen 0,2 für Ölrettich cv. Colonel und 0,85 für Sareptasenf cv. Terrafit. Die Wirkung gegen *H. schachtii* und *D. dipsaci* wird derzeit ausgewertet.

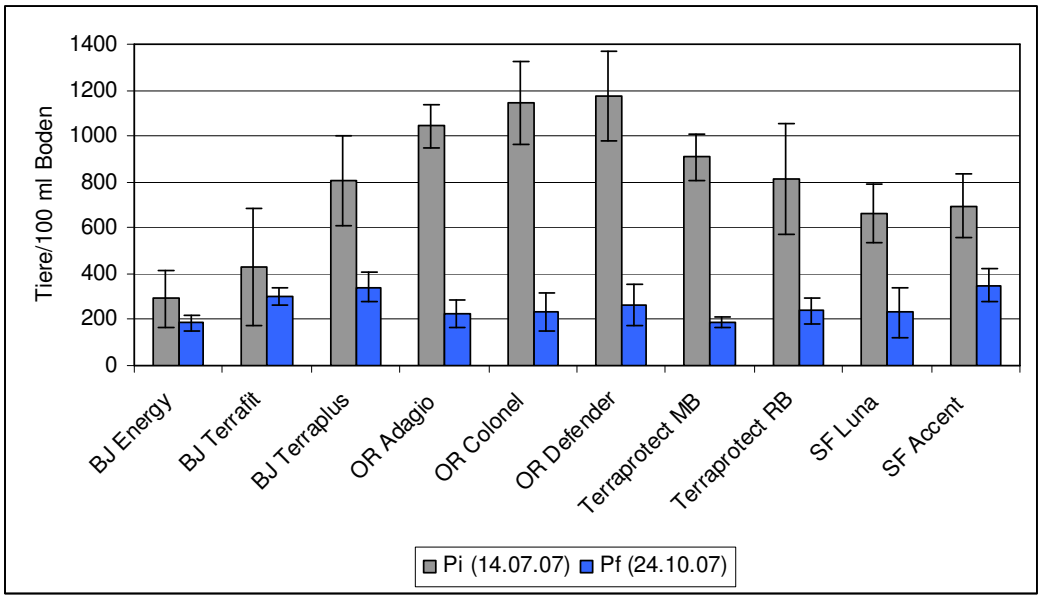


Abb. 1: Einfluss verschiedener Biofumigationsvarianten auf die Besatzdichte von *Pratylenchus spp.*

Bei der Wirkung der Biofumigation gegen *Rhizoctonia solani* wurde in einer ersten Versuchsserie die Anfälligkeit von 8 Biofumigationsvarianten auf Befall mit drei Isolaten von *R. solani* untersucht. Die geringste Befallshäufigkeit nach 4 Wochen zeigte Ölrettich cv. Defender; bei zwei *R. solani* Isolaten war Befallsfreiheit gegeben, bei einem Isolat lag die Befallshäufigkeit unter 2%. Auch die vier Sareptasenfsorten wurden nur in geringem Maße von *R. solani* befallen (Befallshäufigkeit < 15%). Die höchste Befallshäufigkeit zeigte Weißer Senf mit bis zu 70%.

Ausblick. Derzeit wird der Wirtspflanzenstatus der verschiedenen Biofumigationsvarianten für die pflanzenparasitären Nematoden untersucht sowie nach Sorten mit schlechter Wirtseignung für *M. hapla* bzw. *R. solani* für einen optimierten Einsatz in der Biofumigation gesucht. Durch züchterische und anbautechnische Verfahren soll weiterhin die Glucosinolatmenge pro Fläche maximiert werden.

[1] Brown, P.D., Mora, M.J. 1997 Control of soilborne plant pests using glucosinolate-containing plants. Advanced Agrononmy 61: 167-231.

[2] Lazzeri, L., Leoni, O., Bernardi, R., Malaguti, L., Cinti, S. 2004. Plants, techniques and products for optimising biofumigation in the full field. Agroindustria 3: 281-287.

[3] Matthiessen, J.N., Kirkegaard, J.A. 2006. Biofumigation and enhanced biodegradation: Opportunity and challenge in soilborne pest and disease control. Critical Reviews in Plant Sciences 25: 235-265.

[4] Kirkegaard, J.A., Gardner, P.A., Desmarchelier, J.M., Angus, J.F. 1993. Biofumigation – using *Brassica* species to contol pests and diseases in horticulture and agriculture. In: N. Wratten, R.J. Mailer (Hrsg.) Proceedings 9th Australian Research Assembly on Brassicas. Agricultural Research Institute, Wagga Wagga, S. 77-82.

[5] Schütze, W.; Clauß, E. 1996. Variabilität des Glucosinolatgehaltes als ein Aspekt bei der Züchtung neuartiger Brassica-Formen. XXX. Vortragstagung der DGQ (Pflanzliche Nahrungsmittel), 25.-26.03.1996, Kiel, Tagungsband S. 53-62.

[6] Walker, J.C., Morell, S., Foster, H. (1937). Toxicity of mustard oils and related sulphur compounds to certain fungi. American Journal of Botany 24: 536-541.

[7] Schütze, W., Quilitzsch, R., Schlathölter, M. 2004. Glucosinolate testing of leaves and stems in brassicas with HPLC and MIR. Agroindustria 3: 399-401.

ESTHER, A.[1], BALDEWEG, H.[2], MÜHLICHEN, H.[2], PERNER, J.[3], VOLK, T.[4], HALLE, S.[2], JACOB, J.[1]

[1] Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, AG Wirbeltiere, Toppheideweg 88, 48161 Münster,[2] Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Ökologie, Dornburgerstraße 159, 07743 Jena , [3] U.A.S. Umwelt- und Agrarstudien GmbH, Ilmstraße 6, 07743 Jena , [4] Thomas Volk, proPlant Gesellschaft für Agrar-und Umweltinformatik mbH, Albrecht-Thaer-Straße 34, 48147 Münster

28-1-42.030.-06 „ Prognosemodell für Massenvermehrungen von Feldmäusen

Predictive model for outbreaks of common voles"

Massenvermehrungen von Feldmäusen können zu hohen wirtschaftlichen Verlusten in der Land- und Forstwirtschaft führen. Diese Massenvermehrungen treten regional mehr oder weniger regelmäßig etwa alle 2-5 Jahre auf. Trotzdem gibt es bisher keine praktikable Möglichkeit, dieses Phänomen auf lokaler Ebene vorherzusagen. In unserem Projekt soll durch die Zusammenarbeit mit der Friedrich-Schiller-Universität, Jena und der proPlant GmbH, Münster ein praktikables Prognosemodell für Massenvermehrungen der Feldmaus entwickelt werden. Die Förderung erfolgt durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung seit August 2007. Das zu entwickelnde Modell soll den Landwirten als Warnsystem und Entscheidungshilfe dienen, damit der rechtzeitige Einsatz von räumlich und zeitlich gezielten Gegenmaßnahmen ermöglicht werden kann. Rechtzeitig angewendete flankierende Maßnahmen dürften zu einer Verminderung der Rodentizidanwendungen führen, was den Naturhaushalt entlasten und die Risiken für Nichtzielarten verringern kann.
Für die Entwicklung des Prognosemodells stehen Zeitserien der Populationsdynamik von Feldmäusen aus mehreren Bundesländern zur Verfügung. Diese Datensätze geben in der Regel die Abundanz der Mäuse nicht direkt sondern als Anzahl aktiver Baueingänge (wiedergeöffnete Löcher) an. In Feldversuchen muss deshalb zunächst geklärt werden, inwieweit die Anzahl der wiedergeöffneten Löcher die tatsächliche Populationsdichte der Feldmäuse widerspiegelt. Diese Kalibrierung erfolgt momentan auf 6 Grünlandflächen in Hessen und Thüringen.
Die Zeitreihen werden auf Zusammenhänge mit Umweltparametern statistisch untersucht. Bei der Feldmaus und anderen Kleinsäugerarten ist bekannt, dass u. a. Temperatur, Sonnenscheindauer und Niederschlag für eine Vorhersage der Populationsentwicklung geeignet sein können. Daneben kann auch die Größe der Population zu bestimmten Zeiten mit der Wahrscheinlichkeit für eine Massenvermehrung verbunden sein. Deshalb werden zunächst Kombinationen solcher Parameter auf ihre Vorhersagekraft getestet.
Auf der Basis der statistischen Analyse wird ein Prognosemodell für Massenvermehrungen von Feldmäusen entwickelt, das aus einem Klimamodul und einem lokalen Modul zusammengesetzt ist. Die Überprüfung der Vorhersagekraft erfolgt im Anschluss durch den Vergleich der Prognoseergebnisse mit den Ergebnissen von Fallenfängen auf lokaler Ebene. Das Modell soll in eine Plattform der proPlant GmbH integriert werden und Landwirten sowie Beratern als Entscheidungshilfe für die Feldmausbekämpfung zur Verfügung stehen.
Es war uns möglich, detaillierte Datensätze zum Feldmausbesatz z.B. der Gebiete Weser-Ems, Halle und Erfurt zusammenzutragen. Sehr detailliert sind die beiden letztgenannten Datensätze, die neben der Anzahl an wiedergöffneten Löchern (Abundanzindex) aus 63 Regionen im Zeitraum 1973-1998 genaue Informationen zu Kulturen und Bekämpfungsmaßnahmen enthalten. Erste statistische Analysen zum Zusammenhang von Feldmausabundanz- und Witterungsdaten zeigten, dass eine Aggregation der Witterungsparameter unter Verwendung von Hauptkomponentenanalysen (PCA) entgegen den Erwartungen nur unzureichende Erklärungswerte lieferten. Hingegen ergaben multiple lineare Regressionsanalysen teilweise hoch-signifikante Zusammenhänge zwischen den Feldmausabundanzen im Herbst und ausgewählter Witterungsparametern. Dies legte nahe, dass Mittelwerte bestimmter Wetterparameter höhere Erklärungswerte für Massenvermehrungen der Feldmaus haben, als die aggregierten künstlichen Hauptkomponenten. Die Feldmausabundanzen (wiedergöffnete Löcher) im Frühjahr spielten jedoch bei den bisher getesteten Zeitserien keine signifikante Rolle für die Anzahl an wiedergöffneten Löchern im Herbst. Es wird vermutet, dass eine feinere zeitliche Auflösung der Wetterdaten noch bessere Erklärungswerte liefern könnte. Dies wird derzeit in umfangreichen Datenanalyen überprüft.

KLEINHENZ, B. [1)], ERVEN, T.[1)], JÖRG, E.[1)], RÖHRIG, M. [2)]

[1)]ZEPP- Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz, Rüdesheimer Str. 68, 55545 Bad Kreuznach, www.zepp.info, [2)]Informationssystem Integrierte Pflanzenproduktion e.V., Rüdesheimer Str. 68, 55545 Bad Kreuznach, www.isip.de

28-1-42.033-06: „Erweiterung des Prognose- und Simulationsmodells SIMSEPT durch ein Sortenmodul zur optimalen Bekämpfung von *Septoria tritici* und *Stagonospora nodorum* in Winterweizen“

Extension of the simulation model SIMSEPT by a modul to describe variety susceptibility and optimization of Septoria tritici und Stagonospora nodorum treatments in winter wheat

Vorhabenskonzept

Die beiden Schadpilze *S. tritici* und *S. nodorum* gehören zu den wirtschaftlich bedeutendsten Krankheitserregern im Weizenanbau weltweit. Besonders *S. tritici* gewinnt seid einigen Jahren stark an Bedeutung, verbunden mit hohen Ertragsverlusten, die in Hochertragssorten über 50% betragen können. Im Rahmen dieses Projektes werden je ein Sorten- und ein Fungizidmodul entwickelt. Diese Module werden in das bestehende SIMSEPT- Modell integriert werden, das den Epidemieverlauf auf der Grundlage aktueller Wetterdaten abbildet. Mit Daten aus Labor- und Feldversuchen werden Parameter charakterisiert, anhand derer in Abhängigkeit von der Sortenanfälligkeit der Befallsverlauf berechnet wird, um den optimalen Behandlungstermin zu bestimmen. Das Fungizidmodul berechnet in Abhängigkeit von Temperatur und Niederschlägen die Wirkungsdauer der Fungizide. Mit diesem neuen Entscheidungssystem soll der Einsatz von Fungiziden optimiert werden. Die Wettbewerbsfähigkeit der Landwirte verbessert sich durch wirtschaftliche Vorteile aufgrund der Einsparung von Fungiziden und der Senkung weiterer variabler Kosten. Mit der Nutzung des Entscheidungsmodells im Internetportal von ISIP können notwendige Feldarbeiten im Voraus besser geplant werden.

Material und Methoden

In Feldversuchen wird die Befallsstärke von *S. tritici* an verschiedenen Weizensorten bonitiert. Zur Schaffung einer breiten Datengrundlage werden Bonituren in mehreren Bundesländern durchgeführt. Weitere Daten zur Parametrisierung der Sortenunterschiede stammen aus speziell angelegten Versuchen in Rheinland- Pfalz, in denen der exakte Befallsverlauf an markierten Pflanzen erhoben wird.

In Laborversuchen werden unter kontrollierten Bedingungen die Inkubations- und Latenzzeiten verschiedener Sorten untersucht. Die Parameter Pyknosporendichte, Anzahl der Pyknidien pro Läsion, Sporenlänge und Läsions- und Pyknidiengröße werden ebenfalls auf ihre Eignung als Parameter zur Sortendifferenzierung überprüft.

Erste Ergebnisse

Im ersten Versuchsjahr 2007 wurden intensive Feldbonituren durchgeführt. Eine gesicherte Sortendifferenzierung kann aufgrund der Daten eines Jahres noch nicht vorgenommen werden, zudem das Jahr 2007 aufgrund der langen Trockenheit im Frühjahr nicht optimal für eine Septoria Epidemie war. Die Ergebnisse belegen jedoch eine unterschiedliche *S. tritici* Anfälligkeit der Sorten. Im Mittel über alle Standorte in acht Bundesländern konnten Unterschiede von bis zu 8 Tagen für das Erstauftreten von *S. tritici* auf den oberen Blattetagen beobachtet werden. Dabei bestand bis auf eine Ausnahme ein Zusammenhang zur BSA- Gruppierung der Sortenanfälligkeit. Gering anfällige Sorten haben demnach einen Einfluss auf die Latenzzeit von *S. tritici*.

Die Ergebnisse der Feldbonituren aus dem SIMSEPT- Sortenversuch in Rheinland-Pfalz zeigen signifikante Unterschiede für die Befallsstärke mit *S. tritici*. Die BSA-Einteilung der Sorten konnte auch hier nur teilweise bestätigt werden. Die AUDPC (area under the disease progress curve) auf der Basis der Befallsstärke der oberen 3 Blattetagen unterschied sich zwischen wenig und stark anfälligen Sorten um 50%. Sorten mit einer niedrigen Befallsstärke sind erst zu einem späteren Termin behandlungswürdig im Vergleich zu Sorten mit einer hohen Befallsstärke.

Im Labor wurden an natürlich befallenen Blättern aus Freilandversuchen Pyknidien gezählt und Läsionen vermessen. Weizensorten unterscheiden sich in der Anzahl der Pyknidien pro mm² Läsion. Die Differenz zwischen den Sorten mit den wenigsten und den meisten Pyknidien betrug über 42%.

Versuche mit künstlich infizierten Weizenblättern im Labor einer gering und einer stark anfälligen Sorte ergaben eine 2,8 Mal höhere Anzahl an Pyknidien bei der stark anfälligen Sorte. Bei diesen Versuchen zeigte sich auch, dass die Inkubations- und Latenzzeit von *S. tritici* bei der stark anfälligen Sorte deutlich kürzer als im Vergleich zur wenig anfälligen ist. Bereits nach einer Woche konnten unter

optimalen Bedingungen (15°C Nacht und 22°C Tag) bei 80% der Blätter der anfälligen Sorte Chlorosen beobachtet werden. Jedoch auch bei der weniger anfälligen Sorte zeigten 20% der Blätter bereits erste Aufhellungen nach einer Woche.
Die vorgestellten Freiland- und Laborversuche werden fortgeführt, um die Parameter für eine Sortendifferenzierung erarbeiten zu können.

FELKE, M., JOHNEN, A.

Julius-Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Institut für biologischen Pflanzenschutz, Heinrichstr. 243, D-64287 Darmstadt, proPlant Gesellschaft für Agrar- und Umweltinformatik mbH, Albrecht-Thaer-Straße 34, D-48147 Münster

28-1-42.036-06: „Erstellung eines Softwaregestützten Prognosemodells für die effektive Bekämpfung des Maiszünslers“

Development of a computerbased model for effective control of European corn borer

Im Rahmen einer Kooperation zwischen dem Institut für biologischen Pflanzenschutz des Julius Kühn-Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) und der Firma proPlant (Münster) wird ein Softwaregestütztes Prognosemodell für die effektive Bekämpfung des Maiszünslers (*Ostrinia nubilalis*) entwickelt, das die aktuelle Bekämpfungsnotwendigkeit klären, und gleichzeitig den günstigsten Behandlungstermin ermitteln soll. Aufgaben des JKI sind die Koordination des Projekts, sowie die Erhebung historischer und aktueller Daten zur Phänologie des Maiszünslers. Aufgabe der Firma proPlant ist die Erstellung des Softwaregestützten Prognosemodells auf Basis dieser Daten.

In der ersten Projektphase wurden zwischen den beiden Projektpartnern die phänologischen Daten festgelegt, die für die Erstellung des Prognosesystems im Rahmen von Freilanduntersuchungen in den Jahren 2007, 2008 und 2009 gesammelt werden sollten. Darüber hinaus wurde festgelegt, welche historischen Daten recherchiert werden mussten, es wurden Methoden für die Datenerhebung erarbeitet und die Datenstruktur für die Erhebungsdaten wurde vereinbart. Ende April 2007 wurden die in Freilanduntersuchungen zu erfassenden Daten, die anzuwendenden Boniturmethoden sowie die dazugehörigen Berichtsprotokolle mit den Partnern der am Projekt beteiligten Pflanzenschutzdienste abgestimmt.

Im Jahr 2007 wurden bundesweit an sieben verschiedenen Standorten Daten zur Maiszünsler-Phänologie erhoben:

1. Hohenzieritz (Mecklenburg-Vorpommern)
2. Heinersdorf (Oderbruch - Brandenburg)
3. Mechernich-Berg (Vordereifel - NRW)
4. Rheinbach (Raum Bonn - NRW)
5. Niedernberg (Unterfranken - Bayern)
6. Trebur-Geinsheim (Hessisches Ried - Hessen)
7. Weierbachsiedlung (Kraichgau - Baden-Württemberg

Hierbei wurden die folgenden phänologischen Daten erfasst:

1. Falterflug (ab 1. Juni mittels Lichtfalle)
2. Zeitpunkt der Ersteiablage (mittels Eiablagekäfig)
3. Eiablage (durch tägliches Absuchen von 100 festgelegten Maispflanzen)
4. Larvenschlupf (durch tägliches Absuchen von 100 festgelegten Maispflanzen)
5. Befall vor und nach der Ernte (inklusive Ernteverfahren)
6. Natürliche Wintermortalität (mittels Schlupfkäfig)

Parallel dazu wurden historische Daten zur Maiszünslerphänologie gesammelt und Anfang November 2007 zusammen mit den aktuellen Daten aus dem Jahr 2007 an die Firma proPlant weitergeleitet.

Als Anforderung für die Informationen, die das Prognosemodell für die effektive Bekämpfung des Maiszünslers zukünftigen Anwendern – Berater und Landwirte – anhand von Tageswetterdaten liefern soll, wurden jeweils der Beginn und der Verlauf des Zufluges, der Eiablage und des Larvenschlupfes festgelegt. Für die Entwicklung der ersten Programmversion wurden daher zunächst nur Standorte mit im Hinblick auf diese Anforderungen vollständigen Aufzeichnungen zur Phänlogie des Maiszünslers im Freiland berücksichtigt (vor allem die Daten, die Rahmen des Projektes in der Saison 2007 erhoben wurden). Diese Datenätze wurden einer möglichst Standort nahen Wetterstation des Deutschen Wetterdienstes oder der Meteomedia AG zugeordnet und in eine Phänologiedatenbank überführt, auf die eine spezielle proPlant Entwickler Version aufsetzt. Mit dieser Software können die Wetterdaten, die erhobenen Freilanddaten und die vom Prognosesystem hergeleiteten Ergebnisse vergleichend dargestellt werden.

Bei der Entwicklung des Prognosesystems wurden zuerst Temperatursummenmodelle erarbeitet, mit denen die Termine für den Erstzuflug, den Eiablagebeginn und den Start des Larvenschlupfes vorausgesagt werden. Für die Vorhersage des Zuflugverlaufes wurden die Lichtfallenfänge aus dem Jahr 2007 unterteilt in Zeit- bzw. Kontrollintervalle mit und ohne Zuflug. Durch die Auswertung der Wetterdaten in diesen Perioden wurden Expertenregeln erstellt, die basierend auf den Tagestemperaturwerten und der Windgeschwindigkeiten Wetterkonstellationen beschreiben, die einen Zuflug am Vorhersagetag ausschließen (Negativprognose) bzw. fördern (Positivprognose).

Für den Zuflug liefert die erste Programmversion somit bereits die anhand der Anforderungen gewünschten Vorhersagen zum Erstzuflug und dem weiteren Verlauf. Aktuell werden die Vorhersagen dieses Modells anhand der bereitgestellten historischen Daten überprüft und verfeinert. Daten zum Verlauf der Eiablage und des Larvenschlupfes liegen nur für die im Rahmen des Projektes betreuten Beobachtungsstandorte und nicht für die historischen Daten vor. Da diese einjährigen Daten für die Modellentwicklung nicht ausreichen, wird für die Erweiterung des Programms das 2. Freilandversuchsjahr abgewartet. Insbesondere muss geprüft werden, ob die Witterung einen entscheidenden Einfluss hat auf die Intensität und den Verlauf der Eiablage des Maiszünslers im Freiland. Diese Daten sind im Hinblick auf die Bekämpfungsnotwendigkeit und die Wahl eines optimalen Behandlungstermines interessant für den Fall, dass die Eiablage z.B. stark reduziert oder verzögert stattfinden kann.

KLEINHENZ, B.[1)], ZEUNER, T.[1)], RÖHRIG, M. [2)]

[1)]ZEPP- Zentralstelle der Länder für EDV-gestützte Entscheidungshilfen und Programme im Pflanzenschutz, Rüdesheimer Str. 68, 55545 Bad Kreuznach, www.zepp.info, [2)]Informationssystem Integrierte Pflanzenproduktion e.V., Rüdesheimer Str. 68, 55545 Bad Kreuznach, www.isip.de

28-1-42.038-06: „Einsatz von geographischen Informationssystemem im Internet zur Optimierung von Entscheidungshilfesystemen“

Use of Geographic Information Systems via Internet and Optimization of Decision Support Systems

Gesamtziel des Projektes

.1. Erstellung von Risikokarten

Durch die Nutzung von Geoinformationssystemen soll eine tagesaktuelle flächenbezogene Darstellung der Berechnungsergebnisse von Schaderregerprognosemodellen (Risikokarten) eingeführt werden. Diese Risikokarten bieten die anschaulichen Informations- und Präsentationsmöglichkeiten ausgereifter GI-Systeme im Internet. Das vereinfacht die Interpretation von Prognoseergebnissen wesentlich und erhöht die Akzeptanz und Anwendung solcher Methoden in der praktischen Landwirtschaft. Die Risikokarten können als Grundlage zur Abschätzung Notwendigkeit von Befallserhebungen und von Pflanzenschutzmitteleinsätzen verwendet werden.

.2. Verbesserte Schaderregerprognose

Bis jetzt ist der Einsatz von wetterbasierten Prognosemodellen für Schaderreger nur für den Geltungsbereich einer Wetterstation möglich. Das bedeutet, dass alle Felder im Umkreis der Station gleich bewertet werden. Dabei beträgt der Abstand zwischen Feld und Wetterstation bis zu 60 km. Durch den Einsatz von Geografischen Informationssystemen (GIS) kann die Interpolation der Wetterdaten zwischen den einzelnen Wetterstationen erfolgen, um damit schlaggenaue Prognosen zu erstellen. So können deutlich besser angepasste Prognoseergebnisse als bisher erzielt werden.

Ausgangslage

Basis des Projektes sind die Ergebnisse des Forschungsprojektes „Einsatz von Geografischen Informationssystemen zur Regionalisierung von Parametern für die Prognose landwirtschaftlicher Schaderreger und zur Optimierung der Ergebnisdarstellung“.

In dieser Arbeit wurde am Beispiel der Kraut- und Knollenfäule an Kartoffeln *Phytophthora infestans* und des Kartoffelkäfers *Leptinotarsa decemlineata* untersucht, ob durch den Einsatz von Geographischen Informationssystemen (GIS) landwirtschaftliche Schaderregerprognosen für jeden beliebigen Kartoffelschlag in Deutschland erstellt werden können. Um dieses Ziel zu erreichen, wurden die Eingangsparameter (Temperatur und relative Luftfeuchte) der Prognosemodelle für die beiden Schaderreger (SIMLEP1, SIMPHYT1, SIMPHYT3 and SIMBLIGHT1) so aufbereitet, dass Wetterdaten flächendeckend für Deutschland zur Verfügung standen.

Bevor jedoch interpoliert werden konnte, wurde eine Regionalisierung von Deutschland in Interpolationszonen durchgeführt und somit Naturräume geschaffen, die einen Vergleich und eine Bewertung der in ihnen liegenden Wetterstationen zulassen. Hierzu wurden die Boden-Klima-Regionen von SCHULZKE und KAULE (2000) modifiziert, an das Wetterstationsnetz angepasst und mit 5 bis 10 km breiten Pufferzonen an der Grenze der Interpolationszonen versehen, um die Wetterstationen so häufig wie möglich verwenden zu können.

Für die Interpolation der Wetterdaten wurde das Verfahren der multiplen Regression gewählt, weil dieses im Vergleich zu anderen Verfahren die geringsten Abweichungen zwischen interpolierten und gemessenen Daten aufwies und den technischen Anforderungen am besten entsprach. Für 99 % aller Werte konnten bei der Temperaturberechnung Abweichungen in einem Bereich zwischen -2,5 und 2,5 °C erzielt werden. Bei der Berechnung der relativen Luftfeuchte wurden Abweichungen zwischen -12 und 10 % relativer Luftfeuchte erreicht. Die Mittelwerte der Abweichungen lagen bei der Temperatur bei 0,1 °C und bei der relativen Luftfeuchte bei -1,8 %.

Zur Überprüfung der Trefferquoten der Modelle beim Betrieb mit interpolierten Wetterdaten wurden Felderhebungsdaten aus den Jahren 2000 bis 2007 zum Erstauftreten der Kraut- und Knollenfäule sowie des Kartoffelkäfers verwendet. Dabei konnten mit interpolierten Wetterdaten die gleichen und auch höhere Trefferquoten erreicht werden, als mit der bisherigen Berechnungsmethode. Beispielsweise erzielte die Berechnung des Erstauftretens von *P. infestans* durch das Modell SIMBLIGHT1 mit interpolierten Wetterdaten im Schnitt drei Tage geringere Abweichungen im Vergleich zu den Berechnungen ohne GIS.

Die Ergebnisse dieser Arbeiten zeigen, dass durch die Verwendung von GIS mindestens die gleichen und auch höhere Trefferquoten bei Schaderregerprognosen erzielt werden als mit der bisherigen Verwendung von Daten einer nahegelegenen Wetterstation. Die Ergebnisse stellen einen wesentlichen Fortschritt für die landwirtschaftlichen Schaderregerprognosen dar. Erstmals ist es möglich, bundesweite Prognosen für jeden beliebigen Kartoffelschlag zur Bekämpfung von Schädlingen in der Landwirtschaft bereit zu stellen.

Bisherige Arbeiten

Zur Umsetzung der in Projekt 05H19 erzielten Ergebnisse dient das im Titel genannte Verbundprojekt. Über die Internetplattform ISIP sollen die gisbasierten Prognosen berechnet und der Praxis zur Verfügung gestellt werden. In der ersten Projektphase ging es darum, die Geodateninfrastruktur einzurichten und ISIP zu georeferenzieren, so dass der Grundstein für eine gisbasierte Berechnung gelegt werden konnte. Hierzu wurden verschiedene Datenbanken (PostGIS, DB2 und Oracle) auf Anwendbarkeit und Kompatibilität getestet. Alle Datenbanken weisen ausreichende GIS-Operationen auf, weswegen zunächst die Verwendung der kostenfreien Datenbank PostGIS in betracht gezogen wird. Eine spätere Migration auf DB2 oder Oracle ist aber mit geringem Aufwand möglich. Des Weiteren wurde die Hardware für eine Testumgebung eingerichtet, so dass mit der Implementierung der Geodateninfrastruktur und der damit verbundenen Georeferenzierung von ISIP zeitnah begonnen werden kann.
Zur Darstellung der Prognoseergebnisse wurde bei erste Webgiserfahrungen gesammelt, indem die Ergebnisse des Projektes 05H19 in einem Webgisprojekt in unserem Intranet darstellt wurden. Diese Anwendung soll im Laufe des Projektes ausgeweitet, optimiert und später in ISIP integriert werden.

SCHULZKE, D. und **KAULE**, G.(2000): Eine agrarökologische Gebietsgliederung für Deutschland als Entscheidungshilfe zur Ableitung von Schutz- und Nutzungszielen in der Landwirtschaft, Mitteilungen Biologischer Bundesanstalt Land- und Forstwirtschaft Berlin-Dahlem **371**, S. 93-105 Braunschweig.

RÖMER, P.[1)], KOFOET, A.[2)], DJALALI FARAHANI-KOFOET, R.[2)], GROSCH, R.[2)]

[1)]GHG Saaten GmbH, Albert-Drosihn-Str. 9, 06449 Aschersleben , [2)]Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ), Abteilung Pflanzengesundheit, Theodor Echtermeyer Weg 1, 14979 Großbeeren

28-1-41.022-06: „Verbundprojekt: Entwicklung von Zuchtmaterial von Basilikum (*Ocimum basilicum*) mit Resistenz gegen Falschen Mehltau (*Peronospora sp.*) und erhöhter Kältetoleranz“

Development of breeding material of basil (Ocimum basilicum) with resistance against downy mildew (Peronospora sp.) and with chill tolerance

In den letzten fünf Jahren ist bei Basilikum (*Ocimum basilicum*) erstmals in größerem Umfang Falscher Mehltau aufgetreten. Der Befall ist in Deutschland in Gewächshäusern aufgetreten, die im großen Stile Frischware für den Verkauf in Lebensmittelgeschäften produzieren. Betroffen war zunächst im Jahr 2003 ein Anbaugebiet am Bodensee (Insel Reichenau [1]). In den beiden folgenden Jahren trat die Krankheit in teilweise erheblichem Ausmaß im Gebiet Papenburg auf, das hinsichtlich der Produktion von Küchenkräutern in Deutschland führend ist. Töpfe mit befallenen Pflanzen lassen sich nicht mehr verkaufen und bedeuten daher einen großen wirtschaftlichen Schaden für den Gärtner. Für die Produzenten von Basilikum-Frischware ist die Produktion von gesunden Pflanzen ohne den Einsatz von Pflanzenschutzmitteln (insbesondere Blattfungiziden) extrem wichtig. Nur optisch einwandfreie Ware lässt sich verkaufen. Weiterhin ist die Belastung der Ware mit Chemikalien unter allen Umständen zu vermeiden.
Aus den bisherigen Beobachtungen in der Praxis lässt sich ableiten, dass die heute überwiegend angebauten Sorten keine Unterschiede in der Anfälligkeit gegen Falschen Mehltau zeigen. Versuche, den Falschen Mehltau auf chemischem Wege – insbesondere durch Saatgutbeizung – zu bekämpfen, scheiterten bisher. Vor allem die Frage der Bedeutung der Saatgutübertragbarkeit ist nicht hinreichend geklärt.
Ein weiteres Problem stellt die Produktion von Frischkräutern in den Wintermonaten dar. Gerade Basilikum ist in seiner Jugendentwicklung sehr wärmeliebend und daher müssen die Gewächshäuser gut geheizt werden, um einwandfreie Ware zu produzieren. Unter den momentan stetig steigenden Energiekosten wäre es daher für die Gärtner wichtig, kältetolerante Sorten zu haben, die auch bei niedrigeren Temperaturen (17°C statt 22°C) gut wachsen.
Die Produktion von marktfähiger Ware von Basilikum dauert im Gewächshaus 4 bis 6 Wochen. In diesem Zeitraum entwickeln sich die Pflanzen bis zum 6- bis 8-Blatt-Stadium.

Ziele des Verbundprojektes sind die Klärung von Fragen zur Biologie und Epidemiologie des Schaderregers als Grundlage für die Entwicklung einer Bekämpfungsstrategie und insbesondere die Entwicklung Mehltau-toleranter Sorten von Basilikum. Außerdem sollen kältetolerante Sorten von Basilikum entwickelt werden. Ein umfangreiches Sortiment von Basilikum-Herkünften soll mittels künstlicher Infektion unter kontrollierten Bedingungen auf seine Mehltau-Toleranz (im IGZ) und in der Klimakammer auf seine Kältetoleranz (bei GHG) geprüft werden, um anschließend marktgerechte Sorten daraus zu entwickeln. Das Material wird parallel dazu erhalten und vermehrt (bei GHG).
Projektbeginn war der 01.04.2007.

Die Untersuchungen im IGZ konzentrierten sich bislang auf die Erfassung der Parameter für Infektion, Latenz und Sporulation.

<u>Infektion</u>
Die Keimung von *Peronospora sp.* ist abhängig von der Temperatur und der relativen Luftfeuchtigkeit. Innerhalb von 4 h keimen bereits 50 % der Konidien auf Wasseragar bei Temperaturen von 5-10 °C. Höhere Temperaturen zwischen 10-20 °C verzögern den Keimprozess innerhalb von 4-12 h, während bei optimaler relativer Luftfeuchtigkeit von 24-48 h eine Keimrate vergleichbar der bei niedrigen Temperaturen zu beobachten ist. Bei Temperaturen über 25 °C ist die Keimrate unter *in vitro* Bedingungen deutlich reduziert.
Maximale Infektionsraten (1.0) werden bei Temperaturen von 10-25 °C 11 Tage nach Inokulation (dpI) erreicht, wobei höhere Temperaturen diesen Prozess ebenfalls deutlich reduzieren. Temperaturen von 15-20 °C während der Infektion fördern die Infektionsrate, verkürzen die Latenzphase und beschleunigen letztlich die Epidemie, da die Sporulationsintensität im Zeitraum 5-11 dpI exponentiell ansteigt und einen Blattflächenbefall von ca. 90 % verursacht.

Latenz
Der Anteil symptomatischer und Inokulum ausstreuender Pflanzen (Sporulation von *Peronospora sp.*) wird von der Inokulumkonzentration und der Zeit signifikant beeinflusst. Fünf bis sieben Tage nach Inokulation wird die Ausprägung von Symptomen von der Inokulumkonzentration abhängig: Niedrige Inokulumkonzentrationen von $4x10^3$ und $4x10^4$ Konidien/ml führen zu einer reduzierten Befallshäufigkeit und Sporulationsintensität im Vergleich zu Inokulumkonzentrationen von > 10^5 Konidien/ml. Neun bis 13 dpI sind an allen Pflanzen Symptome zu beobachten und bei Inokulumkonzentrationen von $4x10^3$ bis $8x10^5$ Konidien/ml ist eine vergleichbare Sporulationsintensität zu beobachten.
Eine Verminderung der Inokulumkonzentration führt somit zu einer Verlängerung der Latenzphase und zu einer Reduktion der Infektionsrate und Sporulationsintensität.

Sporulation
Die Sporulationsintensität wird beeinflusst von der Infektionstemperatur, Inokulumkonzentration, Dauer der Latenzphase und Sporulationstemperatur. Mit steigender Sporulationstemperatur von 5-25 °C steigt die Sporulationsintensität linear an.

Bei GHG Saaten wurde im Laufe des Sommers 2007 Saatgut für die Kälte- und Mehltautoleranzprüfung produziert bzw. beschafft.
Im Klimaraum der GHG Saaten wurden seit Projektbeginn drei Serien zur Prüfung auf Kältetoleranz gefahren.

Kältetoleranzprüfung
In einer ersten Serie wurden 91 Stämme aus dem aktuellen Zuchtprogramm der GHG Saaten geprüft. Als Vergleich dienten die Sorten Bavires, Basinova und Edwina. Die Pflanzgefäße wurden ab Aussaat in den Klimaraum gestellt. Die Temperatur betrug konstant 17 °C, die relative Luftfeuchte 60 % und die Lichtstärke rund 5000 Lux für die Dauer von 16 Stunden/Tag. Von Aussaat bis zum 4-Blatt-Stadium benötigten die Pflanzen 8 Wochen. Im Gewächshaus (18 °C Nacht-, 22 °C Tag-Temperatur, 16 Stunden/Tag Licht, 6500 Lux) wurde das 4-Blatt-Stadium bereits nach 4 Wochen erreicht. Insbesondere der Zeitraum von Aussaat bis Aufgang erwies sich unter den kühlen Bedingungen als extrem verzögernd (4 Wochen). Es wurden 5 Zuchtstämme selektiert, die sich durch dunklere Blattfarbe und/oder größeres Blatt im Vergleich zu den Sorten hervorhoben. Stamm Nr. 38 fiel besonders positiv auf.
In der zweiten Serie wurden fortgeschrittene 16 Zuchtstämme, die oben genannten Vergleichssorten und 30 neue Herkünfte diversen Ursprungs geprüft. Während es sich in der ersten Serie ausschließlich um Sorten des Genoveser Typs gehandelt hatte, wurden nun auch andere Typen, wie rotblättriges, klein- und salatblättriges Basilikum in die Prüfung mit einbezogen. Um die Zeit bis zur Marktreife zu verkürzen, wurden die Pflanzgefäße von Aussaat bis Aufgang (Keimblatt-Stadium) bei 21 °C gehalten (8 Tage), danach wurde auf konstant 17 °C umgestellt. Die Lichtstärke betrug rund 11.000 Lux (16 Stunden Belichtung). Das 4-Blatt-Stadium wurde in diesem System bereits nach 6 Wochen erreicht, im Gewächshaus werden dafür 4,5 Wochen benötigt. Einige Herkünfte vom Genoveser Typ fielen positiv in Blattfarbe und Blattgröße auf. Klein- und salatblättrige Typen hatten meist hellgrüne bis gelbe Blätter, rote Typen blieben in der Blattgröße deutlich zurück.
Um eine eventuelle Wechselwirkung zwischen Licht und Temperatur zu prüfen, wurde eine dritte Serie unter gleichen Temperaturbedingungen wie bei Serie 2, aber mit deutlich reduzierter Lichtstärke (3500 Lux, 16 Stunden Belichtung) angesetzt. Diese entspricht etwa dem, was in den Gewächshäusern in Papenburg nach Auskunft der Gärtner im Winter üblich ist.
Serie 3 befindet sich zur Zeit noch in der Auswertung. Es deutet sich aber an, dass der in Serie 1 auffällige Stamm 38 das positive Ergebnis unter den reduzierten Lichtbedingungen wiederholen kann, während die unter starker Lichtintensität positiven Stämme aus der zweiten Serie in der dritten Serie weniger auffällig sind. Offensichtlich sind einige Genotypen in der Lage, fehlende Wärme durch mehr Licht auszugleichen.

1] Schmidt, U. (2004): Falscher Mehltau an Basilikum; Gemüse 3/2004, S. 30 - 31

ENGEL, J.[1], GEIBEL, M.[3] , RICHTER, K.[1], KLOCKE, E.[2] , ORDON, F.[1]

Julius Kühn–Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Erwin-Baur-Straße 27, 06484 Quedlinburg [1] Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, [2] Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst, [3] Elsner pac® Jungpflanzen GbR, Kipsdorfer Straße 146, 01279 Dresden

28-1-14.06: „Biotechnologische und molekulare Methoden zur züchterischen Nutzbarmachung von Bakterienresistenz (*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii, Ralstonia solanacearum*) bei Pelargonien."

„Biotechnological and molecular methods to use bacterial resistance (Xanthomonas hortorum pv. pelargonii, Ralstonia solanacearum) in Pelargonium breeding."

Die Bakterielle Pelargonienwelke, hervorgerufen durch *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* und die Bakterielle Schleimkrankheit, hervorgerufen durch *Ralstonia solanacearum*, sind zwei chemisch nicht bekämpfbare Bakteriosen an Pelargonien. Jährlich kommt es durch das Auftreten dieser Krankheiten zu erheblichen finanziellen Einbußen in Jungpflanzenbetrieben. Neben Hygienemaßnahmen ist die Erschließung natürlicher Resistenzquellen die einzige Möglichkeit, diesen Krankheiten wirksam zu begegnen.
Ziel dieses Projektes ist es resistente Pelargonium Akzessionen zu identifizieren und diese durch sexuelle Kreuzungen bzw. somatische Hybridisierung (Protoplastenfusion) für die Pelargonienzüchtung nutzbar zu machen. Für die Ermittlung resistenter bzw. toleranter Kreuzungspartner galt es in einem ersten Schritt effektive Verfahren zur Resistenzfeststellung für beide Erreger zu erarbeiten.
Zu diesem Zweck wurden Bakterienstämme aus der Sammlung des Institutes für Resistenzforschung und Stresstoleranz, die von verschiedenen Kulturarten stammten, hinsichtlich ihrer Pathogenität und Virulenz an Pelargonien an der anfälligen Sorte 'Bergpalais' getestet. Zusätzlich zu den Isolaten aus der Institutsstammsammlung wurden Isolate der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH Braunschweig (DSMZ) und der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft Freising mit in die Testungen einbezogen. Insgesamt wurden 30 *Ralstonia*-Isolate und 17 *Xanthomonas*–Isolate geprüft. Während alle *Xanthomonas*-Isolate pathogen an Pelargonien waren, sind von den *Ralstonia*-Isolaten nur 21 pathogen an Pelargonien gewesen. Drei hoch virulente Stämme pro Bakterienart wurden ausgewählt und als Gemisch für die Resistenztestungen eingesetzt.
Die Übertragung von *X. hortorum* pv. *pelargonii* erfolgt hauptsächlich über kontaminierte Schnittwerkzeuge. Deshalb erfolgte die Inokulation möglichst praxisnah durch Abschneiden der Triebspitze mit einer Gartenschere, die zuvor in eine Bakteriensuspension getaucht wurde.
Bei *Ralstonia solanacearum* handelt es sich um ein bodenbürtiges Bakterium, das über kontaminiertes Gießwasser übertragen wird. Jeder Topf (Ø 11cm) wurde mit 100 ml Bakteriensuspension gegossen. Durch die Verletzung der Wurzeln mit einem Messer sollte das Eindringen des Erregers in die Pflanze erleichtert werden. Die Boniturен erfolgten jeweils nach 2, 3 und 4 Wochen.
Mit Hilfe der so etablierten Inokulationsmethoden wurden bereits 60 Pelargonien-Sorten bzw. -Arten hinsichtlich ihrer Resistenz getestet.
Nach den bisherigen Untersuchungen konnten eine resistente Art und 7 tolerante Sorten / Arten gegenüber beiden Erregern ermittelt werden. Resistente Pelargonien zeigten keine Symptome und es waren keine Erregerzellen in den Pflanzen nachweisbar.
Die toleranten Pflanzen hingegen zeigten ebenfalls keine Symptome, jedoch konnten die Erreger aus den Pflanzen reisoliert werden.
Anfällige Sorten wurden nur ein Mal getestet, die toleranten bzw. resistenten Pflanzen bereits zum zweiten Mal. Eine dritte Testung steht noch aus, um das Resistenzverhalten abschließend beurteilen zu können.
Bei der Einlagerung der gefundenen Resistenz muss mit hohen Kreuzungsbarrieren gerechnet werden, da es sich um eine Artkreuzung handelt, so dass davon auszugehen ist, dass Protoplastenfusionen durchzuführen sind. Aus diesem Grund wurden Pflanzen der resistenten Art ohne Zeitverzug *in vitro* auf einem Medium nach Reuther (1982) [1] mit Indolessigsäure (modifiziert) kultiviert.
Als erster Resistenzempfänger soll die anfällige Sorte 503 dienen. In-vitro-Pflanzen der 503 wurden von der Firma pac® zur Verfügung gestellt. Da es sich bei den Vorversuchen zeigte, dass Mesophyll-Protoplasten der Sorte 503 sehr labil sind, wurde eine Suspensionskultur von der Sorte 503 etabliert. Dazu dienten Blattexplantate bzw. Petiolen der Sorte 503 als Ausgangsmaterial für die Kallusinduktion.

Dieser Kallus wurde dann über mehrere Siebschritte zur Herstellung einer Suspensionskultur genutzt. Es konnten sowohl stabile Protoplasten aus dem Mesophyll der resistenten Pelargonienart, als auch stabile Suspensionsprotoplasten der Sorte 503 gewonnen werden.
Erste Fusionen mit Mesophyllprotoplasten der resistenten Art und den Suspensionsprotoplasten der Sorte 503 wurden durchgeführt. An der Erhöhung der Fusionsrate und der Etablierung der Regenerierung der Fusionate wird zurzeit gearbeitet.

[1] Reuther, G.; (1982) Gewebekultur. Die Vermehrung von Pelargonienmutterpflanzen. Gb+Gw **32**, 727-734

NEHRLICH, S.[1], PLASCHIL, S.[1], HOLZ, H.-P.[2]

[1]Julius Kühn-Institut - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst, Erwin-Baur. Str. 27, 06484 Quedlinburg, [2]Gartenbau Holz GBR, Gocher Str. 188, 47652 Weeze

28-1-41.015/016-06: „Erschließung neuer Resistenzquellen in der Gattung *Gaultheria* gegen den Pilz *Colletotrichum gloeosporioides*“

Utilisation of new resources of resistance in the genus Gaultheria against the fungus Colletotrichum gloeosporioides

Die Gattung *Gaultheria* mit ihren ca. 200 Arten gehört zur Familie Ericaceae. Verbreitungs-gebiete sind Nord- und Südamerika, Asien mit dem Schwerpunkt China sowie Neuseeland und Australien. In Deutschland werden hauptsächlich *G. procumbens* produziert, aber auch *G. mucronata* und *G. miquelana*. *Gaultheria procumbens* kann massiv durch den Pilz *Colletotrichum gloeosporioides* (Teleomorph: *Glomerella cingulata*) befallen werden. Der Pilzbefall führt zum Auftreten von bräunlich-schwarzen Läsionen an Blättern und Sprossen, zum Absterben von Trieben und Zweigen sowie zur Fruchtfäule. Insbesondere in Jung-pflanzenbeständen kann es zu merklichen Ausfällen kommen, da der Erreger auch durch das Saatgut übertragen werden kann. Hieraus resultieren drastische Qualitätsminderungen und sehr häufig auch Totalausfälle. Da sich Pflanzenschutzmittel zur Vermeidung derartiger Schäden nur begrenzt einsetzen lassen und zukünftig weiter reduziert werden sollen, kommt der Entwicklung von krankheitsresistenten Formen eine besondere Bedeutung zu.
Die Etablierung von Resistenz gegen die durch *Colletotrichum* in *Gaultherien* verursachte Mykose hängt dabei wesentlich von der Verfügbarkeit und Nutzungspotenz neuer pflanzen-genetischer Ressourcen ab. Für die Erschließung möglicher Resistenzenquellen in *Gaultheria*–Herkünften ist zunächst die Entwicklung und infolge Nutzung von praktikablen, reproduzierbaren und möglichst quantifizierbaren Resistenztests erforderlich. Die aus Evaluierungen resultierenden potentiell nutzbaren Resistenzen können dann in die entsprechenden Kulturformen übertragen werden.
Für die Resistenzuntersuchungen konnten bisher 107 *Gaultheria*-Genotypen gesammelt werden, wovon 24 Genotypen Herkünften und Formen von *G. procumbens* zuzuordnen sind. Die anderen Genotypen sind verschiedene Herkünfte von 37 *Gaultheria*-Arten. Ein Teil der Genotypen stand nur als Saatgut zur Verfügung. Dieses wurde zu drei verschiedenen Zeitpunkten im März-April 2007 ausgesät. Das Saatgut hatte sehr unterschiedliche Keimungsraten von 0-97 %, die sich sowohl mit der Qualität des Saatgutes (Alter), als auch mit der *Gaultheria*-Art begründen lassen. *Gaultheria*-Arten wie *G. procumbens*, *G. miquelana* und *G. shallon*, die sich schon länger in gärtnerischer Kultur befinden, hatten, mit einer Ausnahme, eine relativ hohe Keimungsrate. Die Sämlinge wurden später pikiert, getopft und stehen jetzt für weitere Untersuchungen zur Verfügung.
Neun Genotypen wurden vom National Clonal Germplasm Repository, Corvallis, USA mit jeweils nur 10-25 Samenkörnern bezogen. Jeweils die Hälfte der Samenkörner wurde *in vitro* ausgesät, die Keimungsraten betrugen zwischen 0 und 60 %.
Bisher blühten 22 % der Genotypen zu unterschiedlichen Zeitpunkten. Zunächst wurde von den Genotypen die Pollenschlauchbildung auf Nährmedium als Maß für die Pollenfertilität geprüft. Darüber hinaus wird die Pollenlangzeitlagerung getestet, um bei späteren Kreuzungen unabhängig vom Blütezeitpunkt des väterlichen Elters zu sein.
2007 wurde in 377 Einzelkreuzungen *G. procumbens* als mütterlicher Elter und in 243 Einzelkreuzungen als väterlicher Elter genutzt. 214 Einzelkreuzungen ergaben einen Fruchtansatz von denen 24 zu fertilen Embryonen führten. Dabei beläuft sich der Zeitpunkt von der Bestäubung bis zur Samenernte je nach mütterlichem Elter auf 8-10 Wochen. Die geernteten Samen wurden steril ausgesät und *in vitro* kultiviert.
Für die Erschließung neuer Resistenzquellen ist es notwendig, mehrere Isolate des Erregers in die Untersuchungen einzubeziehen. Derzeit liegen 25 verschiedene Isolate vor. Fünf Isolate wurden von Prof. Neubauer, FH Osnabrück zur Verfügung gestellt. Zwei Isolate stammen aus der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ) und zwei Isolate von Frau Dr. Heupel vom Pflanzenschutzamt Bonn, die als Referenzisolate dienen sollen. Alle weiteren Isolate wurden aus befallenen Gaultherien selbst isoliert. Die Methoden der Kultivierung und Langzeitkonservierung des Erregers wurden erfolgreich etabliert und Einsporlinien aus 18 Isolaten konnten gewonnen werden.
Zum Nachweis von *C. gloeosporioides* in der Pflanze wird ein serologisches Verfahren entwickelt, da dieses immunologisch-enzymatische Verfahren von Antigen-Antikörper-Komplexen die Detektion geringer Proteinkonzentrationen des Pilzes in der Pflanze ermöglicht. In Kaninchen generierte

Antikörper wurden nach der Immunisierung aus dem Blut isoliert und anschließend mittels PTA-ELISA nachgewiesen.
Mit den Arbeiten zur molekularen Charakterisierung und zum molekularen Nachweis von *C. gloeosporioides* wurde begonnen. Dabei konnten pathogenspezifische Primer erfolgreich getestet werden.
Im Blatttest wurden verschiedene Inokulationsvarianten erprobt. Hierbei zeigte sich, dass eine Verletzung der Blätter mit anschließendem Sporensuspensionstropfen (10 µl) auf selbiger Stelle im Gegensatz zu den Varianten ohne Verletzung, mit Pinsel aufgetragene oder aufgesprühte Sporensuspensionen und in einer Sporensuspension getauchte Blätter am besten für die Resistenzevaluierung geeignet ist. Die Resistenzprüfungen bei Jungpflanzen erfolgte sowohl über das verletzte Blatt mit 20 µl Suspension je Blatt, als auch über eine direkt an der Stängelbasis injizierte Sporensuspension von 100 µl je Pflanze. Erstere Methode scheint bisher zweckmäßiger zu sein. Resistenztests können über bildanalytische Verfahren (LemnaTec) ausgewertet werden.

DOHM, A., LIEDL, P., BOEHM, R.

Klemm & Sohn GmbH & Co KG, Hanfäcker 10, 70378 Stuttgart

28-1-41.017-06: „Verbesserung der abiotischen Stresstoleranz ausgewählter Zierpflanzen durch die Expression von Transkriptionsfaktoren“

Improvment of abiotic stress tolerance of selected ornamental plants by expression of transcription factors

Abiotische Stresstoleranz bei Pflanzen, also Toleranz gegen schädliche Umweltfaktoren wie Trockenheit, Frost oder Hitze, ist vor dem Hintergrund des Klimawandels ein Thema der Züchtungsforschung an Kulturpflanzen von zunehmender Bedeutung. Dabei kommen primär klassisch-züchterische Methoden zum Einsatz. Der Einsatz biotechnologischer Methoden wird jedoch auch hier verstärkt erwogen. Ermöglicht wird dies durch die zunehmende Kenntnis und Verfügbarkeit von Genen, deren Expression die Pflanzen mit einer deutlich erhöhten abiotischen Stresstoleranz ausstatten. Als besonders aussichtsreiche Kandidaten gelten hier übergeordnete Steuergene, die sog. Transkriptionsfaktoren. Durch ihre Expression in den Pflanzen werden komplexe Stoffwechselwege auf einen Schlag aktiviert und verleihen so den Pflanzen dauerhaft eine erhöhte Toleranz. Die Firma Klemm und Sohn verfolgt solche Ansätze an einer Auswahl von Zierpflanzen von hoher wirtschaftlicher Bedeutung, v.a. Petunien und Weihnachtssternen.
Im laufenden Projekt wurden Petunien mit zehn Transkriptionsfaktoren unterschiedlicher Proteinfamilien (CBF, MYB, WRKY und AP2 –Familie) transformiert, um eine möglichst breites Spektrum verschiedener Signalwege abzudecken. Die entsprechenden Gene wurden vom Kooperationspartner Mendel Biotechnology Inc aus Arabidopsis thaliana kloniert und zur Verfügung gestellt. Insgesamt wurden bisher 438 transgene Petunienlinien generiert, die jeweils einen der zehn verschiedenen Transkriptionsfaktoren exprimieren. Erfolgreich molekularbiologisch getestete Pflanzen wurden ins Gewächshaus überführt und dort zu sog. Mutterpflanzen aufgebaut. Diese lieferten dann durch ihre regelmässig anfallenden Stecklinge homogenes Ausgangsmaterial für ein erster Screening auf eine gesteigerte Trockentoleranz. Die Mehrheit der getesteten Linien war nicht auffällig trockenstresstolerant und wurde nach dem initialen Screening verworfen. Als Favoriten wurden insgesamt 50 Linien mit deutlichen Effekten ausgewählt, die 2008 in weitere, praxisnähere Tests eingehen werden.
Die Verteilung der an der Favoritenlinien beteiligten Transkriptionsfaktoren ergab, dass alle unter den Favoriten vertreten sind, d.h. prinzipiell in Petunie Wirkung zeigen. Allerdings kann man aus der Verteilung ableiten, dass manche Gene mit deutlich höherer Wahrscheinlichkeit auffällig trockentolerante Linien hervorbrachten.

LUTZ, A., SEIGNER, E.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Hopfenforschungszentrum Hüll, 85283 Wolnzach, Deutschland; Kooperationspartner: Gesellschaft für Hopfenforschung (GfH), Hopfenverwertungsgenossenschaft e. G. (HVG), Betriebe Mauermeister und Schrag

28-1-41.018-06: „Züchtung von resistenten Hopfen mit besonderer Eignung für den Anbau in Niedriggerüstanlagen“

Breeding for resistant hops adapted to the growth on low trellis systems

1 Zielsetzung

Ziel dieses Forschungsprojektes ist es, Hopfen zu züchten, die durch ihren kürzeren Wuchs, breite Krankheitsresistenz und ausgezeichnete Brauqualität besonders geeignet sind, um wirtschaftlich erfolgreich auf Niedriggerüstanlagen angebaut zu werden. Bislang gibt es diese adaptierten Sorten noch nicht. Sie sind der noch fehlende Baustein, mit dem es gelingt, die Produktionskosten auf den 3 m hohen Gerüsten deutlich zu senken. Dies wird durch Senkung des Arbeitskräfteaufwands, geringere Kosten für die Gerüstanlagen und durch Einsparungen bei Dünge- und Pflanzenschutzmitteln erreicht. So könnte die Wettbewerbsfähigkeit von deutschem Hopfen auf dem Weltmarkt gesichert und entscheidend verbessert werden. Des Weiteren könnte mit diesem neuen Anbausystem die Umweltverträglichkeit des Hopfenanbaus gravierend verbessert werden, weil weniger Pflanzenschutz- und Düngemitteln benötigt werden und diese zudem mit abdriftreduzierten Recycling-Tunnelspritzen ausgebracht werden.

2 Ergebnisse

2.1 Sämlinge 2008 aus den Kreuzungen im Jahre 2007

Im Juni und Juli 2007 konnten im Rahmen des Projektes zum ersten Mal gezielte Kreuzungen durchgeführt werden, um kurzwüchsige Hopfen mit besonderer Eignung für die 3-Meteranlagen zu entwickeln. Insgesamt wurden 14 Kreuzungen durchgeführt: 6 Aromakreuzungen, 8 Bitterkreuzungen, davon 2 Kartierkreuzungen, um molekulare Marker für Zwergwuchs entwickeln zu können. Darüber hinaus wurden bei drei interessanten und gut befruchteten Zwergstämmen, die in der Vegetationshalle offen bestäubt worden waren, die Dolden beerntet und Samen ausgedroschen.

Charakterisierung der Kreuzungseltern: Wuchs, Resistenz, Qualität der Inhaltsstoffe

Bei der Auswahl der Kreuzungseltern wurde insbesondere auf kürzeren Wuchs, Krankheitsresistenz und bei den Doldeninhaltsstoffen auf feine Aromabeurteilung bzw. hohe Bitterstoffgehalte geachtet.

Alle verwendeten Kreuzungsmütter weisen Zwergwuchs auf und zeigen - dies belegen mehrjährige chemische Analysen - ansprechende Aroma- bzw. Bitterstoffzusammensetzungen. Des Weiteren besitzen sie eine breite Mehltauresistenz wie mehrjährige Prüfungen im Gewächshaus unter künstlichen Infektionsbedingungen und die von EpiLogic durchgeführten Blattresistenztests, wobei auch nicht-heimische Mehltaurassen zur Testung eingesetzt werden, belegen. Dabei beruht die Krankheitsresistenz auf den Resistenzgenen *R1* und *R2,* die aus englischen Sorten stammen. Alle bei den Kreuzungen verwendeten Väter wurden im Gewächshaus als mehltauresistent eingestuft. Sieben dieser männlichen Kreuzungseltern sind bereits in ihrer Mehltauresistenz gegenüber Mehltauisolaten aus England und den USA charakterisiert, was über den Blattresistenztest bei EpiLogic erfolgte. So steht fest, dass bei fünf Kreuzungen männliche Kreuzungspartner eingesetzt wurden, die eine vollständige Mehltauresistenz basierend auf den Wildhopfen WH18 bzw. WH127 aufweisen. Für die vier anderen Väter werden diese Untersuchungen erstmals 2008 durchgeführt. Darüber hinaus zeigen alle zur Kreuzung eingesetzten männlichen Hopfen gute Wuchseigenschaften im Zuchtgarten in Freising. Zwergwuchs wird polygen vererbt. In den Nachkommenschaften treten deshalb bei der „Wuchslänge“ von kurz bis lang alle Übergänge auf. Bei fünf Kreuzungen ist Zwergwuchs nicht nur bei den Müttern, sondern auch bei den Kreuzungsvätern festzustellen, daher wird erwartet, dass in diesen Nachkommenschaften die „Ausbeute“ an Sämlingen mit Zwergwuchseigenschaften deutlich steigt. Männliche Kreuzungspartner, die in früheren Kreuzungen ein sehr hohes Alphasäuren-Vererbungspotential zeigten, wurden bei vier Kreuzungen genutzt.

2.2 Sämlinge 2004 – 2006

2007 wurden insgesamt 22 Sämlinge, die der jetzt angestrebten Zielrichtung „Zwergwuchs“ sehr nahe kommen, beerntet. Alle Sämlinge gehören zu den Bitterhopfen. Interessante Aromasämlinge konnten 2007 nicht selektiert werden. Von den Bittertyp-Sämlingen wurden neun mit Zwerg- oder Halb-Zwerg-

Wuchstyp ausgewählt, die jetzt 2008 im Mai in der 3-Meteranlage im Betrieb von Herrn Mauermeier in Starzhausen ausgepflanzt werden sollen. Zurzeit werden sie auf Virusbefall getestet und virusfreies Material für den Niedriggerüstanbau vermehrt.

2.3 Sämlinge 2007

Bei 10 Kreuzungen (2x Aromatyp, 1x dualer Typ [Aroma- und zugleich Bitterhopfeneigenschaften], 7x Bittertyp) aus dem Jahre 2006 können Sämlinge mit Zwerg- bzw. Halb-Zwerg-Wuchstyp erwartet werden. Alle Kreuzungseltern besitzen eine breite Mehltauresistenz, die in den letzten Jahren im Gewächshaus wie auch im Labor über den Blattresistenztest bei EpiLogic nachgewiesen wurde.
Aus den oben genannten Kreuzungen sind im Februar 2007 insgesamt mehr als 15.000 Sämlinge gekeimt und herangewachsen.

Testung auf Mehltau- und Peronospora- Resistenz/Toleranz

Nach künstlicher Inokulation der Sämlinge mit vier für die Hallertau typischen Mehltaurassen im Gewächshaus konnten je nach Kreuzungseltern zwischen 24 – 100 % der Sämlinge als mehltauresistent eingestuft werden. Letztlich wurden 2.800 mehltauresistente Sämlinge (im Durchschnitt 280 pro Kreuzung) Anfang März pikiert d.h. aus der Saatschale als Einzelpflanzen selektiert und in Töpfchen gepflanzt. Anfang April folgte die Testung auf Toleranz gegenüber Peronospora (*Pseudoperonospora humuli*). Dazu wurden die Sämlinge mit einer Pilzsporensuspension besprüht und nachfolgend bonitiert. Dabei zeigten sich große Unterschiede in der Anfälligkeit von mittel bis extrem stark.

Bonituren in der Vegetationshalle

Anfang Mai 2007 wurden 668 Sämlinge (je nach Peronosporaanfälligkeit und Wuchstyp [Länge der Internodien] zwischen 32 und 92 Sämlinge pro Kreuzung) in die Vegetationshalle ausgepflanzt. Generell war die Blattlausanfälligkeit nur gering. Im Laufe des Sommers wurde natürlicher Befall mit einer Mehltaurasse beobachtet, die das Resistenzgen *R1* brechen kann. In den meisten Kreuzungen wurde ein Teil der Sämlinge befallen. Pflanzen, die erhebliche Schwächen aufwiesen wie starken Befall mit Blattlaus und/ oder Mehltau, Wurzelfäule bzw. keinem geeigneten Wuchstyp (Zwerg- oder Halbzwerg) entsprachen, wurden bis zum Herbst gerodet. 53 Sämlinge zeigten keine Blüten und so wurde ihr Geschlecht über molekulare Geschlechtsmarker festgestellt.

Auspflanzung der Sämlinge in der Hochgerüstanlage im Zuchtgarten

Im Herbst 2007 konnten schließlich insgesamt 46 männliche und 280 weibliche Sämlinge der zehn oben genannten Kreuzungen aus der Halle ins Freiland gepflanzt werden. Weitere 209 interessante Sämlinge fanden in der Vegetationshalle im Sommer 2007 keinen Platz mehr, weshalb sie im Freiland in Rohrbach aufgeschult wurden. Nach weiterer Selektion im Sommer (Peronospora, Blattlaus, Wuchstyp etc.) blieben von diesen schließlich 123 Sämlinge übrig. Sie wurden für die 3-jährige Sämlingsprüfung in den Zuchtgarten Hüll (7 m Gerüstanlage) gepflanzt. Bislang bildeten diese Pflanzen noch keine Blüten aus, ihr Geschlecht ist daher noch unbekannt.

2.4 Einschätzung der bislang zur Verfügung stehenden Zuchtstämme im Anbau auf Niedriggerüsten auf den Betrieben Mauermeier, Starzhausen, und Schrag, Pfaffenhofen

In zwei Niedriggerüstanlagen, die zwischen 1993 und 2002 bei den BLE FuE-Forschungsvorhaben genutzt wurden, werden zwischenzeitlich 18 Zuchtstämme aus verschiedenen Züchtungsprogrammen angebaut, bei denen verkürzter oder weniger üppiger Wuchs festgestellt wurde. Als Referenzsorten werden neben den englischen Zwerghopfen auch vier Hüller Hochgerüstsorten angebaut. Zum großen Teil stammen die Zuchtstämme aus Kreuzungen mit der englischen Zwergsorte ´Pioneer`. Sie weisen teilweise recht gute Alphasäurenwerte auf, zeigen sich jedoch wie ihre Mutter stark anfällig gegenüber der Hopfen-Peronospora. Herkömmliche Sorten wie die Hochalphasorte ´Hallertauer Taurus` oder die Aromasorte ´Perle`, die auf Niedriggerüsten angebaut werden, lassen die Schwächen von Hopfensorten erkennen, die auf dieses Anbausystem nicht angepasst sind: üppiges Wachstum mit starker Kopfbildung, wobei weiterwachsende Reben über den Draht wieder nach unten wachsen und so die Blüten- und spätere Doldenbildung im Inneren der überaus dicken Rebe behindern, was zu einer drastischen Reduktion des Ertrags auf 40 - 60 % gegenüber Hochgerüsten führt. Die als Referenzsorten eingesetzten englischen Zwerghopfen liefern in den 3-Meteranlagen zwar bessere Erträge, kommen jedoch aufgrund ihrer Krankheitsanfälligkeit gegenüber Peronospora und ihrem geringen Brauwert für den deutschen Anbau nicht in Frage.

Die Notwendigkeit eines speziellen Züchtungsprogramms, in dem für Niedriggerüste adaptierte Hopfen mit breiter Krankheitsresistenz und ansprechender Brauqualität entwickelt werden, wie es nun im Rahmen der BLE-Innovationsförderung durchgeführt wird, wird durch diese Ergebnisse untermauert.

WINKELMANN, TRAUD[1], MEINERS, JULIA[1] UND PETER OENINGS[2]

[1] Staatliche Forschungsanstalt für Gartenbau Weihenstephan, Institut für Gartenbau, angegliedert an die Fachhochschule Weihenstephan, Am Staudengarten 8, 85354 Freising, [2] Fa. Heuger, Münsterstraße 46, 49219 Glandorf

Entwicklung resistenter, homogener und ertragreicher Sorten von *Helleborus* spec.

Developing resistent, homogenous and high-yielding cultivars of Helleborus *spec.*

Die Firma Heuger gehört zu den führenden Produzenten von Unterglas- und Freilandtopfpflanzen in Deutschland. Sie beschäftigt sich seit über 35 Jahren mit der Züchtung, Produktion und Vermarktung von *Helleborus*. Mit einer jährlich erzeugten Stückzahl von mehreren Millionen Jung- und Fertigpflanzen besitzt Heuger europaweit einen hohen Marktanteil. Zusätzlich werden die Sorten der Fa. Heuger auch auf dem nordamerikanischen und asiatischen Markt angeboten.
Die Schwarzfleckenkrankheit (*Coniothyrium hellebori*) ist die wichtigste durch Pilze hervorgerufene Krankheit, die in der Vermehrung und im Anbau von *Helleborus* teilweise große wirtschaftliche Schäden hervorruft. Die Bekämpfung erfolgt derzeit durch Einsatz von Fungiziden, was jedoch nur bedingt erfolgreich ist. Resistente *Helleborus*, die wegen der bestehenden Pflanzenschutzmittelgesetzgebung und des Verbraucherverhaltens die einzige ökologisch vertretbare Produktions-Alternative darstellen, können allein aus der Art *Helleborus niger* L. nicht entwickelt werden. Zur Schaffung von resistenten bzw. toleranten Genotypen, besonders gegen den Erreger der Schwarzfleckenkrankheit (*Coniothyrium hellebori*), aber auch gegen andere biotische und abiotische Schadverursacher, müssen daher weitere *Helleborus*-Arten in ein Kreuzungsprogramm einbezogen werden. Wichtig für die Erreichung dieses Zuchtziels wären konsequente Untersuchungen der Reaktion der *Helleborus* Arten auf den Pilz *Coniothyrium hellebori*. Die Entwicklung eines reproduzierbaren, einfachen und verlässlichen Resistenztests ist daher eine der Aufgaben der Fa. Heuger in diesem Verbundprojekt. Es wurden verschiedene Herkünfte des Pilzes *Coniothyrium hellebori* gesammelt. Mit einer definierten Sporenmenge wurden Sämlinge verschiedener *Helleborus* Arten beimpft und das Auftreten von Schadsymptomen (schwarze Flecken) mittels Noten von 0-3 bonitiert.
Das vorgesehene Forschungsvorhaben zielt vorrangig darauf ab, Voraussetzungen zur Herstellung und Vermehrung von Hybriden in *Helleborus* spec. zu schaffen (Kreuzungsbarrieren zu überwinden), den Hybridstatus nachzuweisen und resistente, widerstandsfähige Sortenkandidaten zu entwickeln.
Die Firma Heuger wird in diesem Forschungsverbund detaillierte Untersuchungen zur praktischen Durchführung der Kreuzungen sowie zur Vermehrung und Wertprüfung aller erhaltenen Hybriden anstellen. Zunächst ist es notwendig die Blütezeiten der 17 verschiedenen *Helleborus* Arten, die sich von Oktober bis März erstrecken, einander anzupassen. Die entsprechenden Kulturbedingungen zur Erreichung dieses Ziels wurden in ersten Versuchen getestet. Aufgrund der ersten Ergebnisse konnte ein Großteil der Arten miteinander gekreuzt werden. Es deutet sich aktuell an, dass die Mehrzahl der Kreuzungen keine Samen hervorbringen.
Aufgabe des wissenschaftlichen Partners, der Staatlichen Forschungsanstalt Weihenstephan, ist es, sowohl die *Coniothyrium hellebori* Herkünfte als auch die *Helleborus* Arten molekulargenetisch und cytologisch zu charakterisieren, um wissenschaftliche Interpretationen der Kreuzungsergebnisse zu erlauben und gleichzeitig die Wahrscheinlichkeit des Hybridisierungserfolgs abschätzen zu können. Schließlich sollen an der Forschungsanstalt die erwarteten Kreuzungsbarrieren lokalisiert werden und Wege zu deren Überwindung aufgezeigt werden. Die Übertragung der erarbeiteten Protokolle in die Firma Heuger sorgt für die Erweiterung der Zuchtmethodik dort.
Zu Projektbeginn im November 2007 wurde von der Fa. Heuger zunächst Pflanzenmaterial der folgenden Arten für die Arbeiten an der Forschungsanstalt für Gartenbau zur Verfügung gestellt: *H. argutifolius, H. atrorubens, H. cyclophyllus, H. dumetorum, H. foetidus, H. lividus, H. multifidus, H. niger, H. odorus, H. orientalis, H. thibetanus* und *H. torquatus.*
An diesem Material haben die ersten Untersuchungen zur Pollenkeimung und zu Möglichkeiten der Pollenlagerung stattgefunden. Die höchsten Pollenkeimraten *in vitro* wurden direkt nach der Pollenernte erzielt. Nach einer Pollentrocknung für 24 h bei Raumtemperatur war die Pollenkeimung je nach untersuchter Art auf maximal 2 % reduziert. Hinsichtlich der Pollenvitalität konnte zwischen frisch geerntetem und getrocknetem Pollen kein nennenswerter Unterschied festgestellt werden.
Des weiteren wurden Kreuzungspläne zur Erstellung von interspezifischen Hybriden entworfen und mit deren Realisierung begonnen. In den folgenden Monaten werden detaillierte blütenbiologische Untersuchungen folgen, um mögliche Kreuzungsbarrieren zu lokalisieren.
Daran anschließend sind die cytologische und molekulargenetische Charakterisierung des Pflanzenmaterials geplant. Auf Seiten des Schaderregers *Coniothyrium hellebori* wurden von der DSMZ zwei

Isolate bezogen, deren In-vitro-Kultur und -Sporulation Gegenstand weiterer Untersuchungen an der Forschungsanstalt für Gartenbau sind. Darüber hinaus wurde ein Isolat in Weihenstephan gesammelt. An allen drei Isolaten wurden zunächst Experimente zur Sporeninduktion durchgeführt wurden, um anschließend Monosporisolate anzulegen. Zukünftig werden drei weitere Isolate unterschiedlicher Herkunft aufgenommen werden.

NEUMÜLLER, M. UND TREUTTER, D.[1], OBSTBAUMSCHULE KIEFER [2]

[1]Technische Universität München, Fachgebiet Obstbau, Dürnast 2, 85354 Freising, nm@wzw.tum.de, mit [2] Kooperationspartner Erich Kiefer Obstbaumschule Kiefer

28-1-41.020: „Resistenzzüchtung bei der Europäischen Pflaume (*Prunus domestica*) gegen das Scharkavirus auf Basis der Hypersensibilitätsresistenz unter Nutzung neuartiger hochsensibler Pathogen-Diagnostik“

Breeding for Sharka resistance in European Plum (Prunus domestica) based on the hypersensitivity resistance using novel pathogen diagnostic

Die Scharkakrankheit ist die im europäischen Steinobstanbau gefährlichste Virose. Der Erreger der Krankheit, das *Plum pox virus* (PPV), bedroht den Anbau von Pflaume, Zwetsche, Aprikose und Pfirsich und befällt darüber hinaus die Kirsche. Bisherige Züchtungsbemühungen bei der Europäischen Pflaume* *(Prunus domestica* L.) konzentrierten sich auf die Gewinnung scharkatoleranter und sogenannter quantitativ resistenter Sorten, die selten oder nur schwache Symptome zeigen. In den 1990er Jahren wurde bei der Europäischen Pflaume die Hypersensibilität gegenüber dem Scharkavirus entdeckt, die zu einer stabilen Feldresistenz der Pflanzen gegenüber dem Virus führt.
Ziel des Vorhabens ist es, auf Basis einer innovativen Züchtungsstrategie Sorten der Europäischen Pflaume zu züchten, die aufgrund ihrer Hypersensibilität gegenüber PPV vollständig scharkaresistent sind. Entscheidend für den Züchtungserfolg ist eine effiziente Erkennung der hypersensiblen Nachkommen. Zur Unterstützung dieser Selektionsarbeit soll durch die Etablierung neuer Verfahren der DNA-Diagnostik eine Methode isothermaler DNA-Analytik entwickelt und eingesetzt werden, die die Nachweisempfindlichkeit für das *Plum pox virus* im pflanzlichen Gewebe verbessert und eine schnelle und sichere Selektion hypersensibel-resistenter Genotypen erlaubt. Dies ermöglicht es, aus einer Vielzahl durchzuführender Kreuzungen innerhalb kurzer Zeit die hypersensiblen Zuchtklone auszulesen. Das wiederum erlaubt es, einen breiten Züchtungsansatz zu realisieren, mit dem zusätzlich zur Resistenz folgende Zuchtziele verfolgt werden:

- hohe Fruchtqualität (Geschmack, Hitzestabilität, Lagereignung) und
- neuartige Fruchtmerkmale durch interspezifische Hybridisierung.

Die gezüchteten Sorten der Europäischen Pflaume stehen nach der obstbaulichen Bewertung Baumschulgesellschaften zur Vermehrung und Obstproduzenten zur Anpflanzung in Erwerbsanlagen zur Verfügung. Die Nutzung der hypersensibel-resistenten Sorten ermöglicht die Aufrechterhaltung und den Wiederaufbau der Produktion in Scharkabefallsgebieten und verhindert die Ausbreitung der Virose in bislang befallsfreie Regionen. An der wirtschaftlichen Verwertung sind Baumschulgesellschaften und Erzeugergroßmärkte als Zusammenschlüsse der Produzenten beteiligt.
Die Verkürzung des Züchtungszyklus erfordert die Maximierung der Ausgangspopulation, aus der selektiert wird, die Verkürzung der juvenilen Phase und die Entwicklung von in möglichst frühem Stadium anwendbaren Scharkaresistenztests. Im ersten Jahr der Projektlaufzeit konnten für alle drei Teilbereiche Methoden entwickelt werden, die den in der Steinobstzüchtung bislang angewandten überlegen sind. Um Verluste bei der Sämlingsanzucht zu minimieren, wurde ein Verfahren zur Stratifikation und Keimung der Embryonen *in vitro* entwickelt. Diese Methode ersetzt die bislang verbreitete Direktsaat der Sämlinge nach der Beerntung mit dem Abziehen der Testa und des Endospermgewebes, was zu hohen Kontaminationsraten führte. Die Weiterkultur der gekeimten Samen erfolgt unter Dauerlicht im Gewächshaus, was eine Verkürzung der juvenilen Phase um ein Vegetationsjahr bringt. Zudem können bereits im Jahr nach der Kreuzung Edelreiser für Scharkaresistenztests gewonnen werden.
Um den Grad der durch Hypersensibilität bedingten Resistenz zu erfassen, ist es notwendig, die Ausbreitung des Pathogens in der Pflanze zu beobachten. Es ist gelungen, ein Verfahren des Immunogoldsilverstainings so anzupassen, dass PPV in histologischen Schnitten auf zellulärer Ebene lokalisiert werden kann.
Zur Testung der Stabilität der Scharkaresistenz wurde die PPV-Isolat-Kollektion auf 49 Herkünfte erweitert und eine Zuordnung zu den beschriebenen Stämmen vorgenommen, die auf divergierenden Genomabschnitten des Pathogens beruht.
Im ersten Kreuzungsjahr konnten mehr als 57 000 Blüten bestäubt und 7000 Samen geerntet werden. Darunter fallen interspezifische Hybriden zwischen *Prunus domestica* und verwandten Arten.
Die Entwicklung eines PPV-Nachweis mittels isothermaler Amplifikation eines RNA-Templates steht am Anfang. Mit künstlichen Sonden auf Basis der Genomsequenz des Scharkavirus konnte

nachgewiesen werden, dass die Cascading rolling circle amplification (CRCA)-Methode in der Lage ist, hochspezifisch das Pathogen nachzuweisen.

Hadersdorfer, J., Neumüller, M., Fischer, T. und Treutter, D., 2008: Establishing of a PPV isolate collection as a prerequisite for an effective selection process in breeding plums for durable resistance against Sharka. Acta Hort., in preparation
Lichtenegger, L., Neumüller, M. und Treutter, D., 2008: In vitro grafting as a tool for investigation the hypersensitivity of European Plum (Prunus domestica L.) to the Plum pox virus. Acta Hort., in preparation
Neumüller, M., Treutter, D. und Hartmann, W., 2008: Breeding for Sharka resistance and high fruit quality in European plum (Prunus domestica) at Weihenstephan: breeding strategy and selection tools. Acta Hort., in preparation
Paskas, K., Neumüller, M. und Treutter, D., 2008: In vitro germination of Prunus domestica seeds. Acta Hort., in preparation

STRUCKMEYER, T.[1], BLÜTHNER, W.D.[2] UND MARTHE, F.[1]

[1] Institut für Züchtungsforschung an gartenbauliche Kulturen und Obst (ZGO), Quedlinburg des Julius Kühn-Institutes (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Erwin-Baur-Straße 27, D-06484 Quedlinburg, [2] N.L. Chrestensen Samenzucht und Produktion, Witterdaer Weg 6, D-99092 Erfurt

28-1-41.024-06- „Verbundprojekt: Entwicklung und Charakterisierung von Petersilienlinien *(Petroselinum crispum)* mit Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit *(Septoria petroselini)*“

Development and characterization of parsley lines (Petroselinum crispum) resistant to Septoria petroselini causing Septoria blight

Petersilie (*Petroselinum crispum* (Mill.) Nym.) ist die bedeutendste Gewürzpflanze im deutschen Anbau. Für den Zeitraum von 1999 bis 2003 ist eine Ausdehnung der Anbaufläche von ca. 1200 ha auf 1750 ha zu verzeichnen. Die weitere Ausdehnung ist wünschenswert, da einerseits der Verzehr von frischer Petersilie gesundheitsfördernde Wirkungen hat (antioxidatives Potential, hoher Vitamingehalt u.a.) und andererseits eine hohe Wertschöpfung in den produzierenden Betrieben erfolgt.
Zu den phytopathologisch bedeutendsten Gefährdungen des Anbaus von Petersilie, besonders unter großflächigen Produktionsbedingungen, gehört die *Septoria*-Blattfleckenkrankheit, hervorgerufen durch den in der gemäßigten und der subtropischen Klimazone weltweit verbreiteten Pilz *Septoria petroselini* (Lib.) Desm. Die ersten Befallssymptome treten im Zeitraum von Juni bis August auf und beeinträchtigen damit den zweiten und dritten Aufwuchs der Petersilie (2). Der Pilz ruft braune Läsionen auf Blättern und Stängeln hervor, die zum Qualitätsverlust und damit zur Unbrauchbarkeit der gesamten Erntepartie führen. Befallsbeginn und -stärke hängen wesentlich vom Witterungsverlauf ab und können in Jahren mit hohem Befallsdruck zum Totalausfall des zweiten und dritten Schnittes der Petersilie führen.

Bislang konnten Methoden zur Kultivierung des Pilzes auf künstlichem Nährboden und zum Resistenztest von Petersilie entwickelt werden (1). Aus dem Screening einer großen Zahl von Petersilienakzessionen gingen Herkünfte mit verminderter Anfälligkeit hervor. Diese Form der Resistenz bedingt keine absolute Befallsfreiheit. Der Befall beginnt verzögert und erreicht nicht die Stärke hochanfälliger Akzessionen. Durch eine Gruppenabblüte und drei Selbstbestäubungsschritte jeweils resistenter Einzelpflanzen wurden Linien mit verbesserter Homozygotie entwickelt.

Ziel der gegenwärtigen Arbeiten ist die Überführung der Resistenz in leistungsfähiges Zuchtmaterial, die weitere Homozygotisierung der resistenten, wie auch voll anfälliger Linien und Allelietests unterschiedlicher resistenter Linien. Diese Arbeiten werden zur Entwicklung züchterischen Ausgangsmaterials für Petersiliensorten mit Resistenz gegenüber *S. petroselini* führen und die Voraussetzungen zur Analyse der genetischen Basis der Resistenz schaffen.

In einem aktuellen Klimakammertest auf Resistenz gegen *S. petroselini* wurden nach künstlicher Inokulation 30 Linien mit verbesserter Homozygotie in zwei Wiederholungen geprüft. Hierfür wurde 21 dpi (Tage nach Inokulation) der Anteil der Fläche mit Läsionen relativ zur Gesamtblattfläche einzelblattweise geschätzt. Die 30 Prüfglieder stammen von vier resistenten (Linien 1 bis 17 und 26 bis 30) und einer anfälligen (Linien 18 bis 25) Ausgangslinie. Zwei Herkünfte wurden als anfälliger Standard und eine Herkunft als resistenter Standard mitgeführt.

Die Ergebnisse belegen zunächst eine sehr gute Übereinstimmung der beiden Wiederholungen (Rangkorrelationskoeffizient nach Spearmen r_s = 0,868). Zwischen den getesteten Linien mit verbesserter Homozygotie bestehen statistisch gesicherte Unterschiede. Die anfälligen Standards (Linien 31 und 32) unterscheiden sich von allen als resistent geprüften Linien. Der resistente Standard, Linie 33, befindet sich im Mittelfeld der resistenten Linien. Die Linie 21 ist deutlich anfälliger, als die anfälligen Standards. Die Geschwisterlinien aus der Nachkommenschaft der anfälligen Linie zeigen ebenfalls einen stärkeren Befall, mit kontinuierlichem Übergang zu den Nachkommen resistenter Ausgangslinien.

Aus diesen Ergebnissen wird deutlich, dass die Homozygotisierung bisher nicht zu einer Abschwächung der Resistenz geführt hat, sondern bei einigen Linien eine Verbesserung vorliegt, die allerdings nicht statistisch absicherbar ist. Demgegenüber ist die Nachkommenschaft anfälliger Linien wiederum anfällig in einem Maße, wie es dem anfälligen Standard entspricht, beziehungsweise etwas schwächer anfällig.

Diese, wie auch frühere Befunde, belegen die quantitative Ausprägung der Resistenz. Das Resistenzpotential in den vorliegenden Linen wird die Basis bilden für die züchterische Verbesserung von Leistungsmaterial. Hierzu sind Kreuzungen der Resistenzträger mit Leistungssorten vorzunehmen. In der Vegetationsperiode 2007 wurden Testkreuzungen zur Erarbeitung der Kreuzungstechnik vorgenommen. Das gewonnene Kreuzungssaatgut wurde ausgesät. Die Entscheidung, ob es sich tatsächlich um Kreuzungsprodukte handelt, wird mittels molekularer Marker erfolgen. Da diese Ergebnisse noch ausstehen lässt sich zum Kreuzungserfolg gegenwärtig noch keine Aussage treffen.

Die hier vorgestellten Ergebnisse wurden bereits während einer wissenschaftlichen Fachtagung in Form eines Posters präsentiert (3).

Tabelle 1: relativer Flächenanteil von Läsionen an der Gesamtblattfläche nach Resistenztest von Petersilienlinien gegen *Septoria petroselini*, Mittelwerte aus zwei Wiederholungen eines Klimakammertests;

Linie	Mittelwert der rel. befallenen Blattfläche	Linie	Mittelwert der rel. befallenen Blattfläche	Linie	Mittelwert der rel. befallenen Blattfläche
21	3,120	4	0,532	5	0,183
31	1,620	3	0,504	2	0,180
32	1,397	26	0,480	14	0,164
24	1,330	1	0,376	7	0,155
25	1,079	33	0,337	13	0,114
22	0,947	27	0,334	12	0,104
20	0,775	16	0,305	9	0,104
18	0,769	17	0,246	10	0,077
23	0,635	29	0,242	8	0,047
19	0,605	30	0,225	11	0,038
6	0,572	28	0,198	15	0,025

Die Arbeiten werden gefördert im Rahmen eines gemeinschaftlichen Drittmittelprojektes des Institutes für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst (ZGO), Quedlinburg des Julius Kühn-Institutes, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen und der Firma N.L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH, Erfurt vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz der Bundesrepublik Deutschland im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung (FKZ: 28-1-41.024-06).

[1] Marthe, F, Scholze, P. A screening technique for resistance evaluation to *Septoria* blight (*Septoria petroselini*) in parsley (*Petroselinum crispum*). Proceedings International Symposium Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, June 30 - July 4, 1996, Quedlinburg, Germany (Edt.: Pank, F.), Beiträge zur Züchtungsforschung 2 (1): 250-253.

[2] Scholze, P, Marthe, F, Krämer, R, Proll, E, Zielke, R. Diseases of parsley (*Petroselinum crispum*) in 1995. Proceedings International Symposium Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, June 30 - July 4, 1996, Quedlinburg, Germany (Edt.: Pank, F.), Beiträge zur Züchtungsforschung 2 (1): 247-249.

[3] Struckmeyer T., Blüthner W.D., Marthe F. Entwicklung und Charakterisierung von Petersilienlinien (*Petroselinum crispum*) mit Resistenz gegen den Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*). Tagungsband der Gemeinsamen Tagung 18. Bernburger Winterseminar und 5. Fachtagung Arznei- und Gewürzpflanzen „Qualität, Wirtschaftlichkeit und Nachhaltigkeit“, 18.-21. Februar 2008, Bernburg, Deutschland, S. 28-29.

HAUSMANN, L. UND TÖPFER, R. [1]

[1]Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI) Institut für Rebenzüchtung, Geilweilerhof, 76833 Siebeldingen; Kooperationspartner: Weingut Jäger, Rheinstr. 17, 55437 Ockenheim; Wolfs Reben, Alter Dürkheimer Weg 7, 67098 Bad Dürkheim

28-1-43.013-06 „Identifizierung und Charakterisierung von Mehltauresistenzen bei Reben mittels subtraktiver EST-Arrays““

Identification and Characterization of mildew resistance in grapevine

Die Pilzkrankheiten Echter Mehltau (*Erysiphe necator*) und Falscher Mehltau (*Plasmopara viticola*) wurden im 19. Jahrhundert von Nordamerika nach Europa eingeschleppt und verursachen ohne Gegenmaßnahmen der Produzenten in der Regel den Totalverlust der Ernte. In Folge der Einschleppung der Mehltauschadpilze, gegen welche die Kulturrebe (*Vitis vinifera*) keine Resistenzen besitzt, müssen daher erhebliche chemische Pflanzenschutzmaßnahmen ergriffen werden. Europaweit sind rund 90 % aller Pflanzenschutzanwendungen im Rebenanbau gegen Schadpilze insbesondere Mehltaupilze gerichtet und werden in aller Regel präventiv vorgenommen.
Pilzwiderstandsfähige Rebsorten stellen in diesem Sinne eine erhebliche Innovation dar, da sie einen deutlich geringeren Pflanzenschutz erfordern. Die Züchtung von pilzresistenten Sorten erfordert jedoch 25 bis 30 Jahre. Für den Tafeltraubenbereich, ein neues und bisher in Deutschland noch nicht entwickeltes Marktsegment, ist die Verfügbarkeit von qualitativ hochwertigen und pilzwiderstandsfähigen frühen, mittleren und späten Sorten derzeit immer noch sehr begrenzt [1,2]. Da die ersten Produktionsversuche von Tafeltrauben am Markt ausgesprochen erfolgversprechend verliefen, wird bei einer entsprechenden Verfügbarkeit eines guten Tafeltraubensortiments mit einem Markt mit großer Nachfrage, ohne lange Transportwege und geringem Pflanzenschutzaufwand gerechnet. Aufgrund der klimatischen Veränderungen wird zunehmend mit dem Anbau von Tafeltrauben experimentiert und mit einer jährlichen Wachstumsrate der Anbaufläche von ca. 10 % gerechnet [2,3]. Ausgehend von einer derzeitigen Anbaufläche von etwa 150 Hektar bedeutet dies ungefähr eine Verdreifachung der Fläche in zehn Jahren. Vor diesem Hintergrund sollen in diesem Projekt neue Strategien für die Züchtung pilzwiderstandsfähiger Rebsorten entwickelt werden, die der Sicherung von Qualität und Ertrag in der Trauben- und Weinproduktion dienen.
Die zu untersuchenden Genotypen stammen aus dem Tafeltrauben-Zuchtmaterial der beteiligten Wirtschaftspartnern und sollen zunächst mit 20 Mikrosatelliten-Markern genotypisiert werden, um die Rebsorten molekular zu identifizieren und eventuelle Redundanzen auszuschließen. Nach Stammbaumanalysen werden diejenigen Reben ausgesucht, deren Resistenzeigenschaften auf verschiedene Resistenzquellen bzw. Wildarten zurückgehen. Durch den Einsatz eines DNA-Arrays sollen für diese Genotypen eng gekoppelte molekulare Marker für Mehltauresistenzgene entwickelt werden. Die für den Array eingesetzte subtraktive cDNA-Bank enthält Transkripte aus Blättern und Beerenhäuten von zehn resistenten Rebsorten/Arten, die durch Subtraktion von mRNA aus einer anfälligen *V. vinifera*-Art gewonnen wurde. Sequenzen aus *V. vinifera* sollten somit in der subtraktiven cDNA-Bank abgereichert sein und Sequenzen aus nicht *V. vinifera*-Arten, den Resistenzträgern, sollten dagegen bevorzugt enthalten sein. Mit dem Array sollen die Transkript-Profile von infizierten und nicht-infizierten Rebgenotypen unterschiedlichen Resistenzgrades untersucht werden. Korreliert eine cDNA hinsichtlich des Expressionsmusters mit Resistenz oder tritt nur in resistenten Genotypen auf, wird sie als Kandidatengen auf Ebene der Sequenzinformation hinsichtlich der Relevanz für die Resistenz weiter untersucht. Der Schwerpunkt der Betrachtung wird auf Resistenzgen-Analoga (RGA), Transkriptions- und Regulationsfaktoren gelegt. In diesem Sinne interessante Gene sollen anschließend bezüglich ihres Expressionsmusters mittels Real-Time-PCR validiert werden. Für Kandidatengene, deren Genexpression sich nach Mehltaubefall ändert, sollen diagnostische Marker entwickelt werden. Eine sich anschließende Kartierung dieser eng gekoppelten Marker in bestehende Kreuzungspopulationen ermöglicht den Vergleich mit bereits bekannten QTLs für Mehltauresistenz [4]. Fällt ein Locus eines Resistenzkandidatengens mit einem QTL zusammen, so soll ein Screening von vorhandenen BAC-Banken erfolgen, um nach Möglichkeit die kodierten Gene vollständig zu erfassen und näher zu charakterisieren sowie eine Entschlüsselung der Resistenzgene des Locus zu ermöglichen. Die identifizierten Gene sollen als diagnostische Marker zur vergleichenden Charakterisierung des Zuchtmaterial hinsichtlich ihrer Resistenzquellen eingesetzt werden.

Stand der Arbeiten: Mit den beteiligten Wirtschaftspartnern wurden die zu untersuchenden Genotypen ausgesucht. Zur Vermehrung der Reben wurden Ruten geschnitten und für die Anzucht von Stecklingen am Institut für Rebenzüchtung eingesetzt. Für die Entwicklung des DNA-Arrays wurden von der subtraktiven cDNA-Bank etwa 10.000 EST-Sequenzen durch Ansequenzierung der cDNAs

vom 5'-Ende bestimmt. Die generierten Sequenzen werden für die anstehenden Redundanz- und Genidentifizierungs-Analysen prozessiert.

[1] Buchter-Weisbrodt, H. (2004) Zur Situation des Anbaus von Tafeltrauben als Obst. Deutsches Weinbau-Jahrbuch 55: 158-165
[2] Becker, A. und Engelhart, J. (2005) Heimische Esstrauben: wachsende Marktnische. Der Deutsche Weinbau 23: 12-14
[3] Hothum, C. (2006) Tafeltraubenproduktion in Deutschland. Nische oder Wachstumsmarkt, Diplomarbeit, FH Geisenheim
[4] Welter, L.; Göktürk-Baydar, N.; Akkurt, M.; Maul, E.; Eibach, R.; Töpfer, R. und Zyprian, E. M. (2007) Genetic mapping and localization of quantitative trait loci affecting fungal disease resistance and leaf morphology in grapevine (Vitis vinifera L)

FISCHER, D.[2], MENKE, TH.[2], Pelz, H.-J.[2], Prokop, A.[1]

[1]W. Neudorff GmbH KG, An der Mühle 3, 31860 Emmerthal, [2]Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI), Toppheideweg 88, 48161Münster

28-1-42.004-06: „Entwicklung physikalischer und chemischer Verfahren zur Vergrämung von Schermäusen“

Die Schermaus (*Arvicola terrestris*) verursacht im Obst- und Gartenbau erhebliche Fraßschäden an den Wurzeln diverser Gehölzpflanzen. Dadurch kommt es z. B. in Obstanlagen jährlich zu einem beträchtlichen finanziellen Verlust von bis zu 24.000 Euro pro Hektar [1].
Bisher auf dem Markt angebotene Vertreibungsmittel & –geräte brachten, ebenso wie der Anbau bestimmter Pflanzenarten, das Einbringen von Menschenhaaren oder bodenlosen Flaschen und anderen „Hausmitteln“ bislang keinen Erfolg.

In einem zweijährigen Kooperationsprojekt der Firma Neudorff GmbH KG mit dem JKI Münster, in Zusammenarbeit mit dem Institut für Pharmazie und Molekulare Biotechnologie der Universität Heidelberg (IPMB) soll nun ein neues integriertes Pflanzenschutzverfahren zur Abwehr von Schermäusen entwickelt und zur Praxisreife gebracht werden. Hierbei sollen die Tiere durch physikalische Effekte und/oder durch die Ausbringung von Repellentien vertrieben bzw. von den Kulturflächen ferngehalten werden, um zukünftig den Einsatz von Schlagfallen und letalen Rodentiziden deutlich reduzieren zu können und daraus resultierend der Tötung von Nichtzieltieren vorzubeugen.
Um dieses Ziel zu erreichen werden zwei verschiedene Ansätze verfolgt, zum einen die Vergrämung mit Hilfe von physikalischen Mitteln und zum anderen mittels Repellentien aus natürlichen Pflanzenstoffen.

Vergrämung mittels physikalischer Verfahren
Totschlagfallen sind die wohl am häufigsten eingesetzte physikalische Methode, um Schermäuse auf Anbauflächen und in Kleingärten zu bekämpfen, wobei auch Nichtzielorganismen getötet werden können. Eine wirksame und biologisch unbedenkliche physikalische Methode mit Vergrämungseffekt ist daher sehr wünschenswert.
Die Untersuchungen im physikalischen Teil dieses Projektes umfassen mehrere Aufgaben: Überprüfung von Geräten auf ihren Vergrämungseffekt, Verhaltensreaktionen der Schermäuse auf Vibrationen in einem Laborversuch, sowie Studien über die Anwendbarkeit der Methoden der Bioakustik zur Vergrämung der Schermäuse einschließlich akustischer Frequenzuntersuchungen von vorhandenen Geräten.
Es wurde ein auf dem Markt befindliches Vergrämungsgerät, sowie eine Entwicklung der Firma Neudorff GmbH auf ihre Wirksamkeit in einem Freigehege überprüft. Dabei wurde der subterrestrische Aufenthaltsort des Versuchstieres täglich mit Hilfe der Telemetrie zu unterschiedlichen Zeiten gemessen und aufgezeichnet. Die Nutzung des Geheges mit und ohne Gerät wurde ausgewertet und die statistische Analyse zeigte, dass beide Geräte nicht in der Lage waren, Schermäuse wirksam zu vergrämen.
Des Weiteren wurde in einem Laborversuch getestet, ob die Schermäuse auf Bodenvibrationen reagieren. Hierbei zeigte es sich, dass die Tiere am ehesten auf Frequenzwechsel reagierten. Bei gleich bleibender Frequenz zeigte sich keine Verhaltensänderung. Die vorläufigen Ergebnisse zeigen jedoch, dass nur die männlichen Tiere auf die Vibrationen reagierten. Damit grenzen sie sich deutlich von der Reaktion der weiblichen Schermäuse ab, die keine Reaktionen auf die Vibration in Form einer Verlagerung des Nestes zeigten. Ebenso konnten keine Veränderungen bei Rhythmus und Dauer der regelmäßigen Ruhephasen festgestellt werden. Die weitere Arbeit muss nun zeigen, ob sich die Reaktionen der männlichen Versuchstiere auf Vibrationsänderungen unter natürlichen Bedingungen reproduzieren lassen. Dabei soll auch die Reichweite solcher Vibrationen in natürlich gewachsenen Böden überprüft werden.
Ein weiterer zeitgleich verfolgter Aspekt bei der Entwicklung physikalischer Vergrämungsmethoden bezieht sich auf die Methoden der Bioakustik. Dabei wurden auch am Markt befindliche akustische Vergrämungsgeräte, die sich bereits in früheren Felduntersuchungen als unwirksam erwiesen haben, akustisch erfasst und mit einer speziellen Software analysiert. Dies sollte aufdecken, welche Frequenzen offensichtlich nicht für die Vergrämung geeignet sind und es zeigte sich, dass die Geräte überwiegend nach einem einheitlichen Prinzip arbeiten. Sie erzeugen einen Ton, der sich im Spektrogramm als ein monotones Muster darstellt. Dabei werden in geringen Abständen zueinander Frequenzen abgedeckt, die sich bis zur oberen Hörschwelle erstrecken, also ein multifrequentes Spektrum aufweisen. Variationen gibt es in den Abständen und der Länge der Töne zueinander. Das

zeigt, dass die einfache Darbietung von Tönen aus Multifrequenzspektren zur Anwendung nicht geeignet ist.
Es wird deshalb versucht, die arteigene Kommunikation zur Vergrämung zu nutzen. Aus dem Tierstimmenarchiv in Berlin wurden Abwehrlaute der Schermaus bereitgestellt, die zurzeit analysiert werden. Zeitgleich gelangen eigene Aufnahmen, die sowohl Abwehrlaute aber auch Drohlaute umfassen. Diese Aufnahmen werden zurzeit bearbeitet und dann mit den Aufnahmen aus dem Tierstimmenarchiv verglichen. Da Schermäuse solitär leben, soll getestet werden, ob sich die arteigene Kommunikation als Abwehrstrategie einsetzen lässt. Die Überprüfung artfremder Signale (Interspezifische Kommunikation) könnte sich dem anschließen.

Vergrämung mittels chemischer Verfahren
Pflanzliche Sekundärstoffe nehmen eine wichtige Rolle bei der Verteidigung der Pflanzen gegenüber Herbivoren, Mikroorganismen und/oder andere Pflanzen ein. Sie können als natürliche Schutzstoffe die Fitness und Überlebenschance der Pflanze erhöhen.
Das Potential pflanzlicher Sekundärmetabolite ist derzeit wenig erforscht und bietet im Hinblick auf fast 300.000 Pflanzenarten ein enormes Reservoir, das unter anderem im Gartenbau und in der Landwirtschaft genutzt werden könnte.
Im Rahmen dieses Projektes soll ein anwenderfreundliches, auf sekundären Pflanzenstoffen basierendes, umweltschonendes und toxikologisch unbedenkliches Produkt entwickelt werden. Zudem sollen die Ausgangspflanzen zur Gewinnung der Extrakte problemlos erhältlich und kostengünstig sein.
Um die Wirkstoffe zu testen, werden die Schermäuse mit den verschiedenen sekundären Pflanzenstoffen, die geschmacklich und/oder geruchlich repellierend auf die Tiere wirken sollen (z.B. diverse ätherische Öle und Reizstoffe), in Kontakt gebracht.
Bisher wurden den Schermäusen in einem systematischen Screening 30 unterschiedliche Extrakte angeboten. Zu diesem Zweck werden die Substanzen auf Apfelreiser (größengenormte Apfelzweige) aufgebracht und den Tieren im Laborversuch angeboten. Der Grad der Benagung der behandelten Reiser wird mit unbehandelten Kontrollreisern verglichen. Diese Methodik ist am Institut etabliert und ermöglicht die Überprüfung einer größeren Zahl von Stoffen innerhalb kurzer Zeit. Zudem sind Apfelreiser besonders attraktiv für Wühlmäuse und werden bevorzugt benagt.
Die in dem Screening gefundenen, wirksamen Extrakte werden vom IPMB hinsichtlich ihrer Konzentration optimiert und in weiteren Testreihen überprüft.
Vor dem Screening wurde in diversen Vorstudien die optimale Darbietungsform bzw. Konsistenz der Extrakte überprüft. Dabei hat sich herausgestellt, dass die Stoffe am besten an ein Fett- Öl- Gemisch gebunden auf die Apfelreiser aufzutragen sind. Des Weiteren wurde getestet, wie viele Apfelreiser einer Maus gleichzeitig angeboten werden können, ohne die Versuchsergebnisse zu beeinträchtigen. Hierbei hat es sich als vorteilhaft erwiesen den Schermäusen lediglich zwei verschiedene Stoffe plus Kontrolle gleichzeitig pro Test anzubieten.
In einem weiteren Versuchsansatz sollen in Kürze Geruchsrepellentien mit Hilfe eines T-Labyrinthes (zweikammerige Versuchsapparatur) geprüft werden. Hierfür soll den Schermäusen jeweils eine mit einem Extrakt „beduftete“ und eine „unbeduftete“ Box mit Futterstücken zur Wahl gestellt werden. Extrakte gelten als repellent, wenn die mit ihnen beduftete Box von den Mäusen gemieden wird. Da zuvor unbekannt war, wie Schermäuse auf solche Versuchsaufbauten reagieren, wurden methodische Vorversuche durchgeführt, die erfolgreich verliefen.
Verbindungen, die sich in den Apfelreiser- und Labyrinth-Versuchen als wirksam erweisen, sollen im weiteren Verlauf des Projekts in Gehege- und Halbfreilandversuchen auf ihre Effizienz getestet werden. Zudem werden repellierend wirkende Extrakte später durch die Fa. Neudorff so aufbereitet, dass sie in der Praxis leicht anzuwenden sind.

[1] Walther, B. et al. (2008): How expensive is vole damage? In: föko e.V. (Hrsg.) Proceedings of the 13th Iinternational Conference on Cultivation Technique and Phytopathological Problems in Organic Fruit-Growing. 18.-20.02.2008. LVWO Weinsberg, Germany. 330-334.

NEUHAUS, DR., CHRISTOF

Ernst Benary Samenzucht GmbH, Petersweg 72, 34346 Hann. Münden

28-1-42.009-06: „Samen- und bodenbürtige Pathogene im generativen Zierpflanzenbau – Alternativstrategie zum konventionellen Einsatz von chemischen Beiz- und Pflanzenschutzmitteln in Form neuartiger Saatgutprodukte„

Seed-borne and soil-borne pathogens in the production of seed-grown ornamental plants - alternative strategy to the conventional application of chemical fungicides in form of innovative seed products

Vorhabensziel
Ein neuartiges Konzept, das Saatguttests, -behandlungen und -applikationen umfasst, soll zu einer Reduktion des chemischen Pflanzenschutzmittel-Einsatzes im Zierpflanzenbau bei Sicherstellung hoher Produktqualitäten beitragen.

Geplante Arbeitsschritte:
1. Entwicklung und Optimierung von zuverlässigen, einfachen und kostengünstigen Kombitests zur gleichzeitigen Prüfung des Saatgutes auf Keimkraft und Befall mit samenbürtigen Pathogenen.

2. Entwicklung von Samen-Primingmethoden kombiniert mit neuartigen thermischen Stressverfahren zur Ausschaltung von samenbürtigen Pathogenen.

3. Eignungsprüfung und Applikation zugelassener Antagonistenpräparate auf das Saatgut in Form eines Bioprimings oder einer Mikroverkapselung zum Schutz vor bodenbürtigen Pathogenen.

4. Entwicklung von Hüllmaterialien, die z.B. in Form kleiner Rucksackpillen an das Saatgut geheftet werden und Pflanzenstärkungs- oder Pflanzenschutzmittel enthalten. Die Wirksubstanzen werden programmiert verzögert und exakt dosiert freigesetzt, um den Sämling gegen samen- und bodenbürtige Pathogene zu schützen.

Verwertungsziel:
Geplant ist die Einführung von neuen, hochwertigen Saatgut-Produktlinien für den internationalen Zierpflanzenmarkt.

Übersicht über die Projektkulturen und deren Schaderreger:

Projektkulturen	Schaderreger
Helianthus	Plasmopara, Alternaria (primär samenbürtig)
Callistephus	Fusarium (boden-und samenbürtig), Alternaria (primär samenbürtig)
Zinnia	Xanthomonas, Alternaria (primär samenbürtig)
Rudbeckia	*Alternaria (primär samenbürtig)*
Lupinen	*Colletotrichum /Anthraknose (boden-und samenbürtig)*
Bellis	Phoma (boden-und samenbürtig)
Impatiens	Plasmopara (primär samenbürtig)

Teilnehmende Unternehmen als Dienstleister:
Das Projekt ist ein Einzelprojekt. Dienstleistungsunternehmen sind: Diagnoselabor plantprotect, Göttingen; SUET Saat- und Erntetechnik GmbH, Eschwege; Fa. BIOCARE GmbH, Einbeck

Erste Ergebnisse:
1. Im Rahmen des Arbeitsbereiches „Kombination von Samen-Primingmethoden mit neuartigen thermischen Stressverfahren“ wurden folgende thermische Desinfektionen getestet:

a) Heißluftdesinfektionen:
Gesucht wurde die max. mögliche Temperatur und Einwirkdauer, die nicht zu einer Beeinträchtigung der Keimkraft und -schnelligkeit führt, jedoch die Pathogene wirksam reduziert. Die Kulturen und Chargen reagierten sehr unterschiedlich auf eine Heißluftbehandlung, am empfindlichsten waren die Kulturen Impatiens und Lupinus.

b) Heißwasserdesinfektionen:
Geringe Steigerungen von Temperatur und Zeit bei Heißwasserdesinfektionen führen bei vielen Kulturen schneller zu einer Schädigung der Keimfähigkeit als bei Heißluftdesinfektionen. Ausnahmekultur ist Lupinus.

2. Im Rahmen des Arbeitsbereiches „Eignungsprüfung und Testung der Wirksamkeit der Antagonisten“ wurden folgende Pflanzenstärkungsmittel durch das Diagnoselabor plantprotect getestet:

Produktname	Antagonist
Bacillus subtilis FZB 24 (fl., TB, WG)	Bacillus subtilis
Vitalin Trichoderma T50	Trichoderma harzianum
Promot WP	Trich. harzianum, koningii
Binap TF WP	Trich. harzianum, polysporum
Fusaresist	Fusarium oxysporum
Proradix WG, Plus	Pseudomonas spec.
Polyversum	Pythium oligandrum

Die Qualitätsprüfung der Pflanzenstärkungsmittel durch die Bestimmung der Wirkstoffkonzentration und Isolierung der enthaltenen Organismen ergab eine gute Übereinstimmung mit den Herstellerangaben mit Ausnahme von Polyversum**:** Der Pilz Pythium oligandrum zeigte kaum Myzelwachstum. Kontaminiert war das Präparat mit einer antagonistisch wirkenden Bacillus-Art, die auch Pythium ol. hemmt.

Die in vitro-Testung der antagonistischen Wirkung der Handelspräparate und der daraus isolierten Wirkstoffe in Reinkultur gegenüber 8 Pathogenen ergab, dass die Reinkulturen immer stärker als das Handelspräparat wirken. Die Wirkung des Präparates Polyversum war sehr ungenügend. Der Pilz Pythium oligandrum in Reinkultur hemmte interessanterweise Phoma und Colletotrichum. Die Bakterienpräparate Bacillus subtilis FZB 24 und Proradix WG zeigten in vitro gute Wirkung gegen alle getesteten Pathogene, die pilzlichen Präparate dagegen weniger.
Erste in-vivo-Versuche bei Callistephus zeigten dagegen eine bessere Wirksamkeit von Promot WP, Binap TF WP und Fusaresist gegenüber Fusarium oxysp.callistephi im Gegensatz zu den Bakterienpräparaten und zu Vitalin T50.
Das Mittel Fusaresist zeigte in vitro erwartungsgemäß keine Hemmung von Fusarium oxysp. callistephi, aber in vivo (mögliche Resistenzinduktion).

3. Im Rahmen des Arbeitsbereiches „Eignungsprüfung und Testung der Wirksamkeit der Antagonisten“ wurde der Einfluss der Antagonisten auf die Keimfähigkeit des Samens und die morphologischen Veränderungen am Keimling getestet. Durch die Beizung mit Pflanzenstärkungsmitteln ergaben sich keine Unterschiede im Wuchs oder im Wurzelwachstum innerhalb einer Kulturdauer von 4 Wochen. Die Keimfähigkeit war – abhängig von der Kultur und Charge- z.T. leicht negativ. Deutlich positive Keimfähigkeitseffekte konnten nicht beobachtet werden**.** Tendenziell schnitt Binap TF WP am besten ab.

4. Geprüft wurde der Einfluss verschiedener Fungizide auf die Keimfähigkeit. Allgemein scheinen Nass-Fungizidbehandlungen stärker die Keimfähigkeit zu beeinträchtigen als Trockenbeizen mit Ausnahme der Kultur Lupinus. Dort war nach einer Ortiva-, Discus- und Rovral-Nassbehandlung und einer TMTD-Trockenbeize die Keimfähigkeit bei allen Varianten erhöht.

LEITHOLD, G.[1], HUMMEL, H.E.[1], HEIN, D.F.[1], GREINER, A.[2], WENDORFF, J.H.[2], DERSCH, R.[2], VON BISTRAM, M.[2], BEER, H.[3], KRATT A.[4], KLEEBERG, H.[4], WAHL, F.[5]

1 Justus-Liebig-Universität, Professor für organischen Landbau, Karl-Glöckner-Str. 21 C, 35394 Gießen, 2 Philipps-Universität Marburg, Institut für physikalische Chemie, Kernchemie und makromolekulare Chemie, Hans-Meerwein-Straße, 35032 Marburg, 3 Julius-Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Stahnsdorfer Damm 81, 14532 Kleinmachnow, 4 Trifolio-M GmbH, Dr.-Hans-Wilhelmi-Weg 1, 35633 Lahnau, 5 Schmotzer Agrartechnic GmbH, Rothenburger Str. 45, 91438 Bad Windsheim

PGI-06.01-28-1-42.011-06 „Nanofasern als neuartige Träger für flüchtige Signalstoffe zur biotechnischen Regulierung von Schadinsekten im integrierten und ökologischen Landbau“

Nanofibres as novel carriers for volatiles used for biotechnical regulation of insects in integrated and ecological farming

Erstes Projektziel ist die Anwendung von elektrogesponnenen Nanofasern als Dispenser in der Verwirrungstechnik mit Hilfe von Pheromonen gegen den Traubenwickler im Weinanbau. Das zweite Ziel ist die Entwicklung eines Ausbringungsverfahrens, das mit einem Minimum an Zeitaufwand und Handarbeit und unter Einsatz eines entsprechend konstruierten Geräts Nanogespinste in der Feldkultur (z.B. im Weinbau) abzulegen gestattet. Schließlich soll durch ein sinnvolles Zusammenwirken zweier bereits heute bekannter technologischer Komponenten (das der Nanofasern in Kombination mit dem lange bekannten Verwirrungsverfahren) ein neues Pflanzenschutzkonzept entstehen, mit dessen Hilfe der Landwirt Management von Schadinsekten betreiben kann. Dies soll unter Bedingungen geschehen, die mit herkömmlichen Pflanzenschutzverfahren finanziell in Wettbewerb treten können, ohne die Umwelt zu belasten. Durch Kosteneinsparungen beim Einsatz der Pheromon-Verwirrungstechnik (bei gleichem oder höherem Anwendungserfolg) soll es möglich sein, deren Anwendung auszuweiten, was zu einer Reduzierung des Einsatzes von chemischen Pflanzenschutzmitteln führt. Bekanntlich verfügt der organisch arbeitende Landwirt über eine sehr enge Palette zugelassener Wirkstoff-Präparate, zu denen die Insektenpheromone gehören. Die Pheromone sind naturidentisch synthetisierbar und werden in Mengen von 30 – 100 Gramm pro Hektar ausgebracht. Wegen ihrer Spezifität und Effizienz sind negative Rückwirkungen auf den Naturhaushalt unbekannt. Die elektrogesponnenen Fasern mit einem Durchmesser- zu Längenverhältnis von $1:10^{6-8}$ sind nicht mit Stäuben und Partikeln zu verwechseln. Diese Fasern sind hochflexibel, nicht lungengängig und bestehen aus bioverträglichen, bioabbaubaren Polymeren. Der Behandlung zugänglich sind prinzipiell alle Schadinsekten, für die während der vergangenen vier Jahrzehnte Lockstoffe identifiziert und synthetisiert wurden. Beispiele sind im Schrifttum aus dem Bereich des Baumwoll-, Wein-, Obst- und Nüsse/Mandel-Anbaus bekannt. In Zusammenarbeit mit Experten der Universitäten Marburg und Gießen und zweier mittelständischer Unternehmen (Trifolio-M GmbH, Lahnau; Schmotzer Agrartechnic GmbH, Bad Windsheim) werden die verschiedenen technologischen Komponenten zu einem sinnvollen Ganzen vereint und nach Testreihen im Labor und Halbfreiland schließlich im Freiland angewandt. In diesem Zusammenhang ist die Zusammenarbeit mit dem Weinbauinstitut in Freiburg hervorzuheben. Das Julius-Kühn-Institut stellt durch unabhängige projektbegleitende Prüfungen sicher, dass alle einschlägigen Umweltgesetze und Bestimmungen des Umwelt- und Verbraucherschutzes eingehalten werden. Schließlich soll ein weiteres unabhängiges Institut die Kosten des voll entwickelten Verfahrens mit den Kosten anderer herkömmlicher Verfahren vergleichen und den erzielten Mehrwert für die Gesellschaft feststellen.

Greiner A. & Wendorff, J.H. (2007). Electrospinning: a fascinating method for the preparation of ultrathin fibres. Angew. Chem. Int. Ed. *46*: 5670-5703.
Hummel, H.E. & Miller, T.A. (1984). Techniques in pheromone research. Springer, New York.

KIENZLE, J.[1], ZIMMERMANN, O.[2], HUBER, J.[2], TRILOFF, P.[3]., WÜHRER, B.[4], ZEBITZ, C.P.W.[51],

Kernen[1], JKI Darmstadt[2], Marktgemeinschaft Bodenseeobst[3], AMW Nützlinge[4], Universität Hohenheim[5]

28-1-42.023-06: „Einsatz von *Trichogramma*-Schlupfwespen gegen den Apfelwickler *Cydia pomonella*“

Ziel des Projekts ist die Erarbeitung einer verbesserten Bekämpfungsmethode gegen den Apfelwickler mit *Trichogramma*-Schlupfwespen. Die Kontrollwirkung soll wesentlich optimiert und die Kosten gegenüber dem bisherigen *Trichogramma*-Verfahren, das nur für Hobbygärtner angeboten wird, reduziert werden.
Dies soll durch die Auswahl geeigneter *Trichogramma*-Stämme bzw. Arten sowie durch die Entwicklung eines Sprühverfahrens zur Ausbringung von *Trichogramma*-Puppen mit praxisüblichen Spritzgeräten erreicht werden. Das Verfahren soll gezielt so weiterentwickelt werden, dass es als Baustein in eine Gesamtstrategie zur Bekämpfung des Apfelwicklers integriert werden und so zu einer Reduktion des Pflanzenschutzmitteleintrags beitragen kann.
Wichtigster Anwendungsbereich ist der Einsatz gegen Spätbefall durch Apfelwickler, wo die herkömmlichen Insektizide aufgrund der Wartezeiten und der momentan hochaktuellen Probleme des Verbraucherschutzes durch Pflanzenschutzmittelrückstände nur mit hohem Rückstandsrisiko oder gar nicht mehr eingesetzt werden können und Granuloviruspräparate nur eine relativ geringe Wirkung zeigen. Ein zweiter Anwendungsbereich könnte eine Ausbringung im Juli zur allgemeinen Reduktion der Apfelwicklerpopulation in Kombination mit anderen Verfahren (Verwirrung, Granuloviren, Insektizide) sein.
Im ersten Projektjahr wurden verschiedene *Trichogramma*-Stämme und –arten unter Freilandbedingungen auf ihre Eignung geprüft. Für diesen Versuch wurden Früchte in der Zucht mit Apfelwicklereiern belegt und anschliessend in die Versuchsparzellen ausgebracht. Für die verwendeten Stämme bzw. Arten wurden bei AMW Nützlinge eine entsprechende Zucht aufgebaut. Da die Witterungsbedingungen zum Versuchszeitpunkt kurzfristig wechselten und die einzelnen *Trichogrammen* nicht genau gleichzeitig schlüpften, ist ein direkter Vergleich der Stämme und Arten nur begrenzt möglich. Stämme von *T. cacoeciae*, die als Gegenspieler von Wicklern bekannt sind und *T. brassicae*, die bisher noch nicht gegen Wickler zum Einsatz kam, zeigten unterschiedlich hohe Parasitierungsleistungen, die in 2008 genauer untersucht werden. Die Baumform und die Apfelsorte spielte bei der Bekämpfung ebenfalls eine wichtige Rolle. Es konnte nachgewiesen werden, dass alle Arten trotz kalter und windiger Witterung über eine Woche lang parasitierungsfähig blieben. Es wurden auch natürlich vorkommende Trichogramma der Art *T. evanescens* festgestellt, die in die zukünftigen Untersuchungen mit einbezogen werden. Derzeit werden am JKI Laboruntersuchungen zur Leistung weiterer Stämme und Arten aus einer lebenden Zuchtsammlung durchgeführt. Auf der Basis dieser Ergebnisse sollen im Sommer 2008 Vergleiche im Freiland mit ausgewählten Arten erfolgen, die anhand ihrer Lebendaten die höchste Parasitierungsleistung gegen den Apfelwickler zeigten.
Die Freilandversuche in 2007 haben gezeigt, wie wichtig eine geeignete Witterung zum Schlupfzeitpunkt für den Erfolg einer Ausbringung ist. Die Terminierung des *Trichogramma*-Einsatzes ist daher sehr wichtig. Zusätzlich muss abgeschätzt werden, wie schnell eine Prädation der ausgebrachten Eier erfolgt. Diese Versuche (Ohrwürmer, Ameisen, Raubmilben) bilden einen Schwerpunkt im Jahr 2008. Ebenso sind weitere Tests für eine Haft-Formulierung beim Sprühen der Trichogramma im Wasser-Suspension erforderlich, um eine Anhaftung der Eier zu verbessern.

KLEEBERG, H.[1], KÖPPLER, K.[2], RUCH, B.[1], HUMMEL, E.[1], VOGT, H.[2], SCHÄFER I.[1], BAUMJOHANN, P.[3]

[1] Trifolio-M GmbH, Dr. Hans-Wilhelmi-Weg 1, 35633 Lahnau; [2] JKI, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau, Schwabenheimer Str. 101, 69221 Dossenheim; [3] W. Neudorff GmbH KG, An der Mühle 3, 31860 Emmerthal

28-1-42.024-06: „Biotechnische Kontrolle von Kirschfruchtfliegen (*Rhagoletis cerasi* u. *R. cingulata*) unter Minimierung des Insektizideinsatzes“

(*Biotechnical Control of Cherry Fruit Fly* (*Rhagoletis cerasi* u. *R. cingulata*) under Minimized Application of Insecticides)

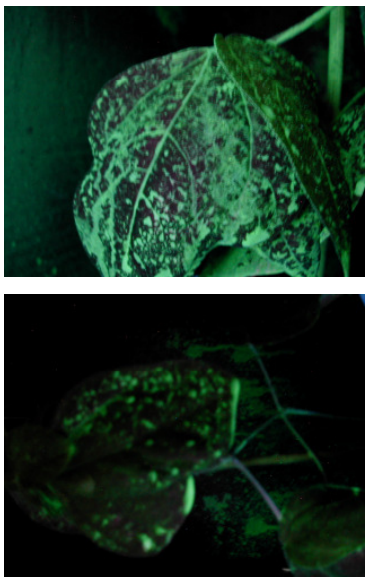
Problemstellung

Ziel des Vorhabens ist es, ein innovatives biotechnisches Verfahren zur Kontrolle der Kirschfruchtfliegenarten *Rhagoletis cerasi* u. *R. cingulata* zu erarbeiten und für die Praxis nutzbar zu machen. Die Europäische Kirschfruchtfliege *R. cerasi* ist in Deutschland der Hauptschädling im Süßkirschenanbau. Seit einigen Jahren ist die ostamerikanische *R. cingulata* in Deutschland etabliert, die späte Kirschsorten inkl. Sauerkirschen befällt.
Ein synthetisches Insektizid ist derzeit für den Kirschanbau nicht zugelassen. Lediglich aufgrund von jährlich neu zu beantragenden Ausnahmegenehmigungen nach § 11 PflSchG durften im konventionellen Anbau Präparate mit den breitwirksamen Wirkstoffen Dimethoat und Acetamiprid eingesetzt werden. Im Ökoanbau können lediglich Nebenwirkungen des nach § 18 a PflSchG gegen saugende und beißende Insekten zugelassenen Spruzit Neu genutzt werden. Aufgrund dieser Situation besteht dringender Bedarf an Alternativen zur Bekämpfung der Schädlinge. Ohne neue und umweltverträgliche Lösungen ist der Kirschanbau in Deutschland ernsthaft bedroht.
Im Rahmen des Projektes sollen Köderverfahren erarbeitet werden, die auf einer Mischung von die adulten Fliegen anlockenden Futtersubstanzen und geringen Mengen biologischer Pflanzenschutzmittel basiert. Dabei werden nicht die gesamten Baumkronen, sondern nur Teilbereiche behandelt, woraus sich eine erhebliche Reduktion der Insektizidaufwandmengen mit positiven Folgen für die Umwelt sowie die Rückstandssituation ergeben kann.

Erste Ergebnisse

1.1 Ködersprayformulierung

Zur Verbesserung der Blatthaftung und UV-Stabilität des Spritzbelages wurden verschiedene Zusatzstoffe ausgewählt und in ersten Versuchen auf ihre Praxistauglichkeit bzgl. Blatthaftung geprüft. Hierzu wurden verschiedene u.a. fluoreszierende Farbstoffzusätze verwendet (s. Abb 1).



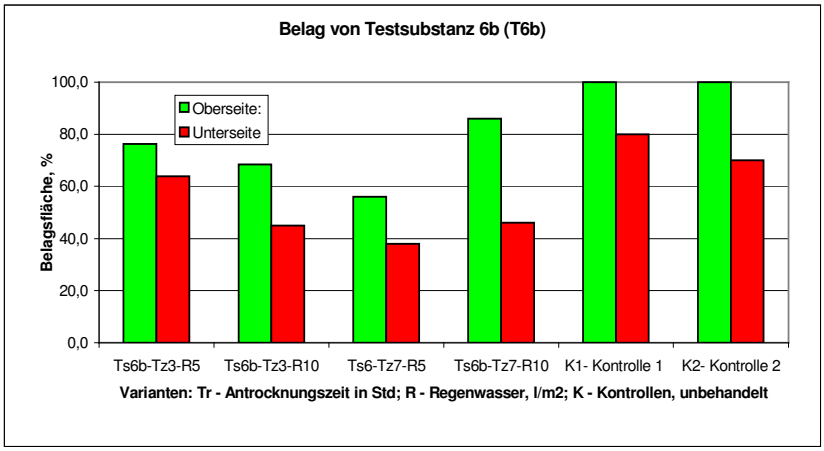


Abb. 1: Verteilung des Spritzbelages auf Bohnenblättern: links oben nach Antrocknen des den Zusatzstoff 7 enthaltenden Spritzbelages, links unten: nach 5 Stunden und Beregnung entsprechend 10 l/m^2; oben: Ergebnisse mit Testsubstanz 6b: Kontrolle: nach Behandlung (re) und Antrocknungszeiten (Tz) von 3 bzw. 7 Stunden und Beregnung (R) entsprechend 5 bzw. 10 l/m^2 Niederschlag.

Versuche zur Ermittlung der optimalen Insektizidkonzentrationen sowie zur Entwicklung geeigneter Futterködermischungen unter Ermittlung der Reproduktionsfähigkeit der Fliegen und Entwicklung der Larven im Biotest mit dem Schädling werden z. Z. durchgeführt.

Erste Behandlungsergebnisse mit dem Köderverfahren wurden in Zusammenarbeit mit Dr. L. Vasilyeva in Krasnodar im Freiland gewonnen.

1.2 Entwicklung einer Kombimethode zur gemeinsamen Bestimmung von Azadirachtin und Pyrethrin

Eine Kombimethode für die gemeinsame Analytik von Azadirachtin A und Pyrethrum wurde entwickelt. Dabei ergaben sich Probleme beim Bezug des Pyrethrum-Standards, die mit dem PBK (Pyrethrum Board of Kenia) geklärt wurden. Dann wurden ausgehend von Einzelmethoden die Parameter sukzessive optimiert und angepasst, so dass Azadirachtine und Pyrethrine gemeinsam analysiert werden können (s. Abb. 2). Die Validierung der Methode wird rechtzeitig zur Durchführung der geplanten Analysen fertig gestellt sein.

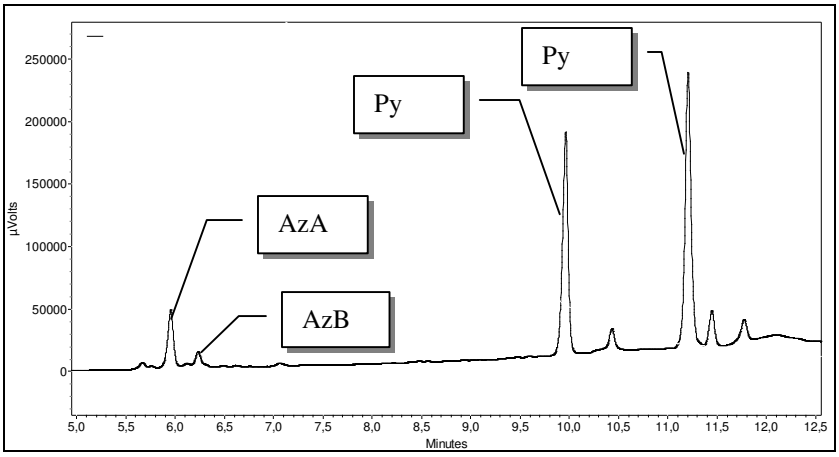


Abb. 2:
HPLC Chromatogramm einer Mischung von NA-T und Spruzit

Konzentrationen:
AzA = 0,016 mg/ml; Pyrethrum = 0,037 mg/ml

1.3 Biologie des Schädlings

Ein Monitoring des Auftretens von *R. cerasi* wurde an mehreren Standorten in Deutschland in Kirschanlagen mit Rebell®-Fallen durchgeführt und der Populationsverlauf summarisch dokumentiert (Abb. 3: Ergebnis aus Mittelhessen).

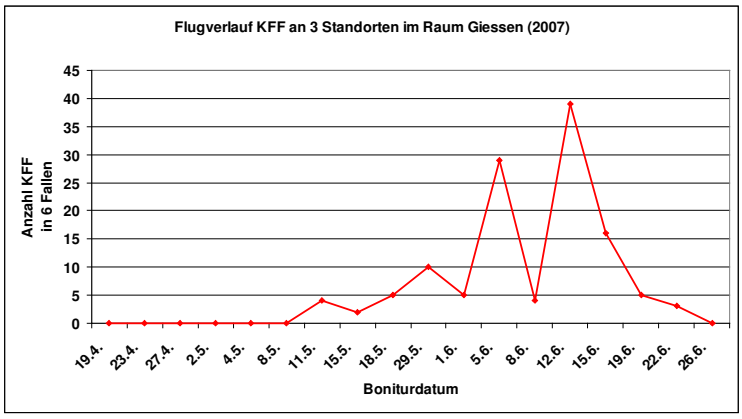


Abb. 3: Rebell®-Falle mit KFF-Fängen (rechts) und Populationsverlauf in Mittelhessen 2007 (links).

1.4 Nebenwirkungen von Ködersprays

Auswirkungen von Ködersprays auf Nichtzielarten wurden in erweiterten Labor- sowie Halbfreilandversuchen mit *Chrysoperla carnea* (Larven und Adulte) und *Coccinella septempunctata* (Larven und Adulte) unter Exposition einer neemhaltigem Ködermischung an Bohnenpflanzen untersucht. Die Anwendung von neemhaltigen Ködern zeigte in diesem Versuch im Vergleich zur Behandlung am Kirschbaum als „worst case“-Ansatz Effekte auf die Mortalität und Reproduktion der Nichtzielarten.

RIEDEL, M., JULICH, S., WAGNER, S., MÖLLER, R., FRITZSCHE, W., WERRES, S., HENKEL, T., BREITENSTEIN, A.

28-1-42.027-06: „Nanobiotechnologische Detektion von *Phytophthora*-Arten mittels elektrisch auslesbaren DNA-Chips“

Hintergrund und Motivation

Die Arten der Gattung *Phytophthora* gehören zu den bedeutenden Phytopathogenen. Weltweit werden durch mehr als 70 *Phytophthora* Arten massive Schäden an gartenbaulichen Kulturen und vorwiegend an Gehölzen in der freien Landschaft und in Waldgesellschaften verursacht [1-6]. Zahlreiche *Phytophthora*-Arten besitzen einen sehr weiten Wirtskreis (z.B. *P. cinnamomi*, *P. ramorum, P. citricola, P. cactorum*). Daneben existieren auch hoch spezialisierte Arten, die nur wenige bzw. eine einzelne Pflanzenart als Wirt besiedeln (*P. alni*, *P. fragariae, P. lateralis*).
Bisher ist die Diagnose eines *Phytophthora*-Befalls sehr aufwendig, da die Proben in spezialisierte Labors geschickt und dort morphologisch und/oder molekularbiologisch untersucht werden müssen. Zuverlässige Methoden für eine schnelle Diagnose direkt auf der Anbaufläche fehlen bisher [7-9]. Für eine schnelle und sichere Erkennung eines Befalls, vor allem bei latentem Befall [10], werden im praktischen Pflanzenschutzdienst hoch sensitive, gleichzeitig aber robuste und einfach zu handhabende Diagnosesysteme benötigt, mit denen sich eine hohe Probenzahl innerhalb kürzester Zeit zuverlässig untersuchen lässt.

Projektziel

Im Rahmen des dreijährigen Forschungsprojektes soll ein System zur schnellen Identifizierung der verschiedenen *Phytophthtora*-Arten entwickelt werden. Neben Untersuchungen zur Bereitstellung und Aufarbeitung von Probenmaterial soll eine FastScan® Methode zum direkten RNA-Nachweis und ein kombiniertes Bio-Chip-System für Amplifikation [11] und Detektion von DNA entwickelt werden. Bei diesem System finden mikrostrukturierte Chips mit integrierten Heizer-, Temperatursensor- und Elektrodenstrukturen Anwendung. Eine enzymatisch katalysierte Silberabscheidung ermöglicht wahlweise den Einsatz optischer oder elektrischer Verfahren für das Auslesen des Ergebnisses [12].

Bisherige Umsetzung des Vorhabens

Im ersten Schritt wurden DNA-Sequenzabschnitte identifiziert, welche für die Unterscheidung der Phytophthora Arten herangezogen werden können. Diese wurden erfolgreich als Sonden für den Hybridisierungsassay eingesetzt. Mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) konnten die von befallenen Pflanzen gewonnenen DNA-Proben auf einem Chipthermocycler erfolgreich amplifiziert und auf einem elektrisch oder optisch auslesbaren DNA-Chip analysiert werden. Die Detektion wurde zunächst optisch durchgeführt, wobei Intensitätsunterschiede der Signale entsprechend der verschiedenen untersuchten *Phytophthora*-Arten erkennbar waren. Zukünftig sollen die beiden Chip-Module für PCR und Detektion zu einem Gesamtsystem mit integrierten Mikrokanälen und –kammern zusammengefügt werden.

[1] Werres, S., Marwitz, R., Poerschke, U., Themann, K., 2001, A long-term study of Phytophthora species in Germany. I - Phytophthora species which could be definitely identified, Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz 108(2), 113-120.
[2] Werres, S., Marwitz, R., Poerschke, U., Themann, K., 2001, A long-term study of Phytophthora species in Germany. II - Phytophthora species which could not be definitely identified, Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz 108(2), 121-135.
[3] Werres, S., Hahn, R., 2002, Phytophthora an Gehölzen - ein zunehmendes Problem. In: Dujesiefken, D., Kockerbeck, P. (Hrsg.): Jahrbuch der Baumpflege 2002. Thalacker Medien, 149-158.
[4] Werres, S., Dussart, G., Eschenbach, C., 2001, Erlensterben durch Phytophthora und die möglichen ökologischen Folgen (Alder decline caused by Phytophthora and its possible ecological consequences), Natur und Landschaft 76(7), 305-310.
[5] Werres, S., Marwitz, R., Man In 'T Veld, W. A., De Cock, A. W. A. M., Bonants, P. J. M., De Weerdt, M., Themann, K., Ilieva, E., Baayen, R. P., 2001, Phytophthora ramorum sp. nov., a new pathogen on Rhododendron and Viburnum, Mycological Research 105(10), 1166-1175.
[6] Werres, S., Marwitz, R., Poerschke, U., Themann, K., 2002, Vorkommen und Bedeutung von Phytophthora-Arten in gartenbaulichen Kulturen, BDGL-Schriftenreihe 20, 150.
[7] Hahn, R., Themann, K., Werres, S., 2000, Experiences with different bait tests and serological methods to detect Phytophthora spp. In: Hansen, E. M., Sutton, W. (Eds.): Phytophthora Diseases of Forest Trees. Proceedings of the first IUFRO Working Party, 'Phytophthoras in Forest and Wildland Ecosystems', Grants Pass, Oregon USA, August 30 - September 3, 1999, Forest Research Laboratory, Oregon State University, Corvallis, Oregon 97331, 112-113.
[8] Themann, K., Werres, S., Diener, H.-A., Lüttmann, R. , 2002, Comparison of different methods to detect Phytophthora spp. in recycling water from nurseries, Journal for Plant Pathology 84(1), 41-50.
[9] Wagner, S., Werres, S., 2003, Diagnosemöglichkeiten für Phytophthora ramorum, Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes 55(11), 245-257.
[10] M. Riedel, S. Wagner, M. Götz, L. Belbahri, F. Lefort, S. Werres, 2007, Studies on the tissue colonization in Rhododendron by Phytophthora ramorum, Proceedings of the Sudden Oak Death Third Science Symposium, 4-9 March 2007, 139. http://nature.berkeley.edu/comtf/sodsymposium/schedule_posters.htm

[11] Felbel, J., Reichert, A., Kielpinkski, M., Urban, M., Henkel, T., 2007, DNA-Vervielfältigung mit Microchip-Thermocyclern, BIOforum 2007 (1), 36-38
[12] Möller, R., Fritzsche, W., 2005, Chip-based electrical detection of DNA, IEE Proceedings Nanobiotechnology 152, 47-51
[1] Werres, S., Marwitz, R., Poerschke, U., Themann, K., 2001, A long-term study of Phytophthora species in Germany. I - Phytophthora species which could be definitely identified, Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz 108(2), 113-120.
[2] Werres, S., Marwitz, R., Poerschke, U., Themann, K., 2001, A long-term study of Phytophthora species in Germany. II - Phytophthora species which could not be definitely identified, Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz 108(2), 121-135.
[3] Werres, S., Hahn, R., 2002, Phytophthora an Gehölzen - ein zunehmendes Problem. In: Dujesiefken, D., Kockerbeck, P. (Hrsg.): Jahrbuch der Baumpflege 2002. Thalacker Medien, 149-158.
[4] Werres, S., Dussart, G., Eschenbach, C., 2001, Erlensterben durch Phytophthora und die möglichen ökologischen Folgen (Alder decline caused by Phytophthora and its possible ecological consequences), Natur und Landschaft 76(7), 305-310.
[5] Werres, S., Marwitz, R., Man In 'T Veld, W. A., De Cock, A. W. A. M., Bonants, P. J. M., De Weerdt, M., Themann, K., Ilieva, E., Baayen, R. P., 2001, Phytophthora ramorum sp. nov., a new pathogen on Rhododendron and Viburnum, Mycological Research 105(10), 1166-1175.
[6] Werres, S., Marwitz, R., Poerschke, U., Themann, K., 2002, Vorkommen und Bedeutung von Phytophthora-Arten in gartenbaulichen Kulturen, BDGL-Schriftenreihe 20, 150.
[7] Hahn, R., Themann, K., Werres, S., 2000, Experiences with different bait tests and serological methods to detect Phytophthora spp. In: Hansen, E. M., Sutton, W. (Eds.): Phytophthora Diseases of Forest Trees. Proceedings of the first IUFRO Working Party, 'Phytophthoras in Forest and Wildland Ecosystems', Grants Pass, Oregon USA, August 30 - September 3, 1999, Forest Research Laboratory, Oregon State University, Corvallis, Oregon 97331, 112-113.
[8] Themann, K., Werres, S., Diener, H.-A., Lüttmann, R. , 2002, Comparison of different methods to detect Phytophthora spp. in recycling water from nurseries, Journal for Plant Pathology 84(1), 41-50.
[9] Wagner, S., Werres, S., 2003, Diagnosemöglichkeiten für Phytophthora ramorum, Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes 55(11), 245-257.
[10] M. Riedel, S. Wagner, M. Götz, L. Belbahri, F. Lefort, S. Werres, 2007, Studies on the tissue colonization in Rhododendron by Phytophthora ramorum, Proceedings of the Sudden Oak Death Third Science Symposium, 4-9 March 2007, 139. http://nature.berkeley.edu/comtf/sodsymposium/schedule_posters.htm
[11] Felbel, J., Reichert, A., Kielpinkski, M., Urban, M., Henkel, T., 2007, DNA-Vervielfältigung mit Microchip-Thermocyclern, BIOforum 2007 (1), 36-38
[12] Möller, R., Fritzsche, W., 2005, Chip-based electrical detection of DNA, IEE Proceedings Nanobiotechnology 152, 47-51

SCHLAGENHAUFER, S., WOLF, P., VERREET J.-A., ENGELHARD, B.

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Hopfenforschungsinstitut, Hüll 5 1/3, 85283 Wolnzach;
Kooperationspartner: Hopfenverwertungsgenossenschaft e. G. (HVG), Hopfenring Hallertau (HOR), Gesellschaft für Hopfenforschung (GfH), Hopfenbaubetriebe: Briller, Huber, Kaindl, Kreitmeier, Mehrl, Schlagenheufer, Wittmann

28-1-42.029-06: „Entwicklung eines innovativen Prognosemodells zur Bekämpfung des Echten Mehltau im Hopfen“

Development of an innovative forecast model in order to control powdery mildew infections in hop production

Mehltauinfektionen des Hopfens treten in verschiedenen Jahren unterschiedlich stark auf. Obwohl es in einigen Jahren ohne Pflanzenschutz zu keinen nennenswerten Schäden kommt, gibt es Vegetationsperioden, in denen die Krankheit die gesamte Ernte zerstört. Vorsorglich wird der Hopfen mehrmals jährlich kostenintensiv behandelt. Der Zeitpunkt der Behandlung richtet sich hauptsächlich nach dem Abstand zur letzten Spritzung. Der Wirkungserfolg ist sehr unterschiedlich. Seit einiger Zeit nimmt man an, dass die Witterung eine entscheidende Rolle bei der Mehltauinfektion spielt und dass man bei einer Vorhersage eines Infektionszeitraumes den Pflanzenschutz gezielter, seltener und erfolgreicher einsetzen kann.
In der vergangenen Vegetationsperiode wurden viele Einzeldaten zur Epidemiologie gesammelt, die alle Teile eines Puzzles sind und im Lauf der Zeit langsam zu einem Gesamtbild sich vervollständigen. Zu Beginn der Vegetationsperiode wurden in einer Nullparzelle eines Hopfenbestandes jeweils ein Stock täglich mit künstlich angezogenen Mehltaukonidien inokuliert und nach Ablauf der Inkubationszeit bonitiert. Dabei hat sich herausgestellt, dass die Witterung in dieser Jahreszeit eine wesentliche Rolle spielt, da bei günstigem Klima die Infektion hervorragend gut funktioniert, bei ungünstigem Klima dagegen fast überhaupt nicht. Auffallend dabei ist die Trennschärfe von weniger als einem Tag. Hat eine massenhafte Infektion an dem einen günstigen Tag stattgefunden, kommt es nur zögerlich zu einer langsamen Progression, außer ein weiteres günstiges Klima führt zu einer weiteren Infektion.
Ein weiterer wichtiger Parameter zur Epidemiologie ist die Verbreitung der Sporen. Dabei wurden Entfernungen von 10 cm bis 2000 m berücksichtigt. In einer großen Dimension konnte eine Verbreitung studiert werden, die von einer schlecht gerodeten Hopfenfläche ausging und eine umgebene Hopfenfläche von etwa 40 ha infiziert hat. Die Windrichtung und Windgeschwindigkeit dieser Verbreitung passen genau zu den Wetterdaten an dem Tag, als auch die Masseninfektion der künstlich inokulierten Pflanze Erfolg gezeigt hat. In Windrichtung war die Halbwertsdichte der Konidien bei einer Windgeschwindigkeit von etwa 0,7 m/s nur 12 m, im rechten Winkel dazu über 50 m.
An einem weiteren Hopfengarten wurde ein Wildhopfen entdeckt, der durch Mycelüberwinterung mehltaubefallen war und den Hopfen in Windrichtung charakteristisch infiziert hat. Innerhalb eines Bestandes in wesentlich kleinerer Dimension wurde ein stark befallener Stock kurz vor der Ernte (Ende August) mit einer Sporenfalle versehen, die aus rings um den Stock 1,5 m lange Holzstäbe mit vaselinebestrichener Folie bestand. Die Folie wurde nach 7 Tagen im Bestand unter dem Mikroskop ausgezählt. Dabei ist die Anzahl der Sporen in Abhängigkeit der Windrichtung fast gleich, im Nordosten aufgrund der Hauptwindrichtung etwas erhöht. Innerhalb der Blattgrenze (etwa 30 cm um die Rebe) fand man weniger Sporen, knapp außerhalb wurde die höchste Konzentration gemessen, die dann stetig mit einer Halbwertsdichte von etwa 1,5 m abnahm. In einem weiteren Versuch in noch kleinerer Dimension wurden Folienstücke mit 4 cm² in einen Stock mit wenigen Infektionen gehängt und nach einigen Tagen im Mikroskop ausgezählt. Durch Vermessen der Messpunkte sowie der Mehltaupustel gelang eine dreidimensionale Darstellung der Sporenverteilung innerhalb der Blattgrenze einer Aufleitung. Dabei ist die Sporenmenge durchaus höher, wenn Infektionen in der Nähe sind, jedoch spielen Abschirmeffekte durch Blätter eine große Rolle, sodass es zu einer enormen Inhomogenität der Sporenverteilung kommt. Aus diesen Untersuchungen zur Sporenverteilung kann man ersehen, welche Gefahr eine Infektionsquelle in einem Hopfenanbaugebiert darstellt und wie wichtig dessen Ausschaltung ist, da es sonst zu einer punktuellen Masseninfektion kommen kann. Weiterhin liefern die Erkenntnisse in kleinerer Dimension wesentliche Hilfe zum Verständnis der Epidemiologie, beispielsweise, dass die Sporenkonzentration im Bestand nicht zu den stark unterschiedlichen Befallsstärken der Einzelstöcke führt oder warum es so wichtig ist, mit dem Pflanzenschutz bis in die Stöcke vorzudringen.
Über die Vegetationsperiode wurde regelmäßig eine Habitusbonitur mehrerer Pflanzen von vier Sorten durchgeführt sowie Blattproben derer entnommen und unter standardisierten Bedingungen die Anfälligkeit gemessen. Nach der Vegetationsperiode wurden die Anzahl der Blätter in Abhängigkeit

der Blattetage (zusätzlich Unterscheidung Haupttrieb, Seitentrieb, Bodentrieb und Blüte/Dolde), die Fläche der Blätter und deren Anfälligkeit miteinander multipliziert. Das Ergebnis wurde „Gefährdungspotential“ genannt und entspricht der Wahrscheinlichkeit, mit der ein Konidium in einen Bestand eine Infektion verursachen kann. Für den praktischen Pflanzenschutz bedeutet ein hohes Gefährdungspotential einen intensiveren Pflanzenschutz, da die Konidien mit keiner Sporenfalle zuverlässig gezählt werden können. Das Gefährdungspotential beginnt mit dem Hopfenaustrieb und steigt kontinuierlich dabei an. Grund dafür ist die steigende Anzahl der Haupttriebblätter und die Fläche derer. Die Anfälligkeit dieser Blätter ist sehr hoch. Mitte Mai beginnt der Hopfen mit der Bildung der Seitentriebblätter sowie unerwünschten Bodentrieben, die beide das Gefährdungspotential weiter ansteigen lassen. Ab etwa Anfang Juni sinkt jedoch die Anfälligkeit aller Blätter aller Pflanzenteile so dramatisch, dass das Gefährdungspotential trotz steigender Blattzahl und beginnender Blütenausbildung extrem niedrig ist. Allerdings ist eine Quantifizierung ab Mitte Juni sehr schwierig, da die Anfälligkeit für eine Messung zu gering ist und daher auf Schätzwerte aus dem Freiland zurückgegriffen werden musste. Bei der Frage, warum im Freiland die Epidemie erst ab Ende Juni in Schwung kommt, gibt eine Hochrechnung der Sporulation auf einen ganzen Bestand Antwort. Während Ende Mai nur sehr wenige Pustel existieren können, die in einer Bonitur nicht zu finden wären, gibt es auch nur sehr wenige Sporen, die allerdings einem hohen Gefährdungspotential gegenüberstehen. Ab Mitte Juni ist das Verhältnis umgekehrt. Einer Übermacht an Sporen bedingt durch die vielen Infektionen steht ein sehr geringes Gefährdungspotential gegenüber und verursacht die zum Teil extremen Befallsstärken im August. Der Einfluss der Witterung in dieser Jahreszeit ist gering.

Verteilt über die ganze Hallertau wurden 11 Bestände verschiedener Sorten ausgewählt, in denen zwei unterschiedliche Spritzvarianten sowie eine Nullparzelle angelegt wurden. Die Zeitpunkte der Pflanzenschutzmaßnahmen richteten sich nach Erfahrungen der letzten Jahre für eine günstige Infektionszeit. In nur 3 Nullparzellen konnten relevante Befallsstärken mit Qualitätsverlusten im Erntegut verzeichnet werden, eine Parzelle davon wurde künstlich infiziert. Dabei wurden in 24 ausgewählten Stöcken in allen 3 Parzellen die Infektionen beobachtet, markiert und Position im Stock sowie befallene Doldenfläche aufgezeichnet. Anhand dieser Informationen von über 8000 Pustel gelang eine dreidimensionale Darstellung der Infektionen in diesen Stöcken über die Zeit. Der Mehltau befällt zuerst Blätter, springt dann in kleinerer Zahl gegen Mitte Juli auf die Blüten über. Ab der Hauptblüte steigt die Anzahl der infizierten Blüten/Dolden dramatisch an. Bei der Sorte „Perle“ war der Anstieg wenige Tage vor der Ernte, bei der Sorte „Taurus“ abgemilderter bereits Anfang August zu verzeichnen. Eine umfangreiche Auswertung aller Informationen ergab allerdings nur eine Hilfestellung für die Landwirte, wo man den Mehltau im Bestand am ehesten findet und damit leichter zu einer Entscheidungsfindung kommt. In den Spritzvarianten konnte der starke Mehltaubefall deutlich reduziert werden, jedoch hatte auch dieses Erntegut Qualität eingebüßt. Aus allen Parzellen wurden Aufleitungen entnommen, geerntet, getrocknet und exakt bonitiert. Dabei wurde erstmals ein Zusammenhang zwischen dem Aussehen der Infektionen im Freiland und dann nach der Trocknung hergestellt. Durch die Erhitzung auf bis zu 70°C verändern sich die Farben der Infektion und der Dolden und damit wird die Differentialdiagnose der Infektion erschwert.

In den Parzellen findet man eine große Diversität der Befallsstärke, die nicht auf unterschiedliche Sporenkonzentrationen, sondern viel mehr auf Entwicklungsstand und damit Anfälligkeit der Einzelpflanzen in Verbindung mit der Witterung zurückzuführen ist. Zusammenhänge zwischen Doldenanzahl und Befallsstärke der Aufleitungen sind schwach und widersprüchlich.

Zu Beginn der Vegetationsperiode sind die noch kleinen Hopfenpflanzen stark der Witterung ausgesetzt, ab Einsetzen der Seitentriebbildung muss von einem Mikroklima im Bestand sowie im Hopfenstock ausgegangen werden. Luftfeuchtigkeit und Temperatur konnten technisch in der letzten Vegetationsperiode nicht gemessen werden, aber Regen und Licht. Während nur die äußeren Blätter vorrangig auf der Westseite in der oberen Hälfte nass werden, bleiben wesentliche Teile des Stockes bei einem Regenschauer inklusive der meisten wasserabweisenden Blüten trocken. Während die oberen 2 m des Hopfens noch von etwa der Hälfte des Lichts getroffen werden, dringt nur noch etwa ein zehntel des Lichts bis in den Stock im unteren Bereich ein. Ein Zusammenhang zwischen Regen und Licht mit der Verteilung der Infektionen über die Aufleitungen konnte nicht gefunden werden.

In der kommenden Vegetationsperiode sollen die Biologischen Präferenzen des Mehltaus ermittelt und dann ein Prognosemodell anhand dieser Daten konstruiert werden. Im Mai soll das Modell in einem Bestand mit künstlichen Infektionsquellen geprüft werden, wobei ab Mitte Juni nach Absinken des Gefährdungspotentials kein Pflanzenschutz mehr durchgeführt werden soll.

[1] Seigner E. et al. Infektionspotenzial des Echten Mehltaus (*Sphaerotheca humuli*) in Abhängigkeit vom Entwicklungsstadium des Hopfens (*Humulus lupulus*) Gesunde Pflanzen 55 (2003) Heft 2 S. 29-33

[2] Engelhard B. Vortrag Internationaler Hopfenbaukongress in Lanzhou China, 26.Juli 2005 “Entwicklung und Überprüfung eines Prognosemodells zur Bekämpfung des Echten Mehltaus (*Podosphaera humuli*) in Hopfen

BÄCKER, G.[1], KOCH, H.[2]

[1]Forschungsanstalt Geisenheim, von Ladestr. 1, 65366 Geisenheim, [2]DLR Rheinhessen-Nahe-Hunsrück, Rüdesheimer Str. 66 – 68, 55545 Bad Kreuznach

28-1-42.050-06: „Optimierung der Sensortechnik zur zielobjektorientierten Steuerung von Sprühgeräten im Weinbau – Reduzierung von Pflanzenschutzmittelmenge und Abtrift“

Optimization of sensor technology for target adapted sprayer control in vineyards – reduction of chemicals and drift

Seit Mitte der 90er Jahre werden Sensorsysteme zur Erkennung und Aussparung von Bestandslücken bei der Ausbringung von Pflanzenschutzmitteln in Raumkulturen erprobt (Bäcker et al., 1996; Koch et al., 1997). Dabei kam bisher ausschließlich ein auf dem IR-Reflexlichtprinzip basierendes Verfahren zur Anwendung, dessen Leistungsfähigkeit sowohl hinsichtlich des erzielbaren Einsparungspotenzials als auch hinsichtlich des Abtriftminderungseffektes nicht den ursprünglich gehegten Erwartungen entspricht. Im Rahmen des vorliegenden Projektes soll deshalb ein an die spezifischen Zielobjektstrukturen der Rebkultur angepasstes oder neu entwickeltes Sensorsystem unter Labor- und Feldbedingungen untersucht, umfassend bewertet und zur Praxisreife gebracht werden.

Da die Entwicklung des Sensors durch den Industriepartner, die Firma Müller Elektronik noch nicht abgeschlossen ist, konnten die Untersuchungen nicht, wie zunächst geplant, am 1. April aufgenommen werden. Nach dem gegenwärtigen Stand der Dinge ist davon auszugehen, dass bis Jahresmitte ein funktionsfähiger Sensor zur Verfügung steht und in ein geeignetes Pflanzenschutzgerät implementiert werden kann. Da bis zu diesem Zeitpunkt die Pflanzenschutzmaßnahmen im Weinbau schon weitgehend abgeschlossen sind, konzentrieren sich die Untersuchungen zunächst auf Messversuche an künstlichen Zielobjekten. Dabei kann die Leistungsfähigkeit des Systems unter reproduzierbaren Bedingungen überprüft und gegebenenfalls weiter optimiert werden. Ein weiterer Versuchsschwerpunkt im ersten Versuchsjahr erstreckt sich auf den Einfluß der Luftstromgeometrie unterschiedlicher Gebläseausführungen auf die Leistungsfähigkeit des Sensorsystems. Auch dieser Fragenkomplex kann zu einem wesentlichen Teil unter Prüfstandsbedingungen bearbeitet werden.

[1] Bäcker, G., O. Westphal und H. Göhlich (1996): Sensortechnik in der Bewährungsprobe. - Der Deutsche Weinbau, 12, 14 – 18.
[2] Koch, H., P. Weißer und H. Knewitz (1997): Überlegungen zur Dosierung und Einstellung von Sprühgeräten im Obstbau. - Nachr.-Bl. Dtsch. Pflanzenschutzd. 49, 34 – 38.