
Sektion 44

Resistenzzüchtung/Widerstandsfähigkeit gegen Schadorganismen I

44-1 - Bewertung der Feldresistenz verschiedener Winterrapsorten gegenüber *Verticillium longisporum* mittels quantitativer PCR

Classification of winter oilseed rape resistance towards the soilborne pathogen Verticillium longisporum by quantitative PCR

Jessica Knüfer, Daniel Teshome Lopisso, Birger Koopmann, Andreas von Tiedemann

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

Die vorzeitige Abreife an Winterraps wird durch das bodenbürtige pilzliche Pathogen *Verticillium longisporum* (VL) verursacht. Neben dem Einsatz einer weiter gestellten Fruchtfolge ist die Verwendung resistenter Sorten derzeit die einzige wirkungsvolle Maßnahme gegenüber VL. Für die Züchtung resistenter Sorten ist eine geeignete Bewertung und Beurteilung der Anfälligkeit verschiedener Raps-Genotypen gegenüber dem Pathogen notwendig. Dies erfordert eine robuste Einstufung der Genotypen in Resistenzklassen. Präzise Screening-Verfahren mit Jungpflanzen im Gewächshaus sind etabliert und geeignet, um eine Vorselektion des Züchtungsmaterials durchzuführen. Bisherige *Verticillium*-Screenings unter Feldbedingungen wurden sehr spät in der Vegetationsphase, bereits zur Abreife der Pflanze, durchgeführt. Das Verfahren beruht dabei auf der Bewertung des Mikrosklerotienbesatzes im Stoppel- und Wurzelmaterial (Stoppelbonitur). Feldversuche in Göttingen haben jedoch gezeigt, dass zu diesem Zeitpunkt eine Resistenzeinschätzung problematisch ist, da die Bildung der Mikrosklerotien vom Abreifezustand der Pflanze abhängt. Ein Vergleich von früh- bzw. spät abreifenden Genotypen wird somit erschwert. Darüber hinaus wird bei der Bewertung von bereits seneszenten Pflanzengewebe der pflanzliche Abwehrmechanismus nicht berücksichtigt. Zur präziseren Einteilung von Resistenzklassen haben wir daher eine qPCR Methode entwickelt, die die Detektion und Quantifizierung des Pathogens in der Pflanze vor der Abreife ermöglicht. Mittels sensitiver ITS Primer konnte der Pilz bereits zu BBCH 65 vor dem Auftreten von Symptomen in Stängeln vier verschiedenen anfälliger Winterrapsorten (Referenzsorten) an zwei Standorten (Göttingen, Fehmarn) im Jahr 2013 nachgewiesen werden. Eine Differenzierung der Anfälligkeiten verschiedener Sorten gegenüber VL war zu dem Stadium noch nicht möglich. Weitere Probenahmeterminen zu BBCH 70 und BBCH 75 wiesen Befall in allen Sorten nach, eine klare Differenzierung der verschiedenen Sorten konnte jedoch erst zu BBCH 80 erreicht werden. Hier wiesen die beiden resistenten Sorten 'Oase' und 'Express' signifikant weniger pilzliche DNA auf als die anfälligen Sorten 'Falcon' und 'Laser'. Diese Klassifizierung entsprach der ResistenzEinstufung der vier Sorten im Gewächshaus. Eine signifikante Korrelation zwischen den qPCR-Daten und den Gewächshaus-Daten konnte auch in einem weiteren Experiment mit 18 DH-Linien (inklusive 4 Referenzsorten) gezeigt werden. Die Korrelation zwischen qPCR-Daten und Stoppelbonitur-Ergebnissen war hingegen schwächer. Eine Bewertung der *Verticillium*-Anfälligkeit mittels Stoppelbonitur ist für eine grobe Einschätzung möglich, jedoch kann mittels qPCR eine genauere Klassifizierung und somit eine Berücksichtigung der pflanzlichen Resistenz erfolgen. Aufgrund des symptomlosen Krankheitsverlaufs bis zur Reifephase der Pflanze und der damit erschwerten Einschätzung des Befalls ist eine zweimalige Probenahme für die qPCR-Analyse geeignet, um eine Differenzierung der Genotypen zu erreichen.

44-2 - Identification and characterization of three putative compatibility factor genes involved in the plant – *Verticillium* interaction

Identifikation und Charakterisierung drei putativer Kompatibilitätsfaktoren in der Pflanze – Verticillium Interaktion

Roxana Hossain, Lisa Krapoth, Dirk Schenke, Daguang Cai

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institute of Phytopathology, Molecular Phytopathology and Biotechnology Germany

The hemibiotrophic soilborne fungus *Verticillium longisporum* represents one of the important pathogenic fungi in oilseed rape (*Brassica napus*) cultivation. So far, only minor genetic variation in resistance to the fungus could be found in oilseed rape germplasm. To develop resistance against the fungus in oilseed rape, we followed a strategy based on the molecular understanding of plant-fungus interaction. In this way, a set of genes were identified from oilseed rape genome, which were highly upregulated at early infection stages in a compatible plant-fungus interaction. Arabidopsis knock-out mutants of the genes exhibited strongly reduced susceptibility to the fungal infection, suggesting their crucial role in the plant-fungus interaction. Here, we report recent results of molecular and functional characterization of three putative compatibility factor genes and their possible role in the modulation of a compatible plant-fungus interaction in Arabidopsis as well as in oilseed rape plants.

44-3 - Impact of cultivar resistance to *Verticillium longisporum* on drought stress tolerance of winter oilseed rape (*Brassica napus*)

Einfluss der Sortenresistenz gegen Verticillium longisporum auf die Trockenstresstoleranz von Winter- raps (Brasica napus)

Daniel Lopisso, Jessica Knüfer, Birger Koopmann, Andreas von Tiedemann

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

Verticillium longisporum (VL) is a vascular pathogen of crucifers with a potential to cause significant yield losses in oilseed rape (OSR). In resistant, VL infected OSR genotypes substantial amounts of vascular occlusions which obstruct xylem vessels have been detected. This mechanism of resistance to the pathogen may however alter the rate of water and nutrient transport and consequently plant response to drought stress. To investigate whether genotypic VL resistance is associated with a reduced drought tolerance, we studied drought resistance of VL-resistant and susceptible winter OSR genotypes under infection with the xylem-colonizing pathogen VL. Analysis of disease parameters (net AUDPC, stunting and fungal biomass by qPCR) showed a significantly lower rate and level of disease development in the resistant genotype SEM across all watering regimes. Likewise, regardless of the water supply at different field capacity levels, high disease severity and stunting effects were observed in the susceptible cultivar Falcon. Furthermore, the amount of fungal DNA was up to 31fold in Falcon as compared to SEM. qPCR results showed that levels of fungal DNA were positively correlated with the intensity of drought stress. At 49 DPI, the respective average fungal DNA in dry hypocotyl tissue at 100, 60, and 30% field capacity was 27.1, 29.0 and 36.0 ng/g in SEM and 839.1, 1,032.4 and 1,096.4 ng/g in Falcon, indicating a more pronounced colonization of plant tissues with VL during drought stress particularly on susceptible *B. napus* varieties. Significant changes in physiological parameters (gas exchange, relative water content, proline content and water use efficiency) and up-regulation of drought stress marker genes confirmed the reaction of both genotypes to drought stress. On the other hand, neither VL alone nor its interaction with drought or the genotype had any significant effect on these physio-

logical parameters. Further comparisons of the drought induced physiological changes under mock- and VL-inoculation conditions showed a cultivar-independent trend of a slightly reduced impact of drought stress during VL infection. The main and interactive effects of VL and drought on biomass yield and other agronomic traits were significant but the magnitude of their impact was dependent on differential disease and physiological responses of the genotypes. In general, the consistent and interrelated results from ANOVA, correlation, regression and PCA analyses of the present comprehensive study do not only demonstrate that VL-resistance mechanisms have no additive negative consequence on plant performance under drought stress but also demonstrate effective functioning of the quantitative VL-resistance mechanisms even under conditions of severe drought stress. Nevertheless, despite the stable VL-resistance under water deficit conditions and the slightly smaller effects of drought on infected plants, simultaneous exposure of OSR to both stresses can cause considerable yield loss.

44-4 - Wirksamkeit von Majorgenen in Raps gegenüber *Phoma lingam* unter Berücksichtigung steigender Temperaturen und des Pathotypenspektrums

*Efficacy of major genes in oilseed rape against *Phoma lingam* with regard to rising temperatures and the population structure*

Mark Winter, Coretta Klöppel², Fadeke Fajemisin, Birger Koopmann

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

²University of Hertfordshire, School of Life and Medical Science, Hatfield, United Kingdom

Die Wurzelhals- und Stängelfäule, hervorgerufen durch *Phoma lingam*, gehört zu den bedeutendsten pilzlichen Krankheiten im Rapsanbau weltweit (Fitt et al. 2006). Neben quantitativen Resistenzen dienen häufig Majorgene, um Raps vor einem Befall zu schützen. Durch den stetigen Einsatz von Rapsorten mit einzelnen oder mehreren Majorgenen sind im Laufe der Koevolution vermehrt virulente Pathotypen der sexuellen Form von *P. lingam*, *Leptosphaeria maculans*, aufgetreten. Dadurch wird die Majorgen vermittelte Resistenz durchbrochen und führte in der Vergangenheit zu erheblichen Ertragsverlusten in Frankreich und Australien (Rouxel et al. 2003; Sprague et al. 2006). Um das Pathotypenspektrum in Deutschland zu ermitteln, haben wir auf einem West-Ost und einem Nord-Süd Transekt eine Rapsorte (NK Bravour) in den Jahren 2011-2013 bzw. 2012-2014 angebaut, die bis auf *Rlm9* keine bekannten Majorgene trägt. Zusätzlich wurde eine Sorte angebaut, die das zurzeit noch hochwirksame Majorgen *Rlm7* trägt. Im Herbst und im Frühjahr wurden Blätter mit typischen Läsionen einer Phoma-Infektion gesammelt. Aus den Läsionen wurden Isolate des Erregers gewonnen und auf einem kanadischen bzw. französischen Differentialsortiment auf ihre Virulenz gegenüber den Majorgenen *LepR1*, 2 und 3 bzw. *Rlm1*, 2, 3, 4, 7 und 9 getestet. Dadurch konnte die Frequenz virulenter Pathotypen einer Region ermittelt werden. Es zeigte sich, dass 85% der getesteten Isolate virulent auf den *Rlm*-Genen 1, 2, 3, 4 und 9 sowie 59% virulent auf den *LepR*-Genen 2 und 3 waren. Dabei konnten keine deutlichen Unterschiede zwischen den Regionen festgestellt werden. Die Frequenz von virulenten Isolaten auf *Rlm7* war hingegen mit unter 5% sehr gering. Weiterhin testeten wir die Wirksamkeit der Majorgene *Rlm7* und *LepR3* unter verschiedenen Temperaturen. Dazu wurden die Sorten Caiman (*Rlm7*) und Uluru (*LepR3*) sowie die Sorte Lirabon (kein Träger von *Rlm7* bzw. *LepR3*) als anfällige Kontrolle mit einem am Keimblatt virulenten bzw. avirulenten Isolat inokuliert. Zusätzlich wurde die Bedeutung von Majorgenen für die Resistenz von Raps am Stängelgrund unter verschiedenen Temperaturen nach einer Stängelgrundinokulation getestet. Bonituren und DNA-Quantifizierungen des Erregers im Keimblatt bzw. Stängel dienten der Befallsbewertung. Die Untersuchungen zeigten, dass die Majorgen vermittelte Resistenz durch *Rlm7* und *LepR3* auch unter hohen Temperaturen (27°C) noch wirksam war. Es konnte lediglich ein signifikanter Anstieg des DNA-Gehalts des Erregers in

Keimblättern unter höheren Temperaturen festgestellt werden, wobei weder ein Gewebekollaps noch eine Sporulation des Pilzes beobachtet wurde. Interessanterweise kann die Majorgenresistenz die Befallsstärke am Stängelgrund signifikant reduzieren. Die Resistenz am Stängelgrund in Caiman beruht vor allem auf dem Majorgen *Rlm7*, wohingegen die Stängelgrundresistenz in Uluru hauptsächlich auf der quantitativen Resistenz beruht. Auch unter erhöhten Temperaturen (27 °C) blieb die Stängelgrundresistenz bestehen.

Literatur

- FITT, B.D.L., H. BRUN, M. J. BARBETTI, S. R. RIMMER, 2006: World-wide importance of phoma stem canker (*Leptosphaeria maculans* and *L. biglobosa*) on oilseed rape (*Brassica napus*). Eur J Plant Pathol **114**, 3-15.
- ROUXEL T., A. PENAUD, X. PINOCHET, H. BRUN, L. GOUT, R. DELOURME, J. SCHMIT, M. H. BALESSENT, 2003: A ten-year survey of populations of *Leptosphaeria maculans* in France indicates a rapid adaptation towards the Rlm1 resistance gene in oilseed rape. Eur J Plant Pathol **109**, 871-81.
- SPRAGUE S.J., S. J. MARCROFT, H. L. HAYDEN, B. J. HOWLETT, 2006: Major gene resistance to blackleg in *Brassica napus* overcome within three years of commercial production in southeastern Australia. Plant Dis **90**, 190-8.

44-5 - Anfälligkeit von Raps -Resynthesen und -Sorten auf den Rapsstängelrüssler (*Ceutorhynchus napi* Gyll.) Befall – potentielle Resistenzfaktoren

Susceptibility of resynthesized lines and cultivars of oilseed rape on rape stem weevil (Ceutorhynchus napi Gyll.) infestation – potential plant traits responsible for resistance

Heike Schäfer-Kösterke, Bernd Ulber

Georg-August Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Agrarentomologie, Grisebachstraße 6, 37077 Göttingen, Germany

Crops of oilseed rape (*Brassica napus* L.) require multiple insecticide applications for pest control each year. Genetic host plant resistance might provide a promising alternative to the extensive use of chemical plant protection products. Eight *B. napus* genotypes showing a broad genetic variability (resynthesized lines, cultivars) were evaluated for resistance to rape stem weevil, *Ceutorhynchus napi* Gyll. (Col., Curculionidae), a major pest of winter oilseed rape, in a field trial with four replicated plots of each genotype in 2012/2013. The number of eggs and larvae within the stem pith of genotypes was recorded from plant samples collected at weekly intervals across the infestation period in April and May 2013. Plant genotype significantly affected the infestation by rape stem weevil. On several sampling occasions, the number of eggs and larvae per main stem significantly differed between the tested genotypes. The resynthesized line S30 showed the lowest number of eggs over the entire infestation period of rape stem weevil. In samples of April 29th, at the peak of egg abundance, S30 (= 0.80 eggs / main stem) showed a significantly lower number of eggs than the resynthesized lines H113 (= 6.60 eggs / main stem) and H30 (= 6.60 eggs / main stem) and the cultivar Sollux (11.35 eggs / main stem). The low number of eggs in S30 indicated antixenosis resistance in this line. Larval instars of rape stem weevil were also affected by the tested genotypes. Development time of larvae within S30 was significantly delayed compared to H30, while the larval development in Sollux did not differ from other genotypes. The delayed development of larvae in S30 indicated antibiosis resistance in this line. Stem length was significantly negative correlated with the number of eggs during the oviposition period. Stem biomass, nitrogen content in stems and the glucosinolate profile of uninfested stems were assessed in all genotypes as potential plant traits responsible for resistance. Stem biomass and nitrogen status in stems showed no clear relationship to the number of deposited eggs. The multivariate Partial Least Squares - Discriminant Analysis indicated that the glucosinolate profile of uninfested stems differed between the tested genotypes (PLS-DA, 39.70 % axis 1, 32.67 % axis 2). The resynthesized line S30 showed the lowest total glucosinolate content, while the (++) cultivar Sollux showed the highest total glucosinolate content. Because of the contrasting glucosinolate contents, glucosinolate profiles were related with the number of eggs in samples of April 29th (peak of egg abundance) by using the multivariate Partial Least Squares Regression. The multivariate PLSR

indicated that the number of eggs correlated positively with the content of the glucosinolates glucoalyssin, glucobrassicinapi, glucobrassicin, neoglucobrassicin and nasturtiin (PLSR, 48.58 % axis 1, 2.59 % axis 2).

Resynthesized line S30 can provide a potential source of resistance for breeding of winter oilseed rape with resistance to rape stem weevil. Stem length can affect the host plant acceptance, while stem biomass and nitrogen content in stems did not seem to be key plant traits affecting the host plant acceptance by rape stem weevil at any specific sampling occasion. Our study indicates that host plant acceptance by rape stem weevil can be stimulated by individual stem glucosinolates. Further experiments are needed to analyze the relationship between individual glucosinolates and the oviposition preference of rape stem weevil and to determine mechanisms responsible for resistance.

44-6 - Zweijähriges Rassen-Monitoring von *Exserohilum turcicum* in europäischen Maisanbaugebieten

Two-year race monitoring for Exserohilum turcicum in European maize growing regions

Hendrik Hanekamp, Andreas von Tiedemann, Birger Koopmann

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

Die Turcicum Blattdürre, verursacht durch den pilzlichen Erreger *Exserohilum turcicum*, gehört in Europa zu den ertragsrelevantesten Blattkrankheiten im Maisanbau. Eine Sammlung von *E. turcicum* Isolaten wurde auf ihre Virulenzeigenschaften und auf die regionale Verteilung von virulenten Rassen in den wichtigsten europäischen Maisanbaugebieten untersucht. Die Isolate wurden über zwei Jahre (2011 und 2012) in zehn verschiedenen Ländern von 140 verschiedenen Standorten gesammelt. Insgesamt wurden bisher 409 *E. turcicum* Isolate untersucht, 269 Isolate aus dem Jahr 2011 und 140 aus 2012. Die Rassenbestimmung wurde an Hand der Befallsreaktionen nach Ganzpflanzeninokulation auf einem Differentialset von fünf nah-isogenen Maisinzuchtlinien vorgenommen. Das Differentialset besteht aus den Linien B37, B37-Ht1, B37-Ht2, B37-Ht3 und B37-HtN. Es konnten zehn der 16 möglichen Rassen beschrieben werden. Für jedes der verwendeten Resistenzgene wurden virulente Isolate nachgewiesen, welche zum Teil regional stark begrenzt auftreten. Die vier am häufigsten beschriebenen Rassen sind in beiden Jahren die Rassen 0, 1, 3 und 3N. Die relativen Anteile der bedeutendsten Rassen variieren jedoch zwischen den Jahren. Im Jahr 2011 konnten mit den Rassen 0, 1, 3, 3N, 2, 123, 23, 13, 23N und 12 zehn der 16 möglichen Rassen beschrieben werden. Im Jahr 2012 wurden bisher die Rassen 0, 1, 3, 3N, 23N und 2 beschrieben. In beiden Jahren sind Rasse 0 Isolate, die sich avirulent gegenüber den getesteten Resistenzgenen verhalten, mit 50% in 2011 und 37% in 2012 vorherrschend. Die drei virulenten Rassen 1, 3 und 3N nehmen mit zusammen 42% den größten Teil der untersuchten Isolate in 2011 ein. Im Jahr 2012 decken diese drei Rassen 59% des beschriebenen Rassenspektrums ab. In den nördlichen, küstennahen Regionen mit hohen Maisanteilen in der Fruchtfolge (Nordwestdeutschland, Normandie/Bretagne) liegt der Anteil der avirulenten Isolate in beiden Jahren bei über 70%. In der Oberrheinregion, mit einem traditionell hohen Maisanteil, dominierten im Jahr 2011 Isolate mit einer Virulenz für Ht1 mit einem Anteil von über 50%. Die Isolate aus den Maisanbaugebieten in Südwestfrankreich und dem Inntal in Süddeutschland bzw. Österreich sind je mit einer Häufigkeit von 30% virulent auf Ht1 und Ht3. In der südfranzösischen Region sind zudem 25% der Isolate virulent auf HtN, was ein Alleinstellungsmerkmal für diese Region in Europa darstellt. Vor dem Hintergrund dieser Informationen wird deutlich, dass regional bereits Wirksamkeitsverluste einzelner Resistenzgene auftreten, insbesondere für das Resistenzgen Ht1 in der Oberrheinregion. Für die Vermeidung von Epidemien durch die Turcicum Blattdürre ist es daher wichtig diverse monogene Resistenzen in der Maiszüchtung zu berücksichtigen und zudem quan-

titative Resistenzen in den Zuchtprogrammen zu nutzen, um die Überwindung der monogenen Resistenzen zu bremsen.

44-7 - Smart breeding und Nutzung des Genpools von Wildarten zur Verbesserung der Krankheitsresistenz von Kartoffeln

Smart breeding and exploitation of the gene pool from wild species for the improvement of disease resistance in potato

Janine König, Marion Nachtigall², Ramona Thieme², Jörg Schubert

Julius Kühn-Institut, Institut für die Sicherheit biotechnologischer Verfahren bei Pflanzen

²Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen

Die Kartoffel ist eine Kulturart mit vielfältigen Verwendungsmöglichkeiten sowie hohem Wert schöpfungspotential. Das JKI leistet einen Beitrag zu ihrer kontinuierlichen züchterischen Verbesserung, wobei besondere Aufmerksamkeit auf die erhöhte Widerstandskraft gegen Krankheiten und Schädlinge gelegt wird. Bedeutsame Schaderreger der Kartoffel sind das Kartoffelvirus Y (*potato virus Y*, PVY) und der Oomycet *Phytophthora infestans* (Pi), der Erreger der Kraut- und Knollenfäule. Um das Resistenzniveau gegen diese Phyto-pathogene nachhaltig zu verbessern und eine dauerhafte Resistenz zu gewährleisten, müssen sowohl die genetische Basis der Kulturkartoffel durch die Überführung von Resistenzgenen aus dem umfangreichen Wildkartoffel-Genpool erweitert als auch bereits genutzte Resistenzgene pyramidiert werden. Dazu werden Kreuzungsnachkommen mit co-dominanten Markern auf das Vorhandensein putativer Resistenzgene getestet und anschließend auf epistatische bzw. additive Effekte in ihrem Resistenzverhalten untersucht.



Abb. 1 Die diploide Wildart *Solanum tarnii* aus der Serie *Pinnatisecta* mit Inkompatibilität zur Kulturkartoffel

Die mexikanische Wildart *Solanum tarnii* Hawkes et Hjerting (Abb. 1) wurde durch Nachweis einer extremen PVY-Resistenz als relevante Genressource identifiziert. Eine F₂-Population wurde erzeugt, bei der ein Spaltungsverhältnis von 58 resistenten zu 22 PVY-anfälligen Linien vorliegt. Unter Anwendung der Diversity Array Technologie® (DART) und durch den Einsatz von SSR-Markern wurde eine detaillierte genetische Karte erstellt, in der insgesamt 3.426 Marker den 12 Kopplungsgruppen zugeordnet werden konnten. Anhand dieser Karten und der entsprechenden phänotypischen Daten wurden drei Resistenzgene auf den Chromosomen III, V und XII identifiziert. Von diesen drei Kopplungsgruppen ist bisher nur auf dem Chromosom XII das Resistenzgen *Ry_{sto}* (Song et al. 2005) gegen PVY bekannt. In weiteren Untersuchungen sollen das Markerintervall verkürzt und diagnostische Marker abgeleitet werden, um eine markergestützte Selektion zu ermöglichen.

Literatur

Song Y.S., L. Hepting, G. Schweizer, L. Hartl, G. Wenzel, A. Schwarzfischer, 2005: Mapping of extreme resistance to PVY (*Ry_{sto}*) on chromosome XII using anther-culture-derived primary diploid potato lines. *Theor. Appl. Genet.* **111**, 879-887.

44-8 - Neue Ansätze für eine effizientere Resistenzzüchtung bei Reben

New approaches for increasing efficiency of grapevine resistance breeding

Rudolf Eibach, Reinhard Töpfer

Julius Kühn Institut, Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof

Die jetzt schon über viele Jahrzehnte intensiv verfolgte Resistenzzüchtung in Deutschland hat mittlerweile zu beachtlichen Erfolgen geführt. Zwischenzeitlich sind eine Reihe von Sorten mit guten Resistenzeigenschaften und verbesserten Qualitätseigenschaften am Markt verfügbar. Neue Perspektiven ergeben sich durch die in jüngster Zeit erzielten immensen Fortschritte auf dem Gebiet der Genetik der Rebe. Mittlerweile ist eine Reihe von Genorten mit wichtigen Eigenschaften bekannt, die mit molekularen Markern bereits in einem sehr frühen Entwicklungsstadium identifiziert werden können. Speziell für die beiden wichtigsten Pilzkrankheiten, den echten und den falschen Mehltau, sind jeweils mehrere Resistenzloci bekannt, deren Erbgang mittels markergestützter Selektion (MAS) erfasst werden kann. Auf diese Weise können bereits in einem frühen Entwicklungsstadium die Sämlinge auf das Vorhandensein der einzelnen Resistenzloci getestet werden. Unmittelbar für die Sortenzüchtung nutzbare Resistenzen sind für den Falschen Mehltau die Loci Rpv1 (Merdinoglu et al. 2003), Rpv3.1 Welter et al. 2007, Bellin et al. 2009), Rpv3.2, Rpv10 (Schwander et al. 2012) und Rpv12 (Venuti et al. 2013). Resistenztests an Genotypen mit jeweils einem der aufgeführten Resistenzloci zeigen, dass der Grad der Resistenz für die einzelnen Resistenzgenorte unterschiedlich ist. Die stärkste Resistenzausprägung wird durch Rpv12 erzielt, während Rpv3.1 und Rpv3.2 die geringste Resistenzausprägung aufweist. Wie die Ergebnisse zeigen, kann durch die Kombination von verschiedenen Resistenzgenorten eine Steigerung des Resistenzgrades erzielt werden. Die in die Untersuchungen einbezogenen Resistenzloci gehen auf verschiedene Wildarten aus unterschiedlichen Verbreitungsgebieten zurück. Es kann daher vermutet werden, dass die zugrunde liegenden Resistenzmechanismen sich ebenfalls unterscheiden. Somit ist durch die Kombination verschiedener Resistenzen nicht nur ein erhöhter Resistenzgrad sondern auch eine höhere Stabilität der Resistenz zu erwarten.

Literatur

- BELLIN, D., E. PERRISSOTTI, D. MERDINOGLU, S. WIEDEMANN-MERDINOGLU, A.-F. ADAM-BLONDON, G. CIPRIANI, M. MORGANTE 2009: Resistance to *Plasmopara viticola* in grapevine 'Bianca' is controlled by a major dominant gene causing localised necrosis at the infection site. *Theor. Appl. Genet.* **120**, 163-176.
- MERDINOGLU, D., S. WIEDEMANN-MERDINOGLU, P. COSTE, V. DUMAS, S. HAETTY, G. BUTTERLIN, C. GREIF 2003: Genetic Analysis of Downy Mildew Resistance Derived from *Muscadinia rotundifolia*. *Acta Horticulturae* Number 603; Proceedings of the Eighth International Conference on Grape Genetics and Breeding 451-456.
- SCHWANDER, J., R. EIBACH, I. FECHTER, L. HAUSMANN, E. ZYPRIAN, R. TÖPFER 2012: *Rpv10*: a new locus from the Asian *Vitis* gene pool for pyramiding downy mildew resistance loci in grapevine. *Theor. Appl. Genet.* **124**:163-176.
- Venuti, S., D. Copetti, S. Foria, L. Falginella, S. Hoffmann, D. Bellin, P. Cindric, P. Kozma, S. Scalabrin, M. Morgante, R. Testolin 2013: Historical Introgression of the Downy Mildew Resistance Gene *Rpv12* from the Asian Species *Vitis amurensis* into Grapevine Varieties. *PLoS one* **ISSN** 1932-6203 (Electronic)