

## Auftreten von *Plasmodiophora brassicae* als Erreger der Kohlhernie im Winterrapsanbau in Europa sowie Identifizierung, Charakterisierung und molekulare Kartierung neuer Kohlhernieresistenzgene aus genetischen Ressourcen

Wolfgang Lüders<sup>1</sup>, Stefan Abel<sup>1</sup>, Wolfgang Friedt<sup>2</sup>, Doris Kopahnke<sup>3</sup>, Frank Ordon<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Limagrain GmbH, <sup>2</sup>Justus-Liebig-Universität Giessen, <sup>3</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz

wolfgang.lueders@jki.bund.de

Mit einem zunehmenden Rapsanteil in der Fruchtfolge gewinnt der Erreger der Kohlhernie (*Plasmodiophora brassicae*) in Europa an Bedeutung. Der Befall führt im Wurzelbereich zur Ausbildung von knollenartig verdickten Gallen, die zur Zerstörung der Wurzeln und Leitgefäße führen. In jedem Jahr entstehen dadurch massive Schäden im Winterrapsanbau. Das Pathogen ist aufgrund seiner Biologie als obligat biotropher Protist standorttreu und kann nur durch Bodenpartikel verbreitet werden. Der problematische Aspekt ist die Persistenz des Erregers im Boden. Flächen mit starker Kohlhernie-Kontamination werden v.a. in Nord- und Nordostdeutschland sowie in einigen Regionen Frankreichs und Englands mit zunehmender Tendenz nachgewiesen.

Bekämpfungsmöglichkeiten durch Fungizide sind nicht bekannt. Somit ist der Anbau von Winterraps auf kontaminierten Flächen nur möglich, wenn resistente Sorten zum Einsatz kommen. Die gezielte Nutzung der genetischen Variabilität zur Erstellung von resistentem Ausgangsmaterial für die Pflanzenzüchtung stellt gerade in Anbetracht der Tatsache, dass dem praktischen Anbau aktuell nur eine einzige resistente Winterrapssorte zur Verfügung steht, einen für die Landwirtschaft äußerst wichtigen Forschungsansatz dar.

Resistente Genotypen sind in Kohl

(*Brassica oleracea*), Rübsen (*B. rapa*) sowie im Raps (*B. napus*) bekannt. In diesem Projekt sollen Rapssorten und mit dem Raps eng verwandte Steckrübensorten (*B. napus ssp. napobrassica*) als Resistenzdonoren dienen. Die ersten phänotypischen Untersuchungen dienten dazu, diverse Genotypen mit verschiedenen Isolaten zu analysieren. Dabei erwiesen sich einige Rapssorten, wie z.B. TOSCA oder die Steckrübensorte WILHELMSCBURGER, als resistent gegenüber der Mehrheit der getesteten Isolate.

Da Unterschiede in der Virulenz des Erregers je nach Herkunft zwar bekannt sind, aber bisher kaum untersucht wurden, werden zunächst mittels eines Differentialsortiments (European Clubroot Differential Set) unterschiedliche Virulenzen in einem europaweit gesammelten Sortiment identifiziert. Die laufenden Arbeiten geben erste Hinweise darauf, dass je nach Herkunftsregion unterschiedliche Pathotypen gefunden werden.

Aus ausgewählten Resistenzdonoren werden anschließend spaltende Populationen (RILs und DHs) erstellt, die in Gewächshausprüfungen phänotypisiert und mit einem SNP-Marker-Set genotypisiert werden, so dass sie anschließend über entsprechend eng gekoppelte Marker für die moderne Pflanzenzüchtung nutzbar sind.