

4 2 8

Julius-Kühn-Archiv

57. Deutsche Pflanzenschutztagung

6. - 9. September 2010
Humboldt-Universität zu Berlin

- Kurzfassungen der Beiträge -



im Rahmen eines dreijährigen Projekts geeignete Screeningmethoden für die Resistenzbewertung im Gewächshaus und auf dem Feld entwickelt. Im Feld wurden 28 Genotypen eingesetzt, an denen unterschiedliche Feldinokulationsmethoden erprobt wurden. Ohne Erfolg war die Inokulation mittels einer Myzelsuspension im Versuchsjahr 2007/08. Dagegen konnte der Infektionsdruck auf den Versuchsfeldern an den Standorten Göttingen, Peine und Malchow/Poel in den nachfolgenden Jahren durch das Ausbringen von Sklerotien unterschiedlicher Herkunft deutlich erhöht werden. Die Bewertung der Resistenz der Genotypen erfolgte anhand der Bestimmung der Befallshäufigkeit zum Entwicklungsstadium BBCH 89. Trotz der relativ starken Witterungsabhängigkeit der Inokulationsmethode ließ sich im Versuchsjahr 2008/09 am Standort Göttingen eine gute Differenzierung der Genotypen erzielen.

Um den Einfluss der Witterung auf die Bewertung der Resistenz zu minimieren und während des gesamten Jahres Untersuchungen durchführen zu können, wurde neben den Feldversuchen auch eine Screeningmethode für das Gewächshaus entwickelt. Hierbei werden die Einzelpflanzen, mit einem myzelüberwachsenen Agarplug in einer Blattachsel künstlich inokuliert, ohne die Pflanze zu verwunden. Die Resistenz wird anhand des Wachstums der Läsion am Stängel über die Zeit beurteilt. Mit dieser Methode wurden *Brassica*-Wildarten sowie chinesische Rapsorten auf ihre Resistenz mit dem Ziel getestet, mögliche Resistenzquellen zu erschließen.

Schließlich wurde eine Screeningmethode für das Labor entwickelt, die es erlaubt eine große Anzahl an Genotypen in einer sehr kurzen Zeit und zu einem sehr frühen Entwicklungsstadium zu bewerten. Diese Methode beruht auf der Reaktion von Blattmaterial auf Oxalsäure, einem wichtigen Pathogenitätsfaktor von *S. sclerotiorum*. In diesem Ansatz werden die Zellmembranen des Blattgewebes durch Zugabe von bis zu 2 mM Oxalsäure gestresst, so dass es je nach Schädigungsgrad zu unterschiedlich starkem Austritt von Ionen aus den Zellen kommt. Anhand des Ioneneffluxes, der durch die Änderung der Leitfähigkeit der Lösung gemessen werden kann, wird somit die Reaktion des Blattgewebes auf diesen wichtigen Pathogenitätsfaktor des Pilzes bestimmt. Diese steht in einem engen Zusammenhang mit der im Gewächshaus ermittelten Resistenz der Genotypen.

18-4 - Lange, R.¹⁾; Rimmer, S.R.²⁾; Lydiate, D.²⁾; Kuzmicz, S.²⁾; Goßmann, M.³⁾; Büttner, C.³⁾

¹⁾ Alberta Innovates – Technology Futures; ²⁾ Agriculture and Agri-Food Canada, Saskatoon Research Centre;

³⁾ Humboldt-Universität zu Berlin

Linkage of Resistance to *Fusarium* Wilt (*Fusarium oxysporum*) in spring rapeseed (*Brassica napus*) with microsatellite markers

Fusarium Wilt (FW), caused by *Fusarium oxysporum* can cause yield losses of up to 30 % [1] in summer rapeseed (*Brassica napus*) in Canada [2]. The use of FW-resistant cultivars can improve the yield of summer rapeseed in fields where disease pressure is high by over 75 % [1]. FW-resistant and susceptible cultivars or breeding lines can be discriminated with growth chamber and field screening techniques [1]; use of these techniques allows the removal of susceptible germplasm from rapeseed breeding programs. However, this approach precludes introgression of desirable traits from or into FW-susceptible genotypes. Linkage of FW resistance to DNA-based genetic markers would allow rapeseed breeders to directly infer the genotype of very young plants and avoid time delays caused by phenotype testing, and simultaneously avoid confounding effects of genotype × environment interactions.

The mode of inheritance of FW-resistance is unknown, and has not been associated with molecular markers. Therefore we set out to infer the mode of inheritance and identify microsatellite markers linked to FW-resistance. The cultivars 'DH12075' (FW-resistant) and 'Canterra 1604' (FW-susceptible) were reciprocally crossed. The *Fusarium oxysporum* – *B. napus* interaction phenotypes of the parent plants and the F1 and F3 progeny was determined in controlled environment tests. 'Canterra 1604' and 'SP Banner' seedlings were included as susceptible and resistant controls, respectively. F3 phenotypic data were used to infer whether the F2 plants from which each F3 line was derived was homozygous resistant or susceptible (i.e. no segregation among F3 plants) or heterozygous (i.e. F3 plants segregating for both resistance and susceptibility). Phenotype tests of the parental genotypes confirmed that 'DH12075' was resistant, and 'Canterra 1604' was susceptible to *Fusarium* Wilt. Segregation ratios of F1 plants from reciprocal crosses were similar, suggesting that FW-resistance is not affected by cytoplasmic factors. Segregation between F3 lines was tested for fit to a monogenic dominant model, and chi-squared tests were used to test goodness-of-fit to the expected 3 : 1 resistant (R) : susceptible (S) F2 segregation ratio. Both reciprocal crosses fit the expected 3R : 1S ratio individually and when combined, suggesting that resistance in *B. napus* cv. 'DH12075' is controlled by a single dominant gene for resistance to FW.

Screening of primers distributed at 5cM intervals on the Agriculture and Agri-Food Canada *B. napus* consensus map revealed no polymorphic markers in linkage groups 10, 11, 13, 14, 15, 17, 18 and 19 of the *B. napus* C-genome that could be associated with FW resistance. Assessment of the A genome indicated that microsatellite markers sR0404 and sR9448 were associated with the resistant phenotype. In this study we identified FW-

resistance in *B. napus* as a single locus mapping to A-3 linkage group. Genetic analysis of FW resistance in *B. napus* has not been conducted previously, but resistance has been associated with *B. rapa* [3] which is ancestral to *B. napus*. *B. oleracea* Resistance to *F. oxysporum* has been characterized in *B. oleracea* [4, 5], the other *B. napus* ancestor, suggesting that additional, as-yet unidentified resistance to FW may be available on the *B. napus* C-genome.

Literatur

- [1] Lange, R.M., Gossmann, M., & Büttner, C. 2007. Yield loss in susceptible cultivars of spring rapeseed due to *Fusarium* wilt caused by *Fusarium oxysporum*. *Comm. Agr. Appl. Biol. Sci.* 72: 723-734.
- [2] Dmytriw, W. & Lange, R.M. 2005. Survey of canola diseases in Alberta, 2004. *Can. Plant Dis. Surv.* 85: 65-71.
- [3] Fjellstrom, R.G. & Williams, P.H. 1997. *Fusarium yellows* and *turnip mosaic virus* resistance in *Brassica rapa* and *B. juncea*. *HortScience* 32: 927-93.
- [4] Blank, L.M. 1937. *Fusarium* resistance in Wisconsin All Seasons cabbage. *J. Agric. Res.* 55: 497-510.
- [5] Blank, L.M. & Walker, J.C. 1933. Inheritance of *Fusarium* resistance in brussels sprouts and kohlrabi. *J. Agric. Res.* 46: 1015-1022.

18-5 - Pinnschmidt, H.O.

University of Aarhus

Das mlo-Gen und die *Ramularia*-Anfälligkeit von Sommergerstensorten

The mlo gene and the susceptibility of spring barley cultivars to *Ramularia* leaf spot

Unter natürlichen Infektionsbedingungen und ohne Fungizideinsatz gewonnene mehrjährige Feldversuchsdaten von mehr als 20 Standorten in Dänemark zeigten einen hochsignifikanten Zusammenhang zwischen dem Vorhandensein von mlo-Resistenz gegenüber Mehltau in Sommergerstensorten und deren apparenten Anfälligkeit gegenüber *Ramularia*-Blattflecken. Sorten mit mlo wiesen bei vergleichbarem RLS-Befallsdruck ca. 50 % höheren RLS-Befall auf als Sorten ohne mlo.

Es wurde geprüft, ob dieser Zusammenhang eine Scheinkorrelation darstellt, verursacht durch den von Mehltau und anderen Krankheiten ausgeübten erheblichen Befallsdruck, der mit sortenspezifischen Resistenzeigenschaften interagiert und die Expression der eigentlichen *Ramularia*-Resistenz möglicherweise verfälscht. So haben künstlich mit *Ramularia* inokulierte und vor anderen Krankheiten durch Fungizide geschützte Feldversuche gezeigt, dass mlo-Sorten, bei gleicher Inokulummenge, tatsächlich wesentlich höheren Ramulariabefall aufweisen als Sorten, die keine mlo-Resistenz gegen Mehltau besitzen. Dies spiegelt sich auch im Gehalt an *Ramularia*-DNA in den Blättern wider, nachgewiesen durch real-time PCR. Außerdem wiesen mlo-Sorten eine höhere Befallsstärke pro Menge an *Ramularia*-DNA in den Blättern auf als Sorten ohne mlo.

Die genetischen Zusammenhänge zwischen dem Vorhandensein des mlo-Gens und der *Ramularia*-Anfälligkeit von Sommergerstensorten werden in Kooperation mit der Universität Kopenhagen untersucht.

Literatur

- [1] Pinnschmidt HO, Sindberg SA, 2007. Expression of resistance of barley varieties to *Ramularia* leaf spot and the status of the disease in Denmark. In *Ramularia collo-cygni: a new disease and challenge in Barley production*, pp. 85-93. Eds B Koopmann, S Oxley, A Schützendübel and A von Tiedemann. Göttingen, Germany: Georg-August-University.
- [2] Pinnschmidt HO, Sindberg SA, 2009. Assessing *Ramularia* leaf spot resistance of spring barley cultivars in the presence of other diseases. *Aspects of Applied Biology* 92, The 2nd European *Ramularia* workshop – A new disease and challenge in barley production, pp. 71-80.

18-6 - Rodemann, B.

Julius Kühn-Institut

Untersuchungen zur Anfälligkeit von Sommergerstengenotypen gegenüber *Fusarium* sp. in der Ähre

Investigations for susceptibility of spring barley genotypes against *Fusarium* head blight

Diskussionen um das Auftreten von Ährenfusariosen und die damit verbundene Mykotoxinbelastung des Erntegutes werden mittlerweile in verschiedenen Getreidearten geführt. Auf der Basis der geltenden EU-VO 1881/2006 und 1126/2007 wurden Höchstmengen für verschiedene Fusariumtoxine festgelegt. Aktuell wird über entsprechende Grenzwerte für die T2 / HT-2-Toxine aus der Gruppe der Trichothecene diskutiert. Da Sommergerste und deren Ernteprodukte vielfach für Brauzwecke und auch für die Futtermittelherstellung verwendet werden, gilt es im