Kornertrag je Ähre, Tausendkornmasse, Pilzbesatz mit *Fusarium* spp. (mit Real–time PCR) und die DON–Belastung (ELISA) im Erntegut erfasst.

Die Detailuntersuchungen zum anfälligen Entwicklungsstadium ließen auf eine erhöhte Anfälligkeit gegenüber *Fusarium graminearum* zum Blühbeginn (BBCH 61) schließen. Mehrzeilige Wintergerstensorten wiesen eine wesentlich geringere Resistenz gegenüber *Fusarium culmorum* auf als zweizeilige Sorten. Außerdem wurden sehr enge Beziehungen zwischen dem visuellen Ährenbefall, dem Pilzbesatz und der DON–Belastung ermittelt. Bei den mehrzeiligen Wintergerstensorten zeigte Candesse in beiden Versuchsjahren die höchsten Werte über alle erfassten Parameter. Als hoch anfällig wurden außerdem die mehrzeiligen Sorten Traminer, Carola, Lomerit, Alissa und Bayava eingestuft. Dagegen wies die zweizeilige Sorte Duet die geringsten Werte auf, was einen hohen Resistenzgrad andeutet. Zu den weniger anfälligen Sorten können außerdem die zweizeiligen Sorten Goldmine, Jasmin, Advance, Reni, Kyoto, Affair, Camera, Verticale und Bistro sowie die mehrzeiligen Sorten Ludmilla, Elbany und Franziska gezählt werden.

Unter natürlichen Befallsbedingungen wurden bei Wintergerste bisher nur sehr geringe Befallswerte bzw. Kornbelastungen festgestellt. Daher ist die Gefahr des Auftretens von fusariumbelasteten Wintergerstenpartien und eine dadurch eingeschränkte Nutzbarkeit nach aktuellen Erkenntnissen nicht gegeben.

37–3 – Scholz, M.[1]; Ruge-Wehling, B.[1]; Habekuß, A.[2]; Schrader, O.[3]; Große, E.[4]; Flath, K.[5]; Wehling, P.[1]

[1] Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Institut für landwirtschaftliche Kulturen
[2] Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Institut für Epidemiologie und Resistenzressourcen
[3] Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Institut für gartenbauliche Kulturen
[4] Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Nematologie und Wirbeltierkunde
[5] Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Erschließung des sekundären Genpools der Gerste zur Übertragung von Resistenzen gegen Pathogene

Utilization of the secondary gene pool of *Hordeum* for the transfer of resistances to pathogens

Die Wildgerste *Hordeum bulbosum* zeichnet sich durch zahlreiche wertvolle Resistenzen gegenüber biotischen und abiotischen Stressfaktoren aus. Durch Anwendung der Embryokultur konnten die zwischen *H. bulbosum* und *H. vulgare* bestehenden Kreuzungsbarrieren überwunden werden. Reziproke Kreuzungen auf dem 2x × 4x und 4x × 4x–Ploidieniveau führten zu zahlreichen triploiden (2n = 3x = 21) und tetraploiden (2n = 4x = 28) Kreuzungsnachkommen. Die Anzahl der Kreuzungsnachkommen war von der verwendeten *H. bulbosum*–Akzession, dem *H.vulgare*–Genotyp sowie der Kreuzungsrichtung abhängig. Nach genomischer *In situ*–Hybridisierung wurden in den Pollenmutterzellen der interspezifischen Hybriden Multivalentbildungen zwischen einzelnen *H. vulgare*- und *H. bulbosum*-Chromosomen nachgewiesen. Der Hybridcharakter der Nachkommen wurde mit Hilfe von STS–Markern (Sequence Tagged Site) verifiziert. In Resistenztests wurden triploide und tetraploide Arthybriden mit Resistenz gegenüber dem Gelbverzwergungsvirus (Barley yellow dwarf, BYDV), dem Komplex der bodenbürtigen Gelbmosaikviren (BAMMV, BaYMV–1, –2) und gegenüber Zwergrost ermittelt. Einige Hybriden zeichneten sich durch kombinierte Resistenzen gegenüber den Getreidezystennematoden *Heterodera avenae* und *Heterodera filipjevi* und gegenüber 26 Isolaten des Mehltaus (*Erysiphe graminis*) aus.

Nach wiederholten Rückkreuzungen resistenter Hybridpflanzen mit diploider Kulturgerste und Selbstungen der Rückkreuzungsnachkommen wurden diploide BYDV–resistente Pflanzen erzeugt. Genomische *In situ*–Hybridisierungen (GISH) dienten zum Nachweis von *H. bulbosum*–Chromatin in Rückkreuzungsnachkommen. Die resistenten Pflanzen wiesen Introgressionen von *H. bulbosum*–Chromatin an den telomeren Enden der *H. vulgare*–Chromosomen auf. Die Zahl der Introgressionen variierte von eins bis sieben. Nach mehrfach künstlicher Inokulation mit Blattläusen zur Übertragung des Gelbverzwergungsvirus mit dem Isolat BYDV–PAV ASL blieb auch eine diploide Pflanze virusfrei, die nur eine Introgression aufwies. Die Arbeiten werden mit dem Ziel weitergeführt, homozygote Rekombinanten zu erzeugen. Sie sollen zur genetischen Analyse und zur Entwicklung von Markern für die neue BYDV–Resistenzquelle dienen.