

2000; Wagner 1996). Ein großer Nachteil der Klassifizierung anhand von morphologischen Merkmalen ist, dass sie einer mehr oder weniger starken Variation unterliegen, so dass eine falsche Einordnung nicht immer auszuschließen ist (Remmy und Gruber 1993). Die zusätzliche Überprüfung mit molekularen Markern ist zwar arbeits- und kostenaufwändig, schließt aber umweltbedingte Schwankungen bei der Einstufung in echte und hybridisierte Wildapfel-Formen aus. Weiterhin können die einzelnen morphologischen Merkmale hinsichtlich ihrer Aussagekraft für die Klassifizierung der Wildapfel-Akzessionen überprüft werden (Coart et al. 2003; Jacques et al. 2009; Larsen et al. 2006). Beispielsweise zeigten Vergleiche mit molekularen Markern, dass der Grad der Blattbehaarung nicht immer ein eindeutiges Zeichen für den Wildapfel ist (Coart et al. 2003; Jacques et al. 2009).

Von den 220, in dieser Arbeit analysierten, Akzessionen wurden nach Verrechnung der genetischen und morphologischen Daten 57 Individuen als Hybrid und 154 als ‚echt‘ eingestuft. Diese Einstufung war abweichend von der augenscheinlichen Beurteilung, die anhand der morphologischen Merkmale durchgeführt wurde, wobei 106 Individuen als Hybrid und 114 als ‚echte‘ *Malus sylvestris* Akzessionen eingruppiert wurden. Vergleichbare Ergebnisse zeigten Larsen et al. (2006), nach der genetischen Analyse wurde ein Großteil der augenscheinlichen Hybriden in die Gruppe der echten Individuen eingeordnet wurde. Diese unterschiedliche Festlegung kann mit einer höheren bisher unbekanntem phänotypischen Variation innerhalb der Art *Malus sylvestris* begründet werden. Zusätzlich vermuten Larsen et al. (2006), dass die morphologischen Merkmale nicht miteinander gekoppelt sind und einem einfachen Erbgang folgen. Auch in einer Reihe weiterer Arbeiten wurde beobachtet, dass die morphologischen Merkmale nicht immer mit den genetischen Daten korrespondieren (Coart et al. 2003; Jacques et al. 2009; Rieseberg und Ellstrand 1993; Watano et al. 2004).

Literatur

- Coart, E., Vekemans, X., Smulders, M. J., Wagner, I., Van, B. E., Van, H. J. und Roldan-Ruiz, I., 2003: Genetic variation in the endangered wild apple (*Malus sylvestris* (L.) Mill.) in Belgium as revealed by amplified fragment length polymorphism and microsatellite markers. *Molecular Ecology*, **12**, 845-857.
- Fellenberg, U., 2001: Beurteilung von Wildobst- Voraussetzung für geeignetes Vermehrungsgut zur Erhaltung von Waldgenressourcen. *Forst und Holz* **56**, 50-54.
- Jacques, D., Van der mijnsbrugge, K., Lemaire, S., Antofie, A. und Lateur, M., 2009: Natural distribution and variability of wild apple (*Malus sylvestris*) in Belgium. *Belgian Journal of Botany* **142**, 39-49.
- Kleinschmidt, J. und Stephan, R., 1997: Wild fruit trees. EUFORGEN Noble Hardwoods, Network, Reports, 51-59.
- Larsen, A., Asmussen, C., Coart, E., Orlík, D. und Kjær, E., 2006: Hybridization and genetic variation in Danish populations of European crab apple. *Journal of Tree Genetics and Genomes*, **2**, 86-97.
- Remmy, K. und Gruber, F., 1993: Untersuchung zur Verbreitung und Morphologie des Wild-Apfel (*Malus sylvestris* (L.) Mill.). *Mitteilung Deutsche Dendrologische Gesellschaft* **81**, 71-94.
- Rieseberg, L. H. und Ellstrand, N. C., 1993: What can molecular and morphological markers tell us about plant hybridization? *Critical Reviews in Plant Sciences* **12**, 213-241.
- Rosenthal, G., 2003: Bedeutung evolutionsbiologischer Prozesse für Landschaftsplanung und Naturschutz. *Natur und Landschaft*, **78**, 497-506.
- Slota, T. A. B., Brady, L. und Chao, S., 2008: High throughput tissue preparation for large-scale genotyping experiments. *Molecular Ecology Resources* **8**, 83-87.
- Tabel, U., Maurer, W. D. und Remmy, K., 2000: Wildapfel und Wildbirne. *Taxation der "Wildformnähe" in Klonsamenplantagen*. *AFZ/ Der Wald* **16**.
- Wagner, I., 1996: Zusammenstellung morphologischer Merkmale und ihrer Ausprägung zur Unterscheidung von Wild- und Kulturformen des Apfels (*Malus*) und des Birnbaumes (*Pyrus*). *Mitteilung Deutsche Dendrologische Gesellschaft*, **82**, 87-108.
- Watano, Y., Kanai, I. und Tani, N., 2004: Genetic structure of hybrid zones between *Pinus pumila* and *P. parviflora* var. *Pentaphylla* (*Pinaceae*) revealed by molecular hybrid index analysis. *American Journal of Botany*, **91**, 65-72.

Bisutti, Isabella Linda

Julius Kühn-Institut, Institut für Biologischen Pflanzenschutz, Darmstadt

Einfluss der Fermentation auf gefriergetrocknete Zellen des antagonistischen Bakteriums *Pseudomonas fluorescens*, Stamm Pf153

Influence of the different fermentation parameters on freeze-dried cells the biocontrol bacterium *Pseudomonas fluorescens* strain Pf153

Zusammenfassung

Pseudomonas fluorescens ist ein effektiver Antagonist zur Kontrolle verschiedener Pflanzenkrankheiten. Um dieses als wirksames Pflanzenschutz- oder Pflanzenstärkungsmittel zu entwickeln, müssen sowohl Produktion, Formulierung als auch Anwendungstechnik optimiert werden. Die Gefrier Trocknung ist eine wichtige Konservierungsmethode für Mikroorganismen. Stamm Pf153 wurde als Modellorganismus verwendet, um den Einfluss der Fermentation auf das Überleben und die Wirksamkeit von *P. fluorescens* nach Gefrier Trocknung zu

untersuchen. Stamm Pf153 wurde unter verschiedenen Bedingungen (unterschiedliche Fermentationszeiten, Inkubationstemperaturen, Medienzusammensetzung und Anwendung von Temperatur-schocks) fermentiert und anschließend unter optimierten Bedingungen gefriergetrocknet. Das Überleben der Zellen wurde vor und nach der Gefrierdrying mit Hilfe der „Most Probable Number“ Methode (MPN) bestimmt. Die Wirksamkeit wurde mittels einem *Botrytis cinerea* / *Vicia faba* Biotestsystem geprüft. Die Resultate zeigen, dass das Überleben von Fermentationszeiten, Inkubationstemperaturen und der Medienzusammensetzung beeinflusst wird, während die Anwendung eines Temperaturschocks die Überlebensfähigkeit nicht beeinflusste. Nur die Experimente mit unterschiedlichen Inkubationstemperaturen zeigten Unterschiede in der Wirksamkeit von Pf153 gegen *B. cinerea*.

Stichwörter: *Pseudomonas fluorescens*, Fermentation, Gefrierdrying, Lebensfähigkeit, *Botrytis cinerea*

Abstract

Pseudomonas fluorescens is an effective antagonist to control several plant diseases. To develop it as a biocontrol agent (BCA) production, formulation and application method have to be optimized. Freeze-drying is an important preserve method for micro-organisms. Strain Pf153 was used as a model to investigate how the fermentation process influences the viability and efficacy of *P. fluorescens* after freeze-drying. *P. fluorescens* strain Pf153 was grown under different conditions (varying the fermentation times, growth temperatures, media composition and applying a heat shock) and afterwards freeze-dried with an optimized procedure. The viability of the cells was determined before and after freeze-drying by the most probable number method (MPN). The efficacy was tested on a *Botrytis cinerea* / *Vicia faba* (broad bean) system. The results indicate that fermentation times, growth temperatures and media composition influenced viability but a heat shock did not. Only a different growth temperature had an influence on the efficacy of Pf153 against *B. cinerea*.

Keywords: *Pseudomonas fluorescens*, fermentation, freeze drying, viability, *Botrytis cinerea*

Haas, Sabrina; Perovic, Dragan; Schliephake, Edgar; Ordon, Frank

Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Quedlinburg

Erste Ergebnisse zur Kartierung der Resistenz des Weizens (*Triticum aestivum*) gegen die Orange Weizengallmücke (*Sitodiplosis mosellana*)

First results on mapping the resistance of wheat (*Triticum aestivum*) against the Orange wheat blossom midge (*Sitodiplosis mosellana*)

Zusammenfassung

Die orange Weizengallmücke (*Sitodiplosis mosellana*) ist ein Schädling in allen Weizenanbaugebieten der nördlichen Hemisphäre, die neben Weizen auch Roggen und Gerste befällt und in den vergangenen Jahren in Deutschland sowie in Großbritannien verstärkt aufgetreten ist. Um den Einsatz von umweltbelastenden Insektiziden, die zur Minimierung von Ertrags- und Qualitätsverlusten eingesetzt werden, zu reduzieren, ist die Nutzung von resistenten Sorten eine effektive und ökologisch sinnvolle Methode. Für die Übertragung dieser Resistenz in Winterweizensorten sollen molekulare Marker entwickelt werden, um eine effektivere Selektion auf Resistenz zu ermöglichen. Mit ersten phäno- und genotypischen Daten konnte das bereits bekannte Resistenzgen (*Sm1*) in einer doppelhaploiden Population (DH) kartiert werden. Die DH-Linien (DHs) wurden phänotypisch im Milchreifstadium auf Larvenbefall untersucht. Ab einem Befall von zwei Larven in 10 untersuchten Ähren wurde eine Linie als anfällig eingestuft. Die genotypische Untersuchung wurde mit 20 auf dem Chromosom 2BS lokalisierten Mikrosatelliten-Markern durchgeführt. Die Kartierung des *Sm1*-Gens erfolgte mit neun Mikrosatelliten von denen zwei das Gen im Abstand von 2 und 6 cM flankieren. Diese ersten Ergebnisse sind die Grundlage für eine weitere Entwicklung von eng gekoppelten und diagnostischen Markern.

Stichwörter: Weizen (*Triticum aestivum*), Orange Weizengallmücke (*Sitodiplosis mosellana*), Resistenz, DH-Linien, molekulare Marker

Abstract

The Orange Wheat Blossom Midge (*Sitodiplosis mosellana*) is a pest in all wheat growing areas of the northern hemisphere, which infects besides wheat also rye and barley. In recent years, the midge frequently occurred in Germany and in the UK. To reduce the application of environmentally harmful insecticides, which are used to minimize yield and quality losses, the utilization of resistant varieties is an effective and ecological friendly approach. Therefore, the project aims at developing molecular markers for the efficient breeding for resistance against the Orange blossom midge. Based on first phenotypic and genotypic data, the already known resistance gene (*Sm1*) could be mapped in a doubled-haploid population (DH). The DH-lines (DHs) were phenotypically analyzed in the milk stage on larval infestation. At an infestation of two larvae in 10 examined ears a DH-line was classified as susceptible. Genotypic analysis was performed with 20 SSRs localized on chromosome 2BS. The mapping of the *Sm1* gene was carried out using nine polymorphic microsatellite markers. Two markers flanking the gene at a distance of 2 and 6 cM were identified. These first results are the base for the development of closely linked and diagnostic markers in the future.