
Sektion 3

Resistenzzüchtung / Widerstandsfähigkeit

03-4 - Nachhaltigkeit in der Kartoffelproduktion durch Prebreeding zur Steigerung der Krankheitsresistenz

Enhanced Sustainability in Potato Production via Pre-Breeding for Disease Resistance

Thilo Hammann¹, Kerstin Lindner²

¹ Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, thilo.hammann@julius-kuehn.de

² Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Einleitung

Die Kartoffel (*Solanum tuberosum*) ist eine Kulturart, die mit ihrer günstigen Komposition an Inhaltsstoffen wesentlich zur Sicherung der Welternährung beiträgt. Durch sich verändernde Umweltbedingungen und die wachsende Gefährdung durch zunehmend aggressive oder neue Schaderreger, bei gleichzeitig fortschreitender Einengung der Spielräume für den chemischen Pflanzenschutz durch gesellschaftliche und agrarpolitische Entwicklungen, sehen sich Produzenten, Züchter und Agrarforscher wachsenden Herausforderungen gegenüber.

Die Kraut- und Knollenfäule (*Phytophthora infestans*, *P.i.*) ist die größte Bedrohung für eine nachhaltige Kartoffelproduktion, diese Krankheit verursacht jährlich weltweit Schäden in Milliardenhöhe (Haverkoort et al. 2008). Dominante R-Gene aus *Solanum demissum* brachten nur kurzzeitigen Erfolg im Kampf gegen diesen Schaderreger. Unser Ziel ist die Evaluierung und Erschließung pflanzengenetischer Ressourcen mit genetisch breit angelegter, quantitativer *P.i.*-Resistenz und guten Qualitätseigenschaften, um eine umweltverträglichere Kartoffelproduktion mit reduziertem Fungizideinsatz und geringeren Produktionskosten zu ermöglichen.

Material und Methoden

JKI-Prebreeding-Stämme und Vergleichssorten wurden mehrjährig in einem Feldversuch mit Inokulation sowie mit verschiedenen Labortests in ihrer Anfälligkeit gegen die Kraut- und Knollenfäule geprüft (Hammann et al. 2009). Reifezeit, Ertrag, Qualität und Nassfäulereaktion wurden in separaten Versuchen bestimmt.

Ergebnisse

Verschiedene JKI-Stämme der frühen bis mittelfrühen Reifegruppe wiesen in mehrjährigen Feldversuchen niedrige Δ -rAUDPC-Werte auf. Dies demonstriert den Fortschritt in der Züchtung auf *P.i.*-Resistenz, ebenso wie die Überwindung der Korrelation zwischen geringem Befall und später Abreife. Der Blatttest im Labor lieferte ähnliche Ergebnisse. Einige Zuchtstämme zeigten zudem eine geringe Anfälligkeit gegen Nassfäule und gute Qualitätseigenschaften.

Die Ergebnisse zeigen das hohe Potenzial dieser erst teiladaptierten genetischen Ressourcen als Resistenzdonoren.

Literatur

Hammann, T., R. Thieme, B. Truberg, 2009: Improving resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) by using interspecific crosses in potato (*Solanum tuberosum* Ssp.). In: Crop Plant Resistance to Biotic and Abiotic Factors. Feldmann F., D. V. Alford, C. Furk, Braunschweig, Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft, 407–414.

Haverkort A. J., P. M. Boonekamp, R. C. B. Hutten, E. Jacobsen, L. A. P. Lotz, G. J. T. Kessel, R. G. F. Visser, E. A. G. van der Vossen, 2008: Societal costs of late blight in potato and prospects of durable resistance through cisgenetic modification. *Potato Res.* 51 (1), 47–57.

03-5 - Hyperspektrale und Genexpressions-Analysen von Resistenzreaktionen gegenüber Pflanzenkrankheiten

Hyperspectral and gene expression profiling of plant disease resistance

Matheus Thomas Kuska, Mirwaes Wahabzada, Stefan Thomas, Sina Tüffers, Heinz-Wilhelm Dehne, Ulrike Steiner, Erich-Christian Oerke, Anne-Katrin Mahlein

Universität Bonn, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz, Phytomedizin - Abteilung Pflanzenkrankheiten, Meckenheimer Allee 166 a, 53115 Bonn, mkuska@uni-bonn.de

Hyperspektrale Verfahren finden zurzeit vielfältige Anwendungen für die Erfassung von Pflanzenkrankheiten (Mahlein *et al.*, 2016). Darüber hinaus haben sie auch ein Potential zur Erfassung spezifischer Wirt-Pathogen-Interaktionen und pflanzliche Abwehrmechanismen (Leucker *et al.*, 2016). Um diese Erkenntnisse für die Züchtungsforschung effizienter zu machen, ist eine Verknüpfung von phänotypischen Sensordaten mit molekularbiologischen Untersuchungen wünschenswert.

Die aus den kompatiblen und inkompatiblen Wirt-Pathogen-Interaktionen, resultierenden spektralen Reflexionen konnten mithilfe von parallel durchgeführten Untersuchungen zur Genexpressionsanalyse interpretiert werden. Dies ermöglichte eine Unterscheidung der Genotypen schon wenige Stunden bis Tage nach der Inokulation mit einem pilzlichen Erreger. Als Modellsystem zur Differenzierung von Resistenzreaktionen wurden *mlo3*- und *Mla1*-resistente, nah-isogene Linien der Sorte Ingrid und Pallas bis 72 Stunden nach Inokulation mit *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* (*Bgh*) hyperspektral gemessen. Die Genexpression von Pathogenese- und Resistenz korrelierten Genen wurde mit einer qPCR zeitgleich analysiert und zeigten unterschiedliche Profile über den Messzeitraum. Das Muster der spektralen Signaturen der anfälligen und *mlo3*-resistenten Genotypen konnte mit der Expressierung der Seneszenzindikatoren *HvDRF* und *RuBisCo* korreliert werden. Die Expression des β -1,3-Glucanase Transkripts zeigte ebenfalls eine hohen Korrelationskoeffizienten ($r = 0,81$) mit der hyperspektralen Signaturen der inokulierten, anfälligen Gerste. Eine erhöhte Expression wurde dabei zum Zeitpunkt der Penetration, ausgehend von den Konidien und anschließend von allen epiphytisch wachsenden Hyphen von *Bgh* beobachtet. Die hyperspektrale Signatur des resistenten *Mla1* Genotypen verhält sich entgegengesetzt zu den anfälligen Gerstengenotypen über den Versuchszeitraum. Die Genexpressionsprofile zeigten dabei ebenfalls wesentliche Unterschiede in der Resistenzantwort und den Zellsignalen.

Diese Erkenntnisse bilden die Grundlage für eine hyperspektrale Phänotypisierung des Genotyps in der Resistenzzüchtung.

Literatur

Leucker M., Mahlein A.-K., Steiner U., Oerke E.-C., 2016. Improvement of lesion phenotyping in *Cercospora beticola*-sugar beet interaction by hyperspectral imaging. *Phytopathology* 2,177-184.

Mahlein A.-K., 2016. Plant disease detection by imaging sensors – parallels and specific demands for precision agriculture and plant phenotyping. *Plant Disease* 100 (2),241-251.

4 5 4

Julius-Kühn-Archiv

60. Deutsche Pflanzenschutztagung

20. - 23. September 2016

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

- Kurzfassungen der Vorträge und Poster -



Programmkomitee der 60. Deutschen Pflanzenschutztagung:

- **Dr. Georg F. Backhaus (Vorsitzender)**
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Quedlinburg
- **Prof. Dr. Carmen Büttner**
Humboldt-Universität zu Berlin
- **Friedel Cramer**
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Bonn
- **Prof. Dr. Holger B. Deising**
Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft e. V.
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
- **Prof. Dr. Bernward Märländer**
Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften
Institut für Zuckerrübenforschung, Göttingen
- **Prof. Dr. Frank Ordon**
Gesellschaft für Pflanzenzüchtung
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Quedlinburg
- **Dr. Günther Peters**
Industrieverband Agrar e. V., Frankfurt
- **Dr. Karola Schorn**
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Bonn
- **Dr. Ursel Sperling**
Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau Sachsen-Anhalt, Bernburg

Geschäftsstelle:

- **Cordula Gattermann, Pamela Lemke,
Dr. Holger Beer, Christine Sander**
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Foto Titelseite:

<https://pixabay.com/>

Deutsche Pflanzenschutztagung
Messeweg 11/12
38104 Braunschweig
Tel.: 0531 299-3202 und -3201
Fax: 0531 299-3001
E-Mail: info@pflanzenschutztagung.de
www.pflanzenschutztagung.de

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation
In der Deutschen Nationalbibliografie: detaillierte bibliografische
Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

ISSN 1868-9892
ISBN 978-3-95547-035-7
DOI 10.5073/jka.2016.454.000



Alle Beiträge im Julius-Kühn-Archiv sind unter einer
Creative Commons - Namensnennung - Weitergabe unter gleichen Bedingungen -
4.0 Lizenz veröffentlicht.