



Bundesministerium
für Verbraucherschutz, Ernährung
und Landwirtschaft

Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen

Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants



Ahrensburg • Aschersleben • Braunschweig • Dresden-Pillnitz

Groß Lüsewitz • Quedlinburg • Siebeldingen

Jahresbericht 2003
Annual Report

I. Aufgaben der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen

I. Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants: Assignment

Die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) ist eine nicht rechtsfähige Bundesforschungsanstalt des öffentlichen Rechts. Sie ist ein führendes nationales und internationales Forschungszentrum mit Forschungsaufgaben im Bereich der Züchtungsforschung und Pflanzenzüchtung.

Als Teil der Ressortforschung des heutigen Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) wurde sie mit Hauptsitz in Quedlinburg zum 01. Januar 1992 errichtet.

An den Standorten Ahrensburg, Aschersleben, Dresden-Pillnitz, Groß Lüsewitz, Quedlinburg sowie Siebeldingen befinden sich insgesamt 9 Institute; am Standort Braunschweig arbeitet die Gruppe „Genbank“.

Von den 387 planmäßig Beschäftigten sind 78 als Wissenschaftler tätig; dazu kommen in allen personellen Bereichen 61 Mitarbeiter mit zeitlich befristeten Aufgaben. Darüber hinaus qualifizieren sich 28 Auszubildende.

Die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen bearbeitet im Rahmen ihrer Zuständigkeit Kulturpflanzen, mit Ausnahme forstlich genutzter Gehölzpflanzen, aus der Sicht der Züchtungsforschung und Pflanzenzüchtung.

Damit ist die Bundesforschungsanstalt in der Lage, dem BMVEL für politische und administrative Aufgaben Entscheidungshilfen zu geben sowie die Umsetzung agrarpolitischer Ziele für einen gesunden Landbau und nachhaltige Landwirtschaft vorzubereiten.

Auf der Grundlage der Forschungsprofile der Institute berät die Bundesforschungsanstalt die Bundesregierung zu Themen der Züchtungsforschung und Pflanzenzüchtung, insbesondere zu den Schwerpunkten:

- gesundheitlicher Verbraucherschutz durch umfassende Produktsicherheit
- Qualität von Nutzpflanzen im Nahrungs-, Futter- und Industriebereich
- Sicherheit bei neuartigen pflanzlichen Produkten
- Schutz und nachhaltige Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen
- Züchtung von Kulturpflanzen mit optimaler Produktqualität und Resistenzen gegen Schaderreger und Schädlinge

The Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ) is a public institution without legal capacity. It is a major national as well as international centre for breeding research and plant breeding.

The Federal Centre was founded on January 1, 1992 as part of the research sector of the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL). The headquarters of BAZ are in Quedlinburg.

The BAZ comprises nine institutes located on the sites of Ahrensburg, Aschersleben, Dresden-Pillnitz, Groß Lüsewitz, Quedlinburg and Siebeldingen. A further division of BAZ, the gene bank, is situated in Braunschweig.

The BAZ currently employs a staff of 387, 78 of whom are scientists. The permanent staff is complemented by 61 employees working on short-term contracts. In addition, 28 trainees are being trained.

The activities of the BAZ are primarily concerned with breeding research conducted across the entire spectrum of cultivated plants, forest trees excepted.

This work enables the BAZ to assist the Federal Ministry in political and administrative decisions and to promote agricultural policies aimed at assuring ecologically sound farming and a sustainable agricultural production of high-quality and healthy food.

In accordance with the research profile of its various institutes, the BAZ advises the German government on issues of breeding research and plant breeding with the following priorities:

- consumer health protection through guarantee of safe plant products
- quality of plants for food, forage and industrial applications
- high safety standards for novel plant products
- conservation and sustainable use of plant genetic resources
- breeding of cultivated plants with optimal product quality and disease resistance

II. Organisation und Personal Organization and Personnel

Anstaltsleitung / Head Office

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-208 E-Mail: bafz-al@bafz.de
06484 Quedlinburg Fax: (03946) 47-202
Leiter/Head: Direktor und Professor Dr. agr. habil. Manfred **Neumann**, Dipl.-Landwirt
Pers. Referent/Pers. Assist.: Wissenschaftlicher Direktor Dr. agr. Klaus **Peter**, HS-Gartenbauingenieur

Hauptverwaltung / Administration

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-340 E-Mail: bafz-hv@bafz.de
06484 Quedlinburg Fax: (03946) 47-209
Leiter/Head: Regierungsoberamtsrat Jörg-Michael **Jahn**

Institute / Institutes

Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding

Anschrift/Address: Bornkampsweg 31 Tel.: (04102) 802-0 E-Mail: bafz-zz@bafz.de
22926 Ahrensburg Fax: (04102) 5 11 24
Leiter/Head: Direktor und Professor Univ.-Prof. Dr. rer. hort. habil. Jürgen **Grunewaldt**,
Dipl.-Gärtner

Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Priv. Doz. Dr. rer. nat. Thomas **Debener**, Dipl.-Biologe
Wissenschaftlicher Direktor Dr. rer. nat. Hinrik **Junge**, Dipl.-Chemiker
Dr. rer. nat. Annegret **Schum**, Dipl.-Biologin

Anja **Hattendorf**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt)
Dr. rer. nat. Marcus **Linde**, Dipl.-Biologe (Projekt)
Dr. rer. nat. Barbara **Merkt**, Dipl.-Biologin (Projekt bis 30.06.2003)

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics

Anschrift/Address: Theodor-Roemer-Weg 4 Tel : (03473) 879-163 E-Mail: bafz-rp@bafz.de
06449 Aschersleben Fax: (03473) 879-200
Leiter/Head: Direktor und Professor Dr. rer. nat. habil. Thomas **Kühne**, Dipl.-Chemiker

Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Wissenschaftliche Rätin Dr. rer. nat. Gudrun **Barchend**, Dipl.-Biologin
Wissenschaftlicher Rat Dr. rer. nat. Fred **Ehrig**, Dipl.-Biologe
Wissenschaftliche Rätin Dr. rer. nat. Jutta **Gabler**, Biologin
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Ute **Kastirr**, Dipl.-Agraringenieurin
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Marion **Nachtigall**, Dipl.-Biologin
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Frank **Rabenstein**, Dipl.-Biologe
Dr. rer. nat. Ernst **Reiss**, Dipl.-Chemiker
Dir. u. Prof. Dr. rer. nat. habil. Jörg **Schubert**, Dipl.-Biologe

Dr. Viktoria **Fomitcheva**, Dipl.-Biologin (Projekt)
Dr. rer. hort. Silke **Rohde**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt ab 17.02.2003)
Dr. rer. nat. Patrick **Supp**, Dipl.-Biochemiker (Projekt bis 31.12.2003)

Institut für Epidemiologie und Resistenz Institute of Epidemiology and Resistance

Anschrift/Address: Theodor-Roemer-Weg 4 Tel.: (03473) 879-171 E-Mail: bafz-er@bafz.de
06449 Aschersleben Fax: (03473) 27 09
Leiter/Head: Direktor und Professor Priv. Doz. Dr. agr. Frank **Ordon**, Dipl.-Agraringenieur

Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Antje **Habekuß**, Dipl.-Agraringenieurin
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Doris **Kopahnke**, Dipl.-Agraringenieurin
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Ilona **Krämer**, Dipl.-Biochemikerin
Wissenschaftlicher Rat Dr. rer. nat. Hans-Ulrich **Leistner**, Dipl.-Biologe
Wissenschaftlicher Direktor Dr. agr. Volker **Lind**, Dipl.-Agraringenieur
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. agr. Klaus **Richter**, Dipl.-Gartenbauingenieur
Wissenschaftlicher Direktor Dr. rer. nat. Edgar **Schliephake**, Dipl.-Biologe

Annette **Kusterer**, Dipl.-Ing. (FH) f. Gartenbau (Projekt bis 31.10.2004)
Claudia **Paetsch**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt)

Genbank Gene Bank

Anschrift/Address: Bundesallee 50 Tel.: (0531) 596-2451 E-Mail: bafz-gb@bafz.de
38116 Braunschweig Fax: (0531) 596-2457
Leiter/Head: Direktor und Professor Dr. rer. hort. Lothar **Frese**, Dipl.-Agraringenieur

Wiss.MitarbeiterInnen/Co-workers:

Dr. sc. agr. Christoph **Germeier**, Dipl.-Agraringenieur

Andreas **Adler**, Dipl.-Lehrer (Projekt bis 31.08.2003)
Konrad **Semmler**, Dipl.-Informatiker (Projekt)

Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding

Anschrift/Address: Pillnitzer Platz 3a Tel.: (0351) 2 61 62-14 E-Mail: bafz-oz@bafz.de
01326 Dresden Fax: (0351) 2 61 62-13
Leiterin/Head: Direktorin und Professorin Dr. rer. nat. habil. Viola **Hanke**, Dipl.-Biologin

Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Dr. rer. hort. Frank **Dunemann**, Dipl.-Agraringenieur
Dr. rer. hort. Christine **Grafe**, Dipl.-Agraringenieurin
Wissenschaftliche Direktorin Dr. rer. nat. Monika **Höfer**, Dipl.-Biologin
Dr. rer. hort. Klaus **Olbricht**, Dipl.-Gartenbauingenieur
Dr. agr. Andreas **Peil**, Dipl.-Agraringenieur
Wissenschaftlicher Rat Dr. agr. Mirko **Schuster**, Dipl.-Agraringenieur

Anastassija **Boudichevskaja**, Diplomagrönomin (Projekt)
Dr. agr. Henryk **Flachowsky**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt ab 01.06.2001)
Silke **Lesemann**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt)

Stefanie **Reim**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt bis 31.12.2003)
Marko **Riedel**, Dipl.-Agraringenieur

Institut für landwirtschaftliche Kulturen Institute of Agricultural Crops

Anschrift/Address: Rudolf-Schick-Platz 3a Tel.: (038209) 45-200 E-Mail: bafz-lk@bafz.de
18190 Groß Lüsewitz Fax: (038209) 45-222
Leiter/Head: Direktor und Professor PD Dr. rer. hort. Peter **Wehling**, Dipl.-Agraringenieur

Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Dr. agr. Ulrich **Darsow**, Dipl.-Landwirt
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. hort. Bernd **Hackauf**, Dipl.-Agraringenieur
Wissenschaftlicher Rat Dr. agr. Matthias **Herrmann**, Dipl.-Landwirt
Dr. agr. Hans **Lellbach**, Dipl.-Landwirt
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. sc. agr. Steffen **Roux**, Dipl.-Agraringenieur
Wissenschaftlicher Oberrat Eicke **Rudloff**, Dipl.-Agraringenieur
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. hort. Brigitte **Ruge**, Dipl.-Agraringenieurin
Wissenschaftliche Rätin Dr. rer. nat. Margret **Scholz**, Dipl.-Biologin
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Karin **Sonntag**, Dipl.-Pädagogin, FA Biologie/Chemie
Wissenschaftliche Rätin Dr. rer. nat. Ramona **Thieme**, Dipl.-Biologin

Philipp **Ackermann**, Dipl. Agrarökologe (Projekt ab 28.04.2003)
Dr. rer. nat. Thomas **Bringezu**, Dipl.-Chemiker (Projekt bis 31.08.2003)
Leonhard **Krause**, Dipl.-Biologe (DFG-Projekt bis 28.02.2003)
Dr. Youping **Wang**, Magister in Biologie (Projekt)
Jianzhong **Yu**, Magisterin in Biologie (Projekt ab 10.02.2003)

Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials

Anschrift/Address: Rudolf-Schick-Platz 3 Tel.: (038209) 45-100 E-Mail: bafz-sr@bafz.de
18190 Groß Lüsewitz Fax: (038209) 45-120
Leiter/Head: Direktor und Professor Prof. Dr. rer. nat. habil. Wilhelm **Flamme**, Dipl.-Chemiker

Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Wissenschaftliche Direktorin Dr. agr. Christiane **Balko**, Dipl.-Agraringenieurin
Wissenschaftliche Oberrätin Gisela **Jansen**, Dipl.-Chemikerin
Dr. rer. nat. Hans-Ulrich **Jürgens**, Dipl.-Chemiker
Direktorin und Professorin Dr. rer. nat. Sylvia **Seddig**, Dipl.-Chemikerin
Wissenschaftliche Direktorin Dr. Ing. Christina **Wegener**, Dipl.-Ingenieurin

Christiane **Kurpjun**, Dipl.-Agrarökologin (Projekt bis 31.12.2003)

Institut für gartenbauliche Kulturen Institute of Horticultural Crops

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-577 E-Mail: bafz-gz@bafz.de
06484 Quedlinburg Fax: (03946) 47-579
Leiter/Head : Direktor und Professor Dr. agr. Günter **Schumann**, Dipl.-Gartenbauingenieur

Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Dr. rer. nat. Richard **Ahne**, Dipl.-Ingenieur
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Holger **Budahn**, Dipl.-Biologe
Direktorin und Professorin Dr. rer. nat. Evelyn **Klocke**, Dipl.-Biologin

Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Reiner **Krämer**, Dipl.-Biologe
Dr. agr. Frank **Marthe**, Dipl.-Agraringenieur
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. agr. Thomas **Nothnagel**, Dipl.-Agraringenieur
Priv. Doz. Dr. agr. habil. Friedrich **Pank**, Dipl.-Gärtner
Direktor und Professor Dr. agr. habil. Herbert **Peterka**, Dipl.-Gartenbauingenieur
Dr. nat. habil. Ulrich **Ryschka**, Dipl.-Biologe
Dr. rer. nat. Paul **Scholze**, Dipl.-Landwirt
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. agr. Otto **Schrader**, Dipl.-Agraringenieur

Dr. rer. nat. Ute **Kästner**, Dipl.-Biologin (Projekt)
Steffi **Mewes**, Dipl.-Biologin (Projekt)
Dr. agr. Albrecht **Pfefferkorn**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt)

Institut für Pflanzenanalytik Institute of Plant Analysis

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-259 E-Mail: bafz-qa@bafz.de
06484 Quedlinburg Fax: (03946) 47-234
Leiter/Head: Direktor und Professor Dr. rer. nat. Hartwig **Schulz**, Dipl.-Chemiker

Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Direktorin und Professorin Dr. rer. nat. Edelgard **Hoberg**, Dipl.-Chemikerin
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Hans **Krüger**, Dipl.-Chemiker
Dr. rer. nat. Rolf **Quilitzsch**, Dipl.-Physiker
Dr. rer. nat. Wolfgang **Schütze**, Dipl.-Chemiker
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Petra **Straka**, Dipl.-Biologin
Wissenschaftlicher Direktor Dr. rer. nat. Detlef **Ulrich**, Dipl.-Chemiker

Dr. Malgorzata **Baranska**, Dipl.Chemikerin (DFG-Projekt ab 01.07.2003)
Katja **Borschel**, Dipl.-Ökotoxikologin (Projekt ab 01.09.2003)
Denise **Distler**, staatl. gepr. Lebensmittelchemikerin (Projekt)
Katrin **Meilchen**, Dipl.-Ökotoxikologin (Projekt bis 31.08.2003)
Dr. rer. nat. Jörg **Storsberg**, Dipl.-Chemiker (Projekt)

Roselinde **Höfer**, Fachpädagogin für Biologie und Chemie (freigestellt für Hauptpersonalrat)

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof

Anschrift/Address: Geilweilerhof Tel.: (06345) 41-114 E-Mail: bafz-rz@bafz.de
76833 Siebeldingen Fax: (06345) 919050
Leiter/Head: Direktor und Professor Dr. rer. nat. habil. Reinhard **Töpfer**, Dipl.-Biologe

Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Wissenschaftlicher Oberrat Prof. Dr. sc. agr. habil. Hellmut **Düring**, Dipl.-Agraringenieur
Direktor und Professor Dr. sc. agr. Rudolf **Eibach**, Dipl.-Agraringenieur
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. sc. agr. Margit **Harst**, Dipl.-Agraringenieurin
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. agr. Martin **Klenert**, Dipl.-Meteorologe (bis 31.10.2003)
Dr. rer. nat. Werner **Köglmeier**, Dipl.-Biologe
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Erika **Maul**, vormals Dettweiler-Münch, Dipl.-Agrarbiologin
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. habil. Eva **Zyprian**, Dipl.-Biologin

Dr. rer. nat. Beatrix-Axinja **Bornhoff**, Dipl.-Biologin (Projekt)
Diana **Ebersberger**, Dipl.-Geographin (Projekt bis 30.06.2003)
Dr. rer. nat. Ludger **Hausmann**, Dipl.-Biologe (Projekt)
Andreas **Jung**, Dipl.-Biologe (Doktorand)
Dr. Anne **Schmidt-Tiedemann**, Dipl.-Biologin (Projekt bis 31.12.2003)

Gemeinschaftliche Einrichtungen/General Services

Hauptbibliothek Main Library

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-409 E-Mail: bafz-zb@bafz.de
06484 Quedlinburg Fax: (03946) 47-255
Leiterin/Head: Grit **Lautenbach**, Dipl.-Bibliothekarin (FH)

Arbeitsgruppe Elektronische Datenverarbeitung Data Processing Unit

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-261 E-Mail: bafz-dv@bafz.de
06484 Quedlinburg Fax: (03946) 47-255
Leiter/Head: Wissenschaftlicher Oberrat Steffen **Kecke**, Dipl.-Mathematiker

Versuchsfelder Glasshouse and Field Services

Ahrensburg

Anschrift/Address: Bornkampsweg 31 Tel.: (04102) 802-55 E-Mail: bafz-zz@bafz.de
22926 Ahrensburg Fax: (04102) 5 11 24
Leiter/Head: Carola **Elsner**, Dipl.-Gärtnerin (FH)

Aschersleben

Anschrift/Address: Theodor-Roemer-Weg 4 Tel.: (03473) 879-145 E-Mail: bafz-er@bafz.de
06449 Aschersleben Fax: (03473) 27 09
Leiter/Head: Michael **Kleemann**, Dipl.-Agraringenieur (FH)

Dresden-Pillnitz

Anschrift/Address: Pillnitzer Platz 2 Tel.: (0351) 2 61 62-34 E-Mail: bafz-oz@bafz.de
01326 Dresden Fax: (0351) 2 61 62-13
Leiter/Head: Frank **Urbitsch**, Dipl.-Agraringenieur

Groß Lüsewitz

Anschrift/Address: Rudolf-Schick-Platz 3a Tel.: (038209) 45-400 E-Mail: h.pienz@bafz.de
18190 Groß Lüsewitz Fax: (038209) 45-120
Leiter/Head: Hans-Jürgen **Pienz**, Dipl.-Agraringenieur

Quedlinburg

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 77 91 11 E-Mail: bafz-al@bafz.de
06484 Quedlinburg Fax: (03946) 77 91 18
Leiter/Head: Steffen **Schwarz**, Dipl.-Agraringenieur

Sieboldingen

Anschrift/Address: Geilweilerhof Tel.: (06345) 41-123 E-Mail: irz@bafz.de
76833 Sieboldingen Fax: (06345) 919050
Leiter/Head: Reinhard **Seckinger**, Techniker für Weinbau und Kellerwirtschaft

Mitglieder des Anstaltskollegiums* Members of BAZ Board of Scientists

Mitglieder ex officio Members ex officio

Dir. u. Prof. Prof. Dr. habil. W. Flamme	Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Dir. u. Prof. Univ.-Prof. Dr. habil. J. Grunewaldt	Institut für Zierpflanzenzüchtung
Dir.'n u. Prof.'n. Dr. habil. V. Hanke	Institut für Obstzüchtung
Dir. u. Prof. Dr. habil. T. Kühne	Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik
Dir. u. Prof. Dr. habil. M. Neumann	Anstaltsleiter
Dir. u. Prof. Priv. Doz. Dr. F. Ordon	Institut für Epidemiologie und Resistenz
Dir. u. Prof. Dr. G. Schumann	Institut für gartenbauliche Kulturen
Dir. u. Prof. Dr. H. Schulz	Institut für Pflanzenanalytik
Dir. u. Prof. Dr. habil. R. Töpfer	Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
Dir. u. Prof. Priv. Doz. Dr. P. Wehling	Institut für landwirtschaftliche Kulturen

Zugewählte Mitglieder Elected Members

Dir. u. Prof. Dr. R. Eibach	Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
WissDir Dr. H. Junge	Institut für Zierpflanzenzüchtung
Dir.'n u. Prof.'n Dr. E. Klocke	Institut für gartenbauliche Kulturen
WissOR Dr. F. Rabenstein	Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik
WissOR E. Rudloff	Institut für landwirtschaftliche Kulturen
WissDir Dr. D. Ulrich	Institut für Pflanzenanalytik

Ständige beratende Mitglieder Permanent Advisory Members

Dir. u. Prof. Dr. L. Frese	Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen (Genbank)
ROAR J.-M. Jahn	Hauptverwaltung

Ständiger Teilnehmer Permanent Participator:

WissDir Dr. K. Peter	Anstaltsleitung
-----------------------------	-----------------

* Stand 31. 12. 2003

Mitglieder des wissenschaftlichen Beirates* Members of the Scientific Advisory Board

Vorsitzender Chairman

Prof. Dr. Dr. h. c. W. **Friedt**

Justus-Liebig-Universität Gießen, Institut für
Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Gießen

Mitglieder Members

Prof. Dr. H. **Becker**

Georg-August-Universität Universität, Institut für
Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Göttingen

Dr. Dr. h. c. A. **Büchting**

KWS Kleinwanzlebener Saatzeit AG, Einbeck

N. L. **Chrestensen**

Fa. N. L. Chrestensen, Erfurt

Prof. Dr. H. B. **Deising**

Martin-Luther-Universität, Landwirtschaftliche Fakultät,
Institut für Pflanzenzüchtung und
Pflanzenschutz, Halle

Prof. Dr. W. **Diepenbrock**

Martin-Luther-Universität, Landwirtschaftliche Fakultät,
Institut für Acker- und Pflanzenbau, Halle

Prof. Dr. G. **Forkmann**

TU München, Institut für Landwirtschaftlichen und
Gärtnerischen Pflanzenbau, Lehrstuhl für
Zierpflanzenbau, Freising

O. **Hespeler**

Gärtnerei Hespeler, Wannweil

Dr. K. v. **Kameke**

Saka-Ragis Pflanzenzucht GbR, Windeby

K.-F. **Kaufmann**

Landesbauernverband Sachsen-Anhalt, Magdeburg

Prof. Dr. H. **Lörz**

Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik,
Hamburg

Dr. W. **Müller**

Eidgenössische Forschungsanstalt für Obst-, Wein- und
Gartenbau, Wädenswil

Prof. Dr. K. **Schaller**

Forschungsanstalt Geisenheim, Geisenheim

Dr. A. **Schütte**

Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe, Gülzow

Prof. Dr. U. **Wobus**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung,
Gatersleben

Ständige Teilnehmer Permanent Participants

Dir. u. Prof. Dr. J. M. **Greef**

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft,
Braunschweig

Präsident u. Prof. Dr. G. F. **Backhaus**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft,
Braunschweig

Präsident U. v. **Kröcher**

Bundessortenamt, Hannover

Dir. u. Prof. Dr. M. **Neumann**

Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen,
Quedlinburg

Vertreter des

Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung
und Landwirtschaft, Bonn

* Stand 14.11.2003

Personalvertretungen* Representations of the Personnel

Hauptpersonalrat

Representative on the BMVEL staff council

Quedlinburg	Roselinde Höfer	Neuer Weg 22/23 06484 Quedlinburg	Tel.: (03946) 47-239 Fax: (03946) 47-234
--------------------	------------------------	---	---

Gesamtpersonalrat

BAZ Staff Council

WissDir Dr. Hinrik Junge	Bornkampsweg 31 22826 Ahrensburg	Tel.: (04102) 802-60 Fax: (04102) 51124
------------------------------------	--	--

Örtliche Personalräte

Local Staff Councils

Ahrensburg	Helmut Seehaus (bis 16.10.2003) Lore Mattiesch (ab 17.10.2003)	Bornkampsweg 31 22926 Ahrensburg Bornkampsweg 31 22826 Ahrensburg	Tel.: (04102) 802-77 Fax: (04102) 51124 Tel.: (041029) 802-33 Fax: (04102) 51124
Aschersleben	WissR Dr. H.-Ulrich Leistner	Theodor-Roemer-Weg 4 06449 Aschersleben	Tel.: (03473) 879-160 Fax: (03473) 2709
Dresden-Pillnitz	Barbara Rechenberg	Pillnitzer Platz 3a 01326 Dresden	Tel.: (0351) 26162-30 Fax: (0351) 26162-13
Groß Lüsewitz	WissOR Eicke Rudloff	Rudolf-Schick-Platz 3a 18190 Groß Lüsewitz	Tel.: (038209) 45-314 Fax: (038209) 45-222
Quedlinburg	Almut Garve	Neuer Weg 22/23 06484 Quedlinburg	Tel.: (03946) 47-256 Fax: (03946) 47-255
Siebeldingen	Ellen Bräutigam (bis 18.05.2003) Bernd Ackermann (ab 19.05.2003)	Geilweilerhof 76833 Siebeldingen Geilweilerhof 76833 Siebeldingen	Tel.: (06345) 41-135 Fax: (06345) 919050 Tel.: (06345) 41-170 Fax: (06345) 919050

* Stand 31. 12. 2003

Personalübersicht 2003
Table of Personnel

Organisationseinheit/Institut	Wissenschaftler			Techn. Angestellte			Verwaltungs- angestellte	Arbeiter	Gesamt
	a)	b)	c)	a)	b)	c)			
Zentrale Quedlinburg									
Anstaltsleitung	2			2			2		6
Abteilung EDV	1			2					3
Bibliothek				2					2
Hauptverwaltung				2			20	4	26
Quedlinburg Zentrale Gesamt	3			8			22	4	37
Standort Quedlinburg									
Gemeinschaftliche Einrichtungen				3				9	13
Inst. f. Pflanzenanalytik	8	2	1	13	1		1	1	27
Inst. f. gartenbauliche Kulturen	12	3		18	4		1	1	39
Institute Quedlinburg Gesamt	20	5	1	34	5		2	11	78
Genbank Braunschweig									
	2	1		2	1			3	9
Standort Ahrensburg									
Verwaltung							3	4	7
Inst. f. Zierpflanzenzüchtung	4	2		11	4		1	10	32
Ahrensburg Gesamt	4	2		11	4		4	14	39
Standort Aschersleben									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				2			1	9	12
Inst. f. Resistenzforsch.u. Pathogendiagnostik	9	3		14	6		1	2	35
Inst. f. Epidemiologie und Resistenz	8	2		13	8		1	1	33
Aschersleben Gesamt	17	5		29	14		3	12	80
Standort Dresden									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				3			1	15	19
Inst. f. Obstzüchtung	8	4		16	3		1		32
Dresden Gesamt	8	4		19	3		2	15	51
Standort Groß Lüsewitz									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				2			3	15	20
Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen	11	2		18	6		1	1	39
Inst. f. Stressphysiologie und Rohstoffqualität	6	1		11	1		1	1	21
Groß Lüsewitz Gesamt	17	3		31	7		5	17	80
Standort Siebeldingen									
Verwaltung und Gemeinschaftl. Einrichtungen				4			3	16	23
Inst. f. Rebenzüchtung Geilweilerhof	7	3		27	4		1	10	52
Siebeldingen Gesamt	7	3		31	4		4	26	75
BAZ Gesamt									
	78	23	1	165	38		42	102	449

- a) planmäßiges Personal
b) Zuwendungen Dritter
c) DFG

III. Bericht des Anstaltsleiters

Director's Report

Die erfolgreiche Bilanz der letzten Jahre setzte die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) 2003 fort.

Im Rahmen des Forschungsmanagements des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) erfolgte eine Überarbeitung und Straffung des Forschungsplanes 2002. Mit etwa 200 Projekten wendet sich die BAZ vornehmlich folgenden zentralen Zielen zu:

- Nachhaltige Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft;
- Sicherung und Verbesserung der Produktqualität bei Lebensmitteln und anderen Produkten;
- Gesundheitlicher Verbraucherschutz durch verbesserte Lebensmittel- und Produktsicherheit.

Die starke Akzentuierung der Verbesserung von Produktqualität und gesundheitlichem Verbraucherschutz durch die Politik hebt in besonderer Weise die Bedeutung der Forschungsarbeit der BAZ hervor.

Mit ihren Arbeiten leistet die BAZ einen wesentlichen Beitrag zur Senkung des Pestizideinsatzes, zur Qualitätsverbesserung und zur ressourcenschonenden sowie umweltverträglichen Produktion in Gartenbau und Landwirtschaft. Grundlegende Verbesserungen unserer Kulturpflanzen, die Entwicklung gesundheitlich wertvollerer und qualitativ hochwertiger Agrarprodukte beginnen mit der Züchtungsforschung. Veränderungen bei wertbestimmenden Merkmalen wie Resistenzniveau, Inhaltsstoffen und Qualitätsparametern der Kulturpflanzen sind nur durch Veränderungen des Genotyps zu erreichen.

Die Evaluierung und Erschließung genetischer Ressourcen für o. g. Zielstellungen ist deshalb ein unverzichtbarer dauerhafter Schwerpunkt der Ressortforschung, der durch die BAZ zu bearbeiten ist.

Unter diesem Gesichtspunkt ist auch die Angliederung der Genbank Obst an das Institut für Obstzüchtung in Dresden-Pillnitz zu sehen. Die BAZ übernahm mit Beginn des Jahres 2003 neben der Evaluierung der genetischen Ressourcen von Kern-, Stein-, Beeren- und Wildobst als neue Aufgabe diese Pflanzengruppe auch zu sammeln und zu erhalten. Gleichzeitig vertritt die BAZ im Auftrag des BMVEL die Bundesrepublik auf diesem Gebiet.

Welchen Stellenwert die Verbesserung der Resistenz hat, wird durch die Feuerbrandsituation in der Genbank Obst verdeutlicht.

In der Vergangenheit ungenügend beachtete Pflanzenschutzvorschriften führten zu latent erkrankten Bäumen, die große Teile des zu Jahresbeginn übernommenen Bestandes infiziert hatten und aufgrund der Witterungsbedingungen im Mai zu einem massiven Krankheitsausbruch führten, siehe Abb. 1. Umfangreiche Rodungen und Materialverluste sind die Folge.

Diese bisher nicht zu beherrschende Krankheit und ihre wirtschaftlich große Bedeutung fand ihren Niederschlag in einer zu Jahresbeginn von Frau Bundesministerin Renate Künast verabschiedeten Konzeption zur Feuerbrandbekämpfung; gilt es doch den weiteren Einsatz eines in der Humanmedizin verwendeten Antibiotikums für Zwecke des Pflanzenschutzes zu beenden. Als eine Alternative dazu zeigt die Konzeption auch einen gentechnischen Lösungsansatz.

Die BAZ hat als internationale Spitzenleistung diesen Lösungsansatz realisiert; der gestellte Antrag auf Freisetzung des erzeugten Materials ruht zur Zeit.



Abb. 1: Feuerbrandbefall im Birnensortiment der Genbank Dresden-Pillnitz: A - befallener Baum; B - erkrankte Rindenpartie (Canker) mit infizierten Stammaustrieben
 Fig. 1: Fire blight in the pear tree population of the Genebank at Dresden-Pillnitz: A - infested tree; B - diseased bark (canker) with infected shoots



Abb. 2: IGW 2003: der Leiter der Bundesforschungsanstalt Dir. u. Prof. Dr. Neumann erläutert Gästen aus Russland die Vorgehensweise bei der Züchtung resistenter Kartoffelsorten
 Fig. 2: Berlin Agricultural Show 2003: Dr. Neumann, Head of BAZ, explains the breeding of resistant potato cultivars to Russian visitors

Auch im Jahr 2003 hatte die BAZ Gelegenheit, Ergebnisse ihrer Arbeit auf Kongressen und Tagungen der Fachwelt vorzustellen.

Die breite Öffentlichkeit wurde durch die zentrale Beteiligung an der Internationalen Gartenbauausstellung in Rostock, der Internationalen Grünen Woche in Berlin (Abb. 2), der Biotechnika in Hannover, der Messe für nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie in Magdeburg sowie zahlreiche dezentrale Veranstaltungen an einzelnen Institutsstandorten über die Arbeiten der BAZ informiert.

Am 25. September 2003 erfolgte die Grundsteinlegung für die „Neuerrichtung der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen auf dem Moorberg“. Die Herren Parlamentarischer Staatssekretär Dr. Thalheim, Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft und Staatssekretär Braune, Bundesministerium für Verkehr-, Bau- und Wohnungswesen würdigten in ihren Ansprachen die Bedeutung der BAZ und die Notwendigkeit der Weiterentwicklung der Züchtungsforschung. Gemeinsam mit dem Minister Dr. Dähre, Ministerium für Bau und Verkehr des Landes Sachsen-Anhalt, Oberfinanzpräsident Stollberg, Oberfinanzdirektion Magdeburg, sowie dem Leiter der Bundesforschungsanstalt legten Sie während eines Festaktes den Grundstein, siehe Abb. 3.

Auch für den Neubau am Standort Groß Lüsewitz gingen die Vorbereitungen weiter. Gutachten, Konzeptionen und Raumbuch wurden erarbeitet und werden zur Abstimmung mit dem Ministerium vorbereitet.

Gegen Ende des Jahres ist mit der Ausschreibung des Dienstpostens Leiter der Bundesanstalt ein im Jahre 2004 anstehender Wechsel in der Leitung der BAZ in die abschließende Phase getreten.

In der Bundesrepublik Deutschland wird zur Zeit eine Diskussion zur Hochschulpolitik und der Situation der deutschen Universitäten geführt. Der bekannt gemachte Zustand von Agrarfakultäten bestätigt die Notwendigkeit der Ressortforschung, die kontinuierlich und langfristig Fragen der Politik aufgreift, um sie in wissenschaftliche Fragestellungen zu überführen und Lösungen vorzubereiten.

Im Jahre 2003 besuchte eine Gruppe des Wissenschaftsrates im Rahmen der Evaluierung der Ressortforschung auch die BAZ. Im Vorfeld des Besuches wurden dem Wissenschaftsrat umfangreiche Unterlagen zugearbeitet.

Die zur Zeit in den Medien geführte Diskussion zur Ressortforschung trifft in ihrer undifferenzierten Pauschalität aus Sicht der BAZ nicht zu. Den zurückliegenden Jahresberichten und den Unterlagen für den Wissenschaftsrat ist eine positive Entwicklung zu entnehmen. Kompetenz der BAZ spiegelt sich z. B. bei der Einwerbung von Drittmitteln wieder, wie es Abbildung 4 zum Ausdruck bringt.

Sie zeigt sich auch darin, dass etwa 20 % aller festangestellten Wissenschaftler der BAZ an Universitäten und Hochschulen Lehrtätigkeit ausüben, an den Instituten der BAZ Praktika für die studentische Ausbildung abgehalten werden, Diplomarbeiten und Dissertationen durch die BAZ betreut werden.

Wissenschaftler der BAZ bringen ihr Fachwissen in zahlreiche Begutachtungen von Projekten ein und sind sowohl als Gutachter für die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) als auch für internationale Gremien tätig. Sie sind gewählt als Präsident der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (DGQ), als Vizepräsident am Office International de la Vigne et du Vin, als Komiteemitglied der Internationalen Gesellschaft der Pflanzenpathologie, sie arbeiten in Verbänden und wissenschaftlichen Gremien und sind als Editoren und Co-Editoren wissenschaftlicher Zeitschriften tätig.

Die Wissenschaftler der BAZ als Teil der „Scientific community“ sind Partner in der internationalen Zusammenarbeit mit etwa 40 Ländern.

Im Abschnitt IV des vorliegenden Berichtes werden nähere Ausführungen zu den Arbeitsergebnissen der Institute der BAZ gemacht.

In 2003, the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ) has continued its successful development of recent years.

The research plan of 2002, which is part of the central research management scheme of the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL), was revised and tightened up. The BAZ is represented with about 200 projects, which principally contribute to the implementation of the primary objectives:

- Sustainable agriculture, forestry and fishery;
- Assurance and improvement of product and processing quality for food and other products;
- Preventive consumer health protection through enhanced food and product safety.

The strong emphasis politics is laying on the improvement of product quality and preventive consumer health protection particularly underlines the importance of BAZ research work.

BAZ research largely contributes to a decrease in the use of pesticides, an improvement of quality and a careful management of nature and resources in the agricultural and horticultural production. Basic improvement of cultivated plants and, hence, the development of health-promoting and high-quality agricultural products begins with breeding research. Changes in the value-determining properties of cultivated plants - such as resistance level, constituents and quality traits - can only be realized by changes of the genotype.

Consequently, the evaluation and use of genetic resources to serve the above-mentioned objectives remains the indispensable and lasting priority of publically funded agricultural research and, thus, the major assignment of BAZ research.

This approach also led to the decision of integrating the Genebank of Fruit Resources into the Institute of Fruit Breeding at Dresden-Pillnitz on 01 January 2003. Besides the evaluation of genetic resources of pome and stone fruit, berries and wild fruit species, the BAZ is now being charged with the new task of collecting and preserving this group of plants. On behalf of the Federal Ministry, the BAZ is also representing the Federal Republic of Germany in this field.

Which significance the improvement of resistance actually has is demonstrated by the fire blight problem at the Genebank of Fruit Resources.

Plant protection provisions being insufficiently implemented in the past led to latently diseased trees, which spread the infection on large parts of the stock taken over by BAZ in January 2003 and, due to disease-favourable weather in May, provoked a dramatic outbreak of the disease (Fig. 1). Extensive clearings and a loss of material followed.

Early in 2003, Federal Minister Renate Künast responded to this so far uncontrollable and economically important disease with a Strategic Concept on Fire Blight, which, among others, should finally stop the further use of an antibiotic, usually applied in human medicine, for the purpose of plant protection. One of the alternative solutions the Concept shows is a genetchnological approach.

The BAZ succeeded in realizing this approach with an international top performance. The application for release of the GM material has been suspended for the time being.

The year 2003 provided the BAZ again with manifold opportunities of presenting its research results at congresses and meetings among experts.

BAZ also communicated the achievements of its work to the general public. It was one of the exhibitors in the German pavillion at the International Horticultural Exhibition IGA 2003 in Rostock. Furthermore, it participated in the Berlin Agricultural Show (Fig. 2), the BioTechnica at Hanover, the Fair of Renewable Resources and Plant Biotechnology at Magdeburg as well as in many decentral events hosted by the BAZ institutes.

On 25 September 2003, the foundation stone for the new BAZ building and related glasshouse complex was laid at Quedlinburg on the Moorberg building site. In their addresses, Dr. Thalheim, Parliamentary Secretary in the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture, and Tilo Braune, State Secretary in the Federal Ministry of Transport, Building and Housing, acknowledged the importance of BAZ and stressed the necessity of a continued development of breeding research. Together with the Minister of Building and Transport of the Land of Saxony-Anhalt Dr. Dähre, the President of the Superior Finance Directorate Mr Stollberg and the Head of the Federal Centre, they laid the foundation stone during a festive ceremony (Fig. 3).



Abb. 3: Grundsteinlegung zum Neubau der BAZ auf dem Moorberg am 25. September 2003 (v. l. n. r.):

Minister Dr. Dähre; Leiter der BAZ Dir. u. Prof. Dr. Neumann; Staatssekretär Braune; Parlamentarischer Staatssekretär Dr. Thalheim; Oberfinanzpräsident Stollberg

Fig. 3: Laying of the foundation stone for the new BAZ buildings on 25 September 2003 (l to r):

Minister Dr. Dähre, Head of BAZ Dr. Neumann, State Secretary Braune, Parliamentary Secretary Dr. Thalheim, President of the Superior Finance Directorate Stollberg

At the end of 2003, the recruitment procedures for appointing the new head of the Federal Centre, which is upcoming in 2004, came to a final stage with the advertisement of the post.

On the Groß Lüsewitz site, the activities for preparing the construction of the new institute's facilities have been continued. Expertises, concepts and the layout of the rooms were prepared and are now being finalized for the consultations with the Ministry.

At present, the Federal Republic of Germany is discussing its policy of higher education and the situation of German universities. The present state of agricultural faculties affirms the necessity of a research within the portfolio of the Federal Ministry, which is in a position to deal with political issues on a continuous and long-term basis, to transfer these issues into scientific projects and to prepare solutions.

In 2003, a delegation of the Science Council of the German federal government also visited the BAZ as part of the evaluation of departmental research institutions. In the run-up to the visit, a comprehensive documentation had been put at the disposal of the Science Council.

Research responsible to the Federal Ministries has received great attention in the media recently. This discussion has entailed some rather undifferentiated sweeping statements that do not prove right from the BAZ point of view. The previous annual reports and the documentation compiled for the Science Council show a positive development. Moreover, the expertise of BAZ is reflected in the successful raising of third-party funds (Fig. 4).

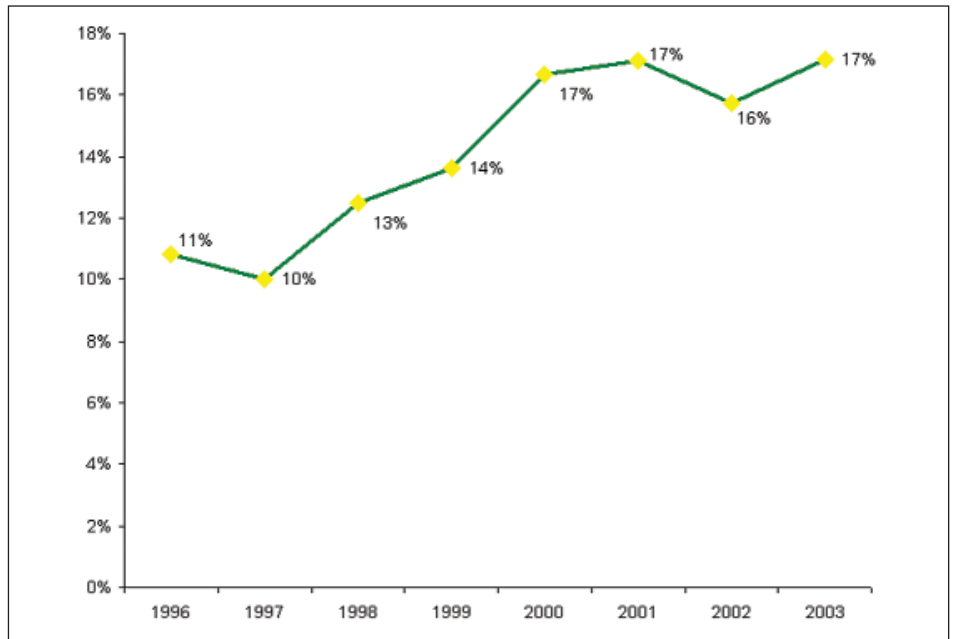


Abb. 4: Anteil der über Drittmittel finanzierte Wissenschaftler der BAZ
 Fig. 4: Share of externally funded scientists at BAZ

BAZ commitment is also illustrated by the fact that 20 per cent of the BAZ scientists on permanent positions are engaged in academic teaching at universities and colleges, BAZ institutes host students during their internship and practical training periods, and supervise the work on diploma and doctoral theses.

BAZ scientists make use of their expertise to judge numerous project applications and are referees for the Deutsche Forschungsgemeinschaft (German Research Foundation) as well as on behalf of international organizations. They are elected president of the Deutsche Gesellschaft für Qualitätsforschung (German Society of Quality Research), vice-president of the Office International de la Vigne et du Vin, member of the committee of the International Society of Plant Pathology. They work in associations and scientific boards and are editors and co-editors of scientific journals.

As part of the scientific community, BAZ scientists are partners in international co-operation with about 40 countries.

Chapter IV of the present annual report will cover in more detail the achievements of the BAZ institutes in the period under review.

IV. Forschung Research

Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute for Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

Das Institut für Zierpflanzenzüchtung (IZZ) ist aus einer 1948 von R. v. Sengbusch gegründeten Forschungsstelle hervorgegangen, die 1959 den Status eines eigenständigen Max-Planck-Institutes für Kulturpflanzenzüchtung erhielt. Im Jahre 1970 wurde diese Einrichtung als Bundesforschungsanstalt für Gartenbauliche Pflanzenzüchtung in den Geschäftsbereich des Bundesministers für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten übernommen. Zu den Forschungsaufgaben gehörte die züchterische Bearbeitung von Gemüse- und Zierpflanzenarten sowie von Baumobst. Die BFA für Gartenbauliche Pflanzenzüchtung wurde 1990 geschlossen und als Institut für Gartenbauliche Pflanzenzüchtung mit dem Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof vereinigt. Bereits 1993 erfolgte dann die Zuordnung als Institut für Zierpflanzenzüchtung zur Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen. Die Züchtungsvorhaben an Gemüsearten sind eingestellt, die an Obstarten wurden abgeschlossen und teilweise an das Institut für Obstzüchtung der BAZ in Dresden-Pillnitz verlegt. Das Institut für Zierpflanzenzüchtung hat jetzt die Aufgabe, bei ein- und mehrjährigen krautigen und verholzenden Pflanzenarten Zuchtmethoden zu erarbeiten und pflanzen genetische Ressourcen zu evaluieren und zu erschließen. Dabei stehen Aspekte der gesunden Pflanze und der Produktqualität im Vordergrund. Die Auswahl der zu bearbeitenden Zierpflanzen erfolgt unter dem Gesichtspunkt ihrer wirtschaftlichen Bedeutung und der Zugänglichkeit für eine züchterische Veränderung. Berücksichtigung finden insbesondere Vertreter aus den großen Produktionssegmenten „Gehölze“, „Stauden“ und „Unterglaskulturen“. Mit dieser Vorgabe werden zur Zeit hauptsächlich bearbeitet: *Rosa*, *Rhododendron*, *Dahlia*, *Helleborus*, *Erica*, *Calluna* und *Euphorbia*. *Tibouchina*, *Ruellia* und *Clerodendrum* stellen Ausgangsmaterial für die Entwicklung „Neuer Zierpflanzen“. Neben den klassischen Methoden zur Schaffung genetischer Vielfalt werden die Mutationsinduktion in vitro, die Gewinnung Homozygoter aus Mikro- und Makrosporen, die Fusion von Protoplasten und die Transformation angewendet. Die Zuordnung wirtschaftlich bedeutender Gene zu Kopplungsgruppen und die Markierung dieser Gene mit selektierbaren Markern soll die Effizienz der Selektion erwünschter, seltener oder erst an ausgewachsenen Pflanzen erkennbarer Merkmalskombinationen steigern. Die Identifizierung von Genotypen, vornehmlich mit Hilfe molekularer Marker, gewinnt auch für die Durchsetzung von Sortenschutzrechten und die Charakterisierung „abgeleiteter“ Zierpflanzenarten zunehmend an Bedeutung. Als wesentliche Forschungsergebnisse sind zu nennen:

- *Rosa*: Anwendung eines *Agrobacterium* vermittelten Transformationssystems mit somatischen Embryonen; Regeneration von Rosen aus fusionierten Protoplasten; Kartierung des Rosengenomes; Ermittlung der Populationsdynamik von Rosenblüten schädigenden unterschiedlichen Thripsarten; Charakterisierung der lokalen Population der Erreger des Sternrußtaues (*Marssonina rosae*), des echten (*Sphaerotheca pannosa*) und falschen (*Peronospora sparsa*) Mehlttaus und Selektion resistenter bzw. toleranter Rosengenotypen gegen diese Erreger sowie Stabilitäts- und Genflußstudien;
- *Rhododendron*: Erschließung von *Rhododendron micranthum*, *Rhododendron ferrugineum* und anderer Arten zur Entwicklung „kalktoleranter“ *Rhododendron*-Formen; Herstellung transgener *Rhododendron* mit verändertem Phänotyp und modifiziertem Eisenstoffwechsel sowie Stabilitäts- und Genflußstudien;

- *Cyclamen*: Anwendung des *Agrobacterium* vermittelten Transfers unspezifisch wirkender Gene gegen pilzliche Erreger, vor allem Fusarien und Selektion transgener Pflanzen mit ausgeprägter Pilztoleranz;
- *Calluna vulgaris*: Entwicklung von „Fingerprints“ zur Beschreibung von Kreuzungseltern und deren Nachkommen, spontanen Mutanten und deren Ausgangssorten und der Homogenität innerhalb von Klonsorten; genetische Analyse des Merkmals „Knospenblüher“ (Abb. 1);
- *Erica gracilis*: Aufstellung eines Differentialsortimentes für den Erreger der Stengelgrundfäule (*Cylindrocladium scoparium*), Erstellung von „Fingerprints“ zur Genotypidentifizierung und Erschließung genetischer Variabilität für neue Blütenfarben, lange Blühdauer, veränderten Habitus und Toleranz gegen biotische und abiotische Schadfaktoren;
- *Helleborus*: Entwicklung eines Hybridzüchtungssystemes unter Einbeziehung von finger print Techniken; Erschließung genetischer Ressourcen durch Artkreuzungen mit Hilfe der Embryo rescue Technik (Abb. 2);
- *Dahlia*: Genetische Analyse wirtschaftlich bedeutender Merkmale; zuchtmethodische Untersuchungen; Analyse der Abstammung der kultivierten Dahlie zur Resynthese bestehender Formen; Untersuchungen zur Dahlien-Systematik;
- *Euphorbia* und *Jatropha*: Übertragung des „Verzweigungsfaktors“ aus *E. pulcherrima* in *E. fulgens* und in *Jatropha integerrima* zur Erschließung genetischer Variabilität für das Merkmal Topfpflanzeignung;
- *Tibouchina*: Induktion von Mutanten mit kurzen Internodien zur Entwicklung kompakte Wuchsformen, die ohne Anwendung von chemischen Stauchemitteln verwendet werden können.



Abb. 1 Offen und geschlossen (Knospenblüher) blühende *Calluna vulgaris* Genotypen
 Fig. 1 Open and closed (bud bloomer) flowering *Calluna vulgaris* genotypes

The Institute for Ornamental Plant Breeding (IZZ) originates from the v. Sengbusch Research Station founded in 1948, and integrated into the Max-Planck-Society as Institute for Research on Cultivated Plants in 1959. In 1970 this Institute was taken over by the Federal Ministry of Agriculture as Federal Centre for Breeding Research on Horticultural Plants. The research activities were concentrated on vegetables, ornamentals and later on fruit trees, as well.

After a very short reunion with the Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof the former Institute for Horticultural Plant Breeding was in 1993 assigned as Institute for Ornamental Plant Breeding to the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ). The breeding research in vegetables is ceased, those in fruit species is completed and partly transferred to the BAZ Institute for Fruit Breeding at Dresden-Pillnitz. The Institute for Ornamental Plant Breeding is now in charge to develop breeding methods in annual and perennial plant species, and to evaluate genetic resources. In this connection aspects of plant health and product quality are to the fore. The selection of ornamentals investigated is performed according to their

economic importance and the chance of genetic alteration. Mainly members of the production segments shrubs, perennials and glass house crops are considered. Under these prerequisites *Erica*, *Calluna*, *Euphorbia*, *Dahlia*, *Rhododendron*, and *Rosa* are investigated. *Tibouchina*, *Ruellia*, and *Clerodendrum* are basic material to develop „New Ornamentals“. Besides classical methods to increase

genetic variability, the mutation induction in vitro, the production of homozygotes out of micro and macro spores, the fusion of protoplasts, and the transformation is performed. The mapping of economic important genes and their labelling is used to increase the selection efficiency of seldom occurring or only in grown up plants detectable combinations. The identification of genotypes with molecular markers gains importance also for the protection of breeders rights. Important research results are:

- *Rosa*: the use of an *Agrobacterium* mediated transformation system with somatic embryos, the regeneration of *Roses* out of fused protoplasts, the mapping of the *Rosa* genome, the description of the different Thrips damaging rose flowers and the selection of Rose genotypes resistant or tolerant against black spot (*Marssonina rosae*), powdery mildew (*Sphaerotheca pannosa*), and downy mildew (*Peronospora sparsa*);
- *Rhododendron*: the use of *R. micranthum*, *R. ferrugineum* and other species as cross parent to develop „lime tolerant“ *Rhododendron* types; the development of transgenics with an altered phenotype and a modified Fe metabolism, analysis of the stability of transgenics and gene flow studies;
- *Cyclamen*: the use of *Agrobacterium* to transfer unspecific resistance genes against fungi, mainly *Fusarium*, and selection of transgenic plants with high fungal tolerance;
- *Calluna vulgaris*: the description of cross parents and their progenies, spontaneous mutants and their mother varieties as well as homogeneity within clone varieties using fingerprints; genetic analysis of the character „bud bloomers“;
- *Erica gracilis*: the selection of a differential set for *Cylindrocladium scoparium*, the development of fingerprints to identify genotypes, and the evaluation of genetic diversity for bright new colours, extended blooming period, altered habitus and tolerance to biotic and abiotic stress;
- *Helleborus*: Development of a hybrid-breeding system including finger-print techniques; evaluation of genetic resources via intraspecific hybridization and embryo rescue;
- *Dahlia*: Genetic analysis of economically important traits, development of breeding methods, analysis of origin of the cultivated Dahlia for resynthesis, increasing the genetic basis, and investigation on the taxonomy of Dahlia;
- *Euphorbia* and *Jatropha*: the transfer of the „branching“ factor from *E. pulcherrima* into *E. fulgens* and *Jatropha integerrima* resulting in a high pot plant potential.



Abb. 2 *Helleborus niger* aus Hybridzüchtungsvorhaben
 Fig. 2 *Helleborus niger* out of hybrid breeding programmes

1. Genetische Charakterisierung von Merkmalen

Genetical characterization of traits

1.1 Entwicklung molekularer Diagnosemethoden zur Untersuchung der genetischen Diversität des Sternrußtaus an Rosen (*Diplocarpon rosae*)

Molecular markers for genetic diversity in *Diplocarpon rosae* populations

Debener, T.; Blechert, O.

Zielsetzung/Aim:

Zur Erfassung des Gefahrenpotentials des Sternrußtau für die Rosenkultur sowie zur Entwicklung von Strategien gegen die Ausbreitung dieses parasitischen Ascomyceten sind Informationen über dessen Populationsbiologie notwendig. Im laufenden Projekt wurde eine Methode entwickelt, um die genetische Diversität vom Sternrußtau (*Diplocarpon rosae*) zu ermitteln. Mit dieser Methode sollen sowohl die genetische Komplexität verschiedener Sternrußtaupopulationen als auch die Ausbreitung bestimmter Rassen untersucht werden.

For an efficient strategy to combat the black spot disease in commercial rose production and to support the development of efficient programs for resistance breeding information about the population biology of the causing agent, the ascomycete *Diplocarpon rosae* would be very helpful. Therefore we developed molecular markers for the analysis of the genetic complexity of populations. These tools will also be applied to questions concerning the mobility of fungal genotypes between plant populations.

Ergebnisse:

Die Untersuchung der Diversität des Sternrußtaus wird mit Hilfe von DNA- Markern vorgenommen. Hierfür wurden Mikrosatellitenmarker aus genomischer Sternrußtau DNA isoliert, charakterisiert und anschließend zwischen verschiedenen Pilzstämmen und -populationen verglichen. Dazu wurde eine Untersuchungsmethode auf der Basis der sogenannten PCR (Polymerase chain reaction) entwickelt. Treten zwischen verschiedenen Sternrußtaupopulationen Längenpolymorphismen in den Mikrosatellitenmotiven auf, so deuten diese auf das Vorhandensein verschiedener Pilzgenotypen hin. Gegenwärtig werden mit dieser Methode Reihenuntersuchungen durchgeführt, um Daten für eine gesicherte Aussage über die Populationsstruktur und Ausbreitungsbiologie des Schaderregers zu erhalten.

Isolierung und Sequenzierung von DNA-Klonen mit Mikrosatellitenmotiven

Es wurde eine DNA- Bank aus genomischer DNA des *Diplocarpon rosae*-Stamm 101.2 hergestellt. Hierzu wurden sechs Flüssigkulturen mit Hyphen dieses Pilzstammes beimpft und vier Wochen im Schüttler inkubiert. Es folgte eine DNA- Isolierung nach der CTAB- Methode. Die aufgereinigte DNA wurde mittels Restriktionsenzym Eco R1 geschnitten und auf Agarosegelen aufgetrennt. DNA-

Fragmente mit einer Länge von 800 bis 1200 bp wurden selektiert und in den Klonierungsvektor Lambda Zap II eingebaut. In drei Schritten wurde eine primäre Bank mit 100 000 Klonen angelegt und diese anschließend amplifiziert, um genügend Material für mehrere Versuche zu erhalten. Die Klone wurden auf Nylonfilter übertragen und gegen Oligonukleotide mit den Mikrosatellitenmotiven AAC bzw. AAG, CA, GA, AT und AAT hybridisiert. Es wurden 155 Klone mit positiven Signalen gefunden und vereinzelt. Diese Phagenklone wurden mit Hilfe eines Helferphagens in Plasmide umgewandelt, in *E. coli* 'DH10B' transformiert und abermals gegen die oben genannten Mikrosatellitenmotive hybridisiert. Insgesamt 88 der 155 Klone zeigten im zweiten Selektionsschritt positive Signale. Nach Vermehrung der 88 Klone und anschließender Plasmidpräparation wurden die Inserts sequenziert. Bei der Sequenzanalyse wurden bei 53 dieser 88 Klone Mikrosatellitenmotive bestätigt.

Herstellung von PCR-Primern

Mit den Sequenzen der 53 Klone wurde eine Datenbank angelegt und anschließend 33 Primerpaare, flankierend um die Mikrosatellitenmotive, abgeleitet.

Test der Primer mit Sternrußtau-DNA

Die synthetisierten Primer wurden mit *Diplocarpon rosae*-DNA vom Stamm 101.2 und mit Plasmid-DNA der Originalklone in die PCR-Reaktionen eingesetzt und getestet. Dabei wurden verschiedene Reaktionsbedingungen, wie z.B. die Annealingtemperatur (Abb. 1), variiert und für jedes Primerpaar optimiert.

Mit 30 der 33 Primerpaare konnten PCR- Produkte erzielt werden, wobei 22 Primerpaare PCR-Produkte ohne wesentliche Artefakte lieferten.

Test der Primer an verschiedenen Einsporisolaten

Die 30 Primerpaare wurden an verschiedenen Sternrußtaustämmen überprüft. Bei 20 der Primerpaare verliefen die Tests mit unterschiedlichen Sternrußtaustämmen positiv, während bei zehn Primerpaaren nur mit dem Originalstamm (*D. rosae* 101.2) Amplifikate erzielt wurden. Nur sechs Primerpaare ergaben längenpolymorphe PCR-Produkte. Damit lassen sich vier Gruppen innerhalb der Art *D. rosae* unterscheiden und reproduzierbar nachweisen.

Für die weiteren Untersuchungen wurden fluoreszenzmarkiert Primerpaare verwendet, um die PCR-Produkte mit einer höheren Trennschärfe auf Polyacrylamidgelen in der Licor-Sequenzieranlage aufzutrennen.

Anpassung des Protokolls zur Untersuchung von Freilandmaterial

Die Standardmethode geht von in vitro Kulturen als Ausgangsmaterial für die DNA-Isolierung aus. Dieses ist aufgrund des hohen Aufwandes für die Untersuchungen einer größeren Probenanzahl aus dem Freiland nicht praktikabel. Nach anfänglichen Schwierigkeiten wurde eine Me-

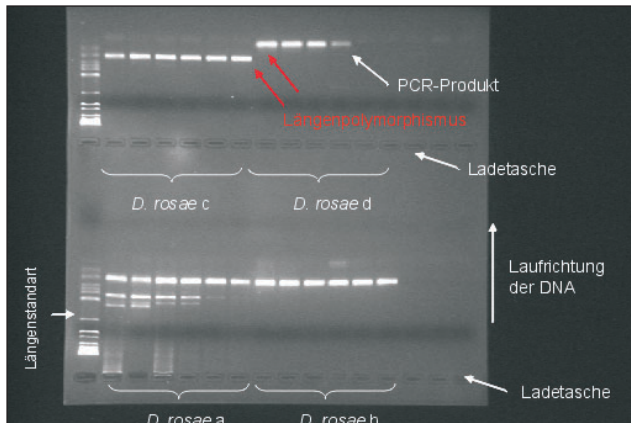


Abb. 1: Optimierung der PCR-Reaktion durch Variation der Annealingtemperatur. An vier unterschiedlichen Sternrußtauklonen (*D. rosae* a, b, c und d) wurde der Mikrosatellitenprimer MDr 18 bei sechs verschiedenen Annealingtemperaturen getestet. Dabei wurden links die Proben mit der niedrigen Temperatur von 42 °C und rechts die mit der hohen Temperatur von 52 °C aufgetragen. Das PCR-Produkt von *D. rosae* 'd' ist längenpolymorph im Vergleich zu dem Produkt der anderen drei *D. rosae*-Stämme

Fig. 1: Agarose gel with a reaction products of DNA from four different *D. rosae* strains (a, b, c and d) and the microsatellite primer pair MDr18. Six different annealing temperatures were tested on a gradient cycler (left lane 42 °C, right lane 52 °C) and a length polymorphism was detected for strain d in comparison to the other three strains

thode entwickelt, mit der befallenes Blattmaterial untersucht werden kann. Dabei werden Mitosporen des Parasiten vom befallenen Blatt abgeschwemmt und gesammelt. Nach Aufschluss der Sporen mittels der Objektträgerquetschmethode werden diese direkt in die PCR-Reaktion gegeben. Die Methode ist sensitiv genug, um die Sporenernte von einzelnen nekrotischen Flecken auf befallenen Blättern untersuchen zu können. Die Untergrenze für eine erfolgreiche PCR liegt zur Zeit bei ca. 2000 Sporen.

Untersuchung mit Freilandmaterial

Erste Untersuchungen an Freilandmaterial wurden in größeren Rosenpflanzungen in Ahrensburg, Sparrieshoop und Uetersen durchgeführt. Dazu dienten je 20 Proben, die mit acht der 33 neuentwickelten Primer analysiert wurden (Abb. 2).

Die vorläufigen Versuchsergebnisse zeigen, dass auf dem Institutsgelände des IZZ in Ahrensburg eine höhere genetische Diversität als auf den anderen beiden Untersuchungsflächen detektiert werden konnte. Bei der Untersuchung der Proben aus Ahrensburg wurde besonders auf eine in Jahr 2000 erstmalig aufgetretene Rasse des Sternrußtaus geachtet. Dieser Pathotyp befällt einige bis dahin resistente Rosengenotypen und bildet das typische Schadbild aus. Damit lässt sich dieser physiologisch deutlich

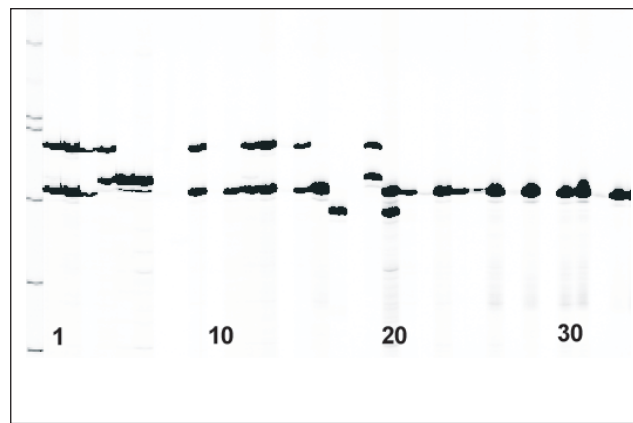


Abb. 2: Mikrosatellitenanalyse von *Diplocarpon rosae*-Freilandproben. Mit dem fluoreszenzmarkierten Primerpaar MDr 30 wurden Mikrosatellitenmotive amplifiziert und auf einem Polyacrylamidgel aufgetrennt. Die Proben 1-20 wurden auf dem IZZ- Versuchsfeld gesammelt, die anderen stammen von einem Versuchsfeld nahe Pinneberg bei Hamburg

Fig. 2: Analysis of field samples of *Diplocarpon rosae* analysed with fluorescently labelled microsatellite primers (MDr30) and separation of the reaction products over polyacrylamide. The first 20 lanes display samples from the experimental fields of the IZZ, Ahrensburg, all other samples were collected in a rose plantation in Pinneberg near Hamburg

von allen anderen bekannten Sternrußstämmen trennen. Erste Markeranalysen, sowie die Sequenzierung von ITS Sequenzen zeigen, dass es sich um einen von anderen Sternrußtauisolaten genetisch weiter entfernten Genotyp handelt. Damit wird es in Zukunft möglich sein, die Ausbreitungsbiologie dieses und verwandter Stämme in Rosenpopulationen mit Hilfe der molekularen Marker zu untersuchen.

Abstract:

Several microsatellite markers were developed for the *Diplocarpon rosae* genome. From a total of 53 clones containing microsatellite sequences 33 primer pairs were developed from which 20 resulted in amplification of the expected DNA fragments. From these 6 primer pairs were useful for DNA amplification in all strains tested so far. On particular a *Diplocarpon rosae* pathotype which occurred in Ahrensburg in the year 2000 and representing a new race could be clearly distinguished from all other races analysed so far. This will open up the possibility to study the mobility of this fungal race between different rose populations.

In Zusammenarbeit mit: Firma Rosen Tantau, Uetersen; Firma Kordes Söhne, Sparrieshoop; Firma Noack Rosen, Gütersloh.

(BAZ-6150)

2. In vitro Techniken In vitro techniques

2.1 Somatische Hybridisierung von Rosen Somatic hybridization in roses

Schum, A.; Hofmann, K.; Felten, R.; Schneiderei, M.; Tian, Q.

Zielsetzung/Aim:

Protoplastenkulturen bieten gegenüber klassischen Züchtungsverfahren zusätzliche Perspektiven, die genetische Variabilität von Kulturpflanzen zu erweitern. Bei Rosen wird der Einsatz somatischer Hybridisierungen insbesondere zur Erschließung neuer Resistenzquellen gegenüber pilzlichen Krankheitserregern, wie Sternrußtau (*Diplocarpon rosae*), getestet.

In comparison with conventional breeding methods protoplasts offer additional potentials for increasing the genetic variability in ornamentals. Application of somatic hybridization is pursued in roses with the aim of exploitation of new sources of resistance against fungal pathogens such as *Diplocarpon rosae* (blackspot).

Ergebnisse:

Nach Protoplastenfusionen von anfälligen Kultursorten und sternrußtauresistenten Wildarten wurde Kallus von den Elternkombinationen 'Pariser Charme' + *Rosa multiflora*, 'Pariser Charme' + *Rosa wichuraiana*, 'Pariser Charme' + *Rosa roxburghii*, 'Pariser Charme' + (*Rosa persica* x *Rosa xanthina*), 'Heckenzauber' + *Rosa multiflora*, 'Heckenzauber' + *Rosa wichuraiana* und 'Heckenzauber' + (*Rosa persica* x *Rosa xanthina*) regeneriert. Da die Ausgangsprotoplasten jeweils mit komplementären Defekten induzierenden Antimetaboliten vorbehandelt wurden, sollten vorwiegend heterologe Fusionsprodukte regenerieren. Es zeigte sich jedoch, dass in der Mehrzahl der Fusionsexperimente die Proliferation nicht fusionierter Zellen sowie homologer Fusionsprodukte nicht vollständig unterbunden wird. Gründe dafür sind in einer trotz standardisierter Vorkulturbedingungen inkonsistenten Sensitivität der Protoplasten gegenüber den Antimetaboliten zu sehen. Zusätzlich ergeben sich vermutlich für die behandelten Ausgangsprotoplasten Entwicklungsmöglichkeiten durch die notwendige Verwendung von Ammenkultursystemen. Daher wird das Ploidieniveau mutmaßlicher Hybridkalli flowcytometrisch bestimmt, um interessierende Linien bereits auf Kallusebene identifizieren zu können. Eine eindeutige Abgrenzung der heterologen Fusionskalli von homologen Fusionsprodukten ist jedoch aufgrund von Aufregulierungserscheinungen während der Kallusphase und durch Auftreten verschiedener Grade von Aneuploidie nicht sicher möglich (Abb. 1).

Daher werden Kalluslinien höheren Ploidieniveaus zusätzlich mit Hilfe von Mikrosatellitenmarkern analysiert. Die benötigten spezifischen SSR-Primer wurden von Sriyani Rajapakse (Clemson University) zur Verfügung

gestellt. Es konnten solche ermittelt werden, mit welchen sich die Sorten 'Pariser Charme (PC) und 'Heckenzauber' (He) von den Wildarten *R. multiflora* (Rm), *R. wichuraiana* (Rw), *R. roxburghii* (Rr) und *Rosa persica* x *Rosa xanthina* (PxX) differenzieren und damit auch deren Hybriden identifizieren lassen. Abbildung 2 demonstriert diesen Nachweis für Hybridkallus aus der Fusion von Protoplasten der Sorte 'Pariser Charme' (PC) mit Protoplasten aus *Rosa persica* x *Rosa xanthina* (PxX).

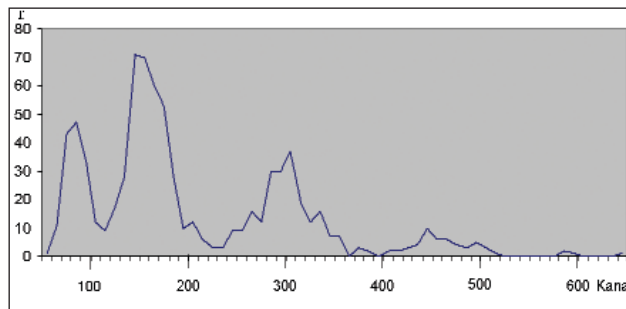


Abb. 1: Verteilung der relativen DNA Gehalte von Kalli, die nach einer Fusion von Protoplasten aus 'Pariser Charme' ($2n = 4x$) mit Protoplasten aus *Rosa persica* x *Rosa xanthina* ($2n = 2x$) regeneriert wurden

Fig. 1: Distribution of relative DNA contents of calluses regenerated after fusion of protoplast from 'Pariser Charme' ($2n = 4x$) with protoplasts out of *Rosa persica* x *Rosa xanthina* ($2n = 2x$)

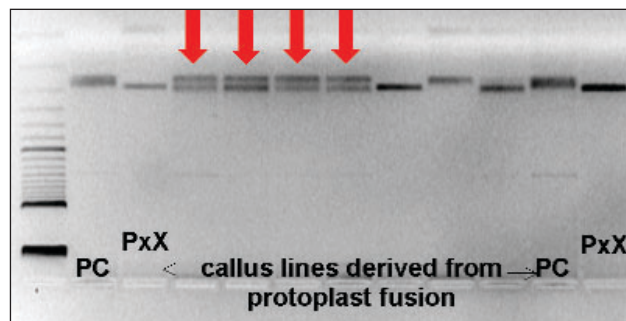


Abb. 2: Identifizierung von Hybridkallus-Linien aus Protoplastenfusionen mittels Mikrosatellitenmarkern. PC= 'Pariser Charme', PxX = *Rosa persica* x *Rosa xanthina*

Fig. 2: Identification of hybrid callus lines out of protoplast fusion with microsatellite markers. PC= 'Pariser Charme', PxX = *Rosa persica* x *Rosa xanthina*

Abstract:

Callus was regenerated after fusion of protoplasts from the parental combinations 'Pariser Charme' + *Rosa multiflora*, 'Pariser Charme' + *Rosa wichuraiana*, 'Pariser Charme' + *Rosa roxburghii*, 'Pariser Charme' + (*Rosa persica* x *Rosa xanthina*), 'Heckenzauber' + *Rosa multiflora*, 'Heckenzauber' + *Rosa wichuraiana* and 'Heckenzauber' + (*Rosa persica* x *Rosa xanthina*). In order to suppress subsequent

development of non-fused protoplasts as well as of homologous fusion products, partners are pretreated with antimetabolites inducing complementary defects. However, sensitivity of protoplasts to chemicals proved to be inconsistent, resulting in regeneration of differing percentages of cell lines other than of hybrid character. Therefore, ploidy levels of regenerated calluses are determined by flow cytometry for selection of putative somatic hybrids. Clear distinction of heterologous fusion products turned out to be difficult due to occurrence of chromosome doubling during undifferentiated cell proliferation phases leading to different degrees of aneuploidy and polyploidy (Fig. 1). Therefore final identification of hybrid callus lines microsatellite analyses are performed. Specific SSR primers, which were obtained from Sriyani Rajapakse (Clemson University, USA), were determined to allow differentiation between cultivars and *R. multiflora*, *R. wichuraiana*, *R. roxburghii* or *Rosa persica* x *Rosa xanthina* and their hybrids, respectively. An example is given in Fig. 2.

(BAZ - 6124)

2.2 Vergleich der Effizienz verschiedener Protoplastenfusionsverfahren bei Rosen

Comparison of the efficiency of different protoplast fusion techniques in roses

Schum, A.; Grimm, K.

Zielsetzung/Aim:

Kreuzungen zwischen *Rosa roxburghii* mit Resistenz gegen Sternrußtau (*Diplocarpon rosae*) und Kulturrosen führen nur in Ausnahmefällen zu Samenansatz. Somatische Hybridisierungen stellen deshalb eine Alternative zur Introgression der Resistenz in anfällige Rosengenotypen dar. Da sich *Rosa roxburghii* mit den bislang etablierten Fusionsmethoden als schwierig handhabbar erwies, sollte die Effizienz unterschiedlicher Fusionstechniken überprüft werden.

Conventional crosses between *Rosa roxburghii* with resistance against black spot (*Diplocarpon rosae*) and cultured roses are mostly unsuccessful. Somatic hybridization is therefore an alternative for introgression of resistance into garden roses. However, *Rosa roxburghii* proved to be recalcitrant to established fusion techniques. Therefore, the efficiency of different fusion techniques was evaluated.

Ergebnisse:

Als Ausgangsmaterial für die Isolierung von Protoplasten wurden embryogene Zellsuspensionen von der Kulturrose 'Pariser Charme' und nicht embryogene Zellsuspensionen von der Rosenart *Rosa roxburghii* verwendet. Zur Unterbindung der Regeneration nicht fusionierter Protoplasten sowie homologer Fusionsprodukte wurden die Protoplasten mit komplementären Antimetaboliten wie Jodacetat (JA) und Rhodamin 6G (R6G) vorbehandelt. Zunächst wurde ermittelt, welche Konzentrationen von JA und R6G

zum Absterben der Protoplasten innerhalb von drei Tagen führen. Es zeigte sich, dass bei *R. roxburghii* eine 15-minütige Behandlung mit den geringsten der getesteten Konzentrationen von 3 mg R6G in 100 ml Lösung und 10 mg JA in 100 ml Lösung bereits letal war. Die Ergebnisse für die Kulturrosensorte waren dagegen inkonsistent, was auf eine variable Sensitivität der Protoplasten trotz Einhaltung gleicher Vorkulturbedingungen schließen lässt. Um eine bevorzugte Entwicklung heterologer Fusionsprodukte sicherzustellen, wurden deshalb Konzentrationen von 9 mg R6G in 100 ml Lösung und 50 mg JA in 100 ml Lösung verwendet.

Die Anfärbung der Protoplasten mit Rhodaminisothiocyanat (RITC) und Fluoresceindiaceat (FDA) ermöglichte es, Fusionseffizienzen nach Einwirkung von Polyethylenglykol (PEG) unter dem Mikroskop mit UV-Licht zu ermitteln (Abb. 1).

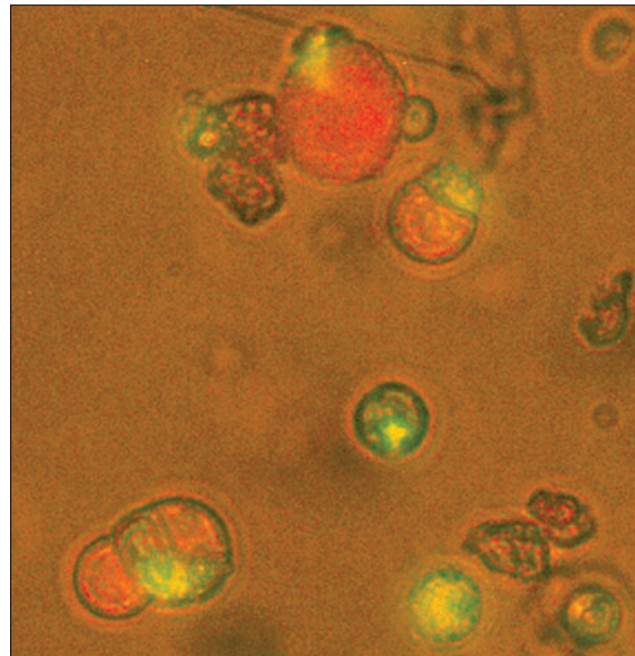


Abb. 1: Fusion von Protoplasten der Rosensorte 'Pariser Charme' und *R. roxburghii* mit Polyethylenglykol. Nach Vorbehandlung mit Fluoresceindiaceat fluoreszieren Protoplasten von 'Pariser Charme' grün; nach Vorbehandlung mit Rhodaminisothiocyanat die von *R. roxburghii* rot

Fig. 1: Fusion of protoplast from 'Pariser Charme' with *R. roxburghii* using polyethylenglycol. After pretreatment with fluoresceindiaceat protoplast of 'Pariser Charme' fluoresce green; after pretreatment with rhodaminisothiocyanat those of *R. roxburghii* red

Die Protoplasten der Wildrose wurden dazu mit RITC behandelt und leuchteten bei Anregung mit UV-Licht rot, Protoplasten der Kulturrose nach Vorbehandlung mit FDA grün. So war es möglich, unterschiedliche PEG Lösungen, PEG-Konzentrationen, Protoplastendichten und das Zu-

sammenwirken der drei genannten Faktoren zu prüfen. Es zeigte sich, dass das PEG 3350 im Vergleich zum PEG 6000 und 8000 in der Regel mehr Fusionen induzierte. Mit Erhöhung der PEG Konzentration auf 30 % gegenüber den routinemäßig verwendeten 20 % erhöhte sich der Anteil an Mehrfachfusionen, während der Anteil der Einfachfusionen weitgehend konstant blieb.

Da bei chemischer Fusion mit PEG regelmäßig von *R. roxburghii* nur wenige Protoplasten nach Einbettung in Alginate intakt blieben, wurden alternativ Versuche zur Elektrofusion durchgeführt. Zunächst wurde eine Fusionskammer verwendet, mit der die Fusionen unter dem Mikroskop direkt beobachtet werden können (Abb. 2).

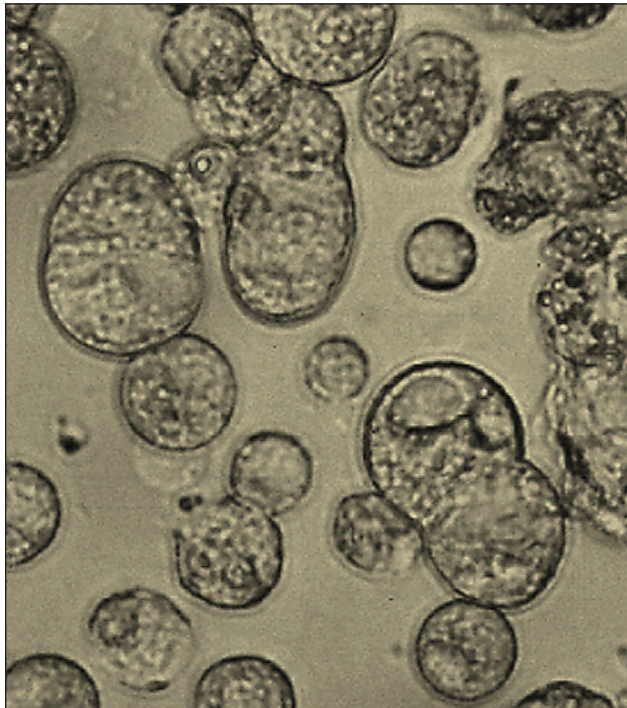


Abb. 2: Elektrofusion von Protoplasten der Sorte 'Pariser Charme'

Fig. 2: Electro fusion of protoplasts from 'Pariser Charme'

Als optimale Einstellungen wurden für *R. roxburghii* 150 V für 49,4 μ s oder 110 V für 72,2 μ s bestimmt. Da die entsprechenden Anforderungen für 'Pariser Charme' deutlich höher liegen, wurden für die Fusionsexperimente zunächst die für *R. roxburghii* ermittelten zugrunde gelegt. Die Übertragbarkeit der Werte für die Verwendung einer Küvette, die die Handhabung größerer Volumina erlaubt, muss untersucht werden.

Abstract:

Protoplasts were isolated from embryogenic cell suspension cultures of the rose cultivar 'Pariser Charme' and from non-embryogenic cell suspensions of the rose species *R. roxburghii*. Prior to fusion cells are treated with antimetabolites in order to suppress the development of non fused protoplasts as well as of homologous fusion products. Exposure of the wild rose protoplasts to the lowest

concentrations tested (3 mg/100 ml R6G, 10 mg/100 ml JA) proved to be lethal. Protoplasts of 'Pariser Charme', however, reacted inconsistently, indicating a variable sensitivity inspite of constant preculture conditions. Therefore, high concentrations of the antimetabolites (9 mg/100ml R6G, 50 mg/100 ml JA) were chosen in order to secure preferential development of heterologous fusion products.

Staining of protoplasts with rhodaminisothiocyanat (RITC) and fluoresceindiacetat (FDA) allows to determine efficiencies of fusions under the microscope (Fig. 1). The protoplasts of the wild rose were treated with RITC resulting in red fluorescence upon excitation with UV-light. Protoplasts of 'Pariser Charme' display green fluorescence after treatment with FDA. In this way it was possible to test different PEG solutions, protoplast concentrations and protoplast ratios for optimal fusion results. PEG 3350 induces more fusions as compared to PEG 6000 and 8000. Increasing the PEG solution from 20 to 30 % resulted in an increase of multiple fusions while the number of single fusion events was mostly not affected.

PEG mediated chemical fusion proved to be harmful to *R. roxburghii*, resulting in a low number of intact protoplasts after imbedding in alginate for further culture. Therefore experiments on electrofusion were initiated. A chamber was used to observe the protoplasts directly during fusion (Fig. 2). In this way optimal parameters for *R. roxburghii* were determined as: 150 V for 49,4 μ s and 110 V for 72,2 μ s. The optimal voltage for the fusion of 'Pariser Charme' would have killed *R. roxburghii*, so the parameters for *R. roxburghii* were used. For practical purposes larger volumes of protoplast suspensions have to be handled in cuvettes. It still has to be investigated, if the determined parameters can be applied for such systems as well.

(BAZ - 6124)

3. Stabilität Transgener und Genflußanalysen

Stability of transgenics and gene flow analysis

3.1 Untersuchungen zur Stabilität transgener *Rosa x hybrida* Genotypen

Analyses of transgene expression in *Rosa x hybrida* genotypes

Debener, T.; Marschke, J.

Zielsetzung/Aim:

Rosen gehören aufgrund ihrer ökonomischen Relevanz und ihrer weiten Verbreitung zu den weltweit bedeutendsten Ziergehölzen. Nachdem sich die Züchtungspraxis der vergangenen Jahrzehnte im wesentlichen sehr einfacher konventioneller Strategien bediente, werden seit einigen Jahren zunehmend modernere Techniken aus dem Bereich der pflanzlichen Biotechnologie und der Molekularbiologie angewandt. In diesem Zusammenhang wird u. a. zur

Verbesserung des Zierwertes und der Resistenzeigenschaften in verschiedenen Forschungslabors an der Herstellung transgener Rosen gearbeitet. Bevor transgene Rosen langfristig auch kommerziell genutzt werden können, müssen vor einer Freisetzung bzw. Inverkehrbringung verschiedene Parameter der Stabilität der eingebrachten Merkmale untersucht werden, da für Gehölze bisher kaum Informationen über diese Problematik verfügbar sind.

Concerning their economic importance and their widespread distribution, roses belong to the most important ornamentals worldwide. Apart from classical breeding strategies that dominate present day breeding, increasing efforts are underway to utilise biotechnological methods for the generation of new genotypes with enhanced resistance to pests and pathogens and increased ornamental characters. However, almost no information about the stability of transgenes in woody perennials is available up to date. Therefore, it is necessary to obtain basic information about transgene stability in roses before they can be utilised safely on a commercial level.

Ergebnisse:

Zur Messung der GUS-Expressionsstärke bei vegetativ vermehrten Nachkommen transgener Rosen wurden bisher drei Stecklingsgenerationen hergestellt. Aufgrund technischer Schwierigkeiten bei der Vermehrung des Materials und Pathogenbefall in den Mutterpflanzenbeständen konnten bisher nur Stecklinge der beiden ersten Generation untersucht werden. Die Mutterpflanzen waren jedoch bereits mehrfach verklont worden, so dass die Messungen auch je drei Klone pro Mutterpflanze beinhalteten. Dazu wurden insgesamt 665 Einzelmessungen an den Klonen der Ausgangspflanzen und an einer unterschiedlichen Anzahl von Stecklingen von diesen Ausgangspflanzen durchgeführt. Die ermittelte Variabilität der GUS-Expression ist, wie in voraufgegangenen Versuchsreihen, erheblich. Es sind jedoch keine Schwankungen zu erkennen, die auf ein Abschalten der Transgene hindeuten (Abb. 1).

Versuche zur Ermittlung des Einflusses von Temperatur, UV-Strahlung und Pathogenbefall wurden begonnen, bzw. abgeschlossen.

Für den Faktor Temperaturstress wurden bisher drei Versuche durchgeführt. Der erste Versuch begann vor der Optimierung des fluorometrischen Assays und wurde nicht mehr vollständig ausgewertet, da der eingesetzte Extraktionspuffer in den nachfolgenden Versuchen nicht mehr verwendet wird. Bei den folgenden zwei Versuchen wurden nach Absprache mit den anderen Projektpartnern folgende Messungen durchgeführt:

- eine Messung einen Tag vor Beginn der Temperaturerhöhung
- eine Messung einen Tag nach Beginn der Temperaturerhöhung
- eine Messung fünf Tage nach der Temperaturerhöhung
- eine Messung 14 Tage nach der Temperaturerhöhung.

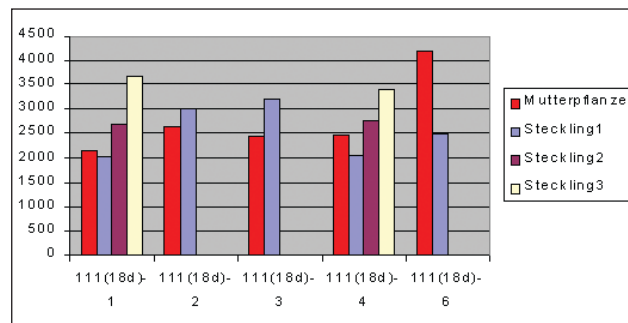


Abb. 1: Relative Fluoreszenzwerte für die GUS-Aktivität in jungen Blättern aus Stecklingen der Rosensorte ‘Heckenzauber’ und ihren Mutterpflanzen. Dargestellt sind jeweils verschiedene Stecklinge des Genotyps 111(18d) (111 [18d]1-6) und Stecklinge der nächsten Generation. Die erste Generation der Stecklinge ist in rot dargestellt, die zweite in verschiedenen anderen Farben

Fig.1: Fluoremetric measurement of the GUS activity in two generations of cuttings of the rose variety ‘Heckenzauber’. The figure show relative values of the fluorescence activity corrected for the amount of tissue used. The cuttings of the first generation are shown in red, cuttings of the second generation (Steckling 1 etc.) in different colours

Die Pflanzen wurden 14 Tage vor Beginn des Stressversuches in eine Klimakammer gebracht und bei +20 °C kultiviert. Danach wurde die Temperatur für 14 Tage auf +35 °C erhöht.

Bei den Ergebnissen zeigen sich unterschiedliche Tendenzen abhängig davon, ob die verwendeten Genotypen ursprünglich eine hohe oder eine niedrige Expression aufwiesen. Bei den niedrig exprimierenden Genotypen erfolgt ein leichter Abfall der Expression, während bei den hoch exprimierenden Pflanzen am Tag fünf ein leichter Anstieg erfolgte. Am Tag 14 war ein erneuter Abfall der Expression zu beobachten, der aber noch über dem ursprünglich beobachteten Wert lag. Jeder Versuch wurde mit drei Pflanzen und drei Wiederholungen pro Pflanze durchgeführt. Die Schwankungen der Messwerte zwischen den Wiederholungen betragen bis über 100 %, so dass die Veränderungen im Expressionsverlauf nur als Tendenz interpretiert werden können. Eine komplette Abschaltung des GUS-Gens kann aber für alle untersuchten Pflanzen ausgeschlossen werden. Eine Ausnahme bildet eventuell die Linie T111(17b), die einen starken Abfall der GUS-Aktivität nach Beginn der Temperaturerhöhung aufweist.

Für die Untersuchung des Faktors UV-Stress wurden mehrere Vorversuche durchgeführt, um Schwellenwerte für sichtbare Schädigungen der Pflanzen zu ermitteln. Nach Absprache mit den Projektteilnehmern sollten die Expressionsmessungen an Material unterhalb einer Schwelle durchgeführt werden, bei der deutliche Schäden auftraten.

Nicht transgene Testpflanzen wurden im Institut für Forstgenetik, Großhansdorf, im gleichen Abstand wie die dort verwendeten Pappeln 2, 4, 8, 10, 15, 20 und 30 Minuten bestrahlt. Keine der Varianten zeigte nach sieben Tagen sichtbare Schäden an den direkt exponierten Blättern. Bei den Varianten mit Bestrahlungsdauern von mehr als 10 Minuten konnte ein verstärkter Austrieb von Seitenknospen beobachtet werden. Daher sollen die Testpflanzen mit deiner Dauer von 10 Minuten bestrahlt werden.

Für die Untersuchung des Faktors Pathogenbefall wurde eine Auswahl von allen verfügbaren, transgenen Linien mit Sternrußtau nach Standardprotokoll mit 5×10^4 Konidien /ml inokuliert. Nach Aufsprühen der Konidiensuspension wurden die Pflanzen für zwei Tage feucht gehalten und die Suspension dann abgetrocknet. Blattproben des ersten Versuchs wurden zwei und fünf Tage nach der Inokulation eingefroren. Die Fluoreszenzmessungen ergaben, wie bei den Messungen nach Temperaturstress, eine hohe Variabilität zwischen den Wiederholungen. Eine darüber hinausgehende Verringerung der Expressionsstärke konnte jedoch nicht festgestellt werden. Aufgrund von bisher aufgetretenen Schwierigkeiten bei der Herstellung des rbcs-Gus Konstrukts aus Komponenten, die im Labor der Projektteilnehmer vorhanden sind, wurde ein Konstrukt aus dem Labor von Prof. David James vom HRI in East Malling, England, verwendet. Dieses Konstrukt basiert auf dem Vektor pSCV1 und enthält das Gus-Gen unter der Kontrolle des rbcs3c Promotors aus Tomate. Der selektierbare Marker in Pflanzen ist das nptII Gen (vermittelt Kanamycin-Resistenz). Das Konstrukt wurde mit Standardverfahren in E.coli vermehrt und dann in den Agrobacterien-Stamm EHA 105 eingebracht. Insgesamt wurden 8 Transformationsexperimente mit bisher insgesamt 2995 somatischen Embryonen mit diesem Konstrukt durchgeführt. Der bisherige Stand ist in Tabelle 1 dargestellt.

Tab. 1: Transformation der Sorten 'Pariser Charme' und 'Heckenzauber' mit dem Konstrukt pBSCV1.6RBCS3CP. Aufgelistet ist die Zahl der erhaltenen Embryonen und der transgenen Sprosse

Table 1: Transformation of cv. 'Pariser Charme' and cv. 'Heckenzauber' with pBSCV1.6RBCS3CP. Listed are the number of somatic embryos and the number of transgenic shoots

Transformations Nr.	Zahl Embryonen aus 'Pariser Charme'	Zahl Embryonen aus 'Heckenzauber'	Transgene Sprosse
T191	120	60	0
T192	180	180	0
T193	220	160	2
T194	190	85	11
T195	320	100	9
T196	320	240	0
T197	180	140	7
T198	350	150	noch nicht auswertb.

Abstract:

Although the procedure for the quantitative fluorometric measurement of GUS activity in rose tissues had been improved significantly the variability observed in repeated experiments was still very high. The analysis of vegetatively propagated roses did not provide any evidence for a significant reduction of GUS activity in the progeny. The same results were obtained after various stress treatments. UV-irradiation, heat shock from 20 to 35 °C and infection with black spot did not change the gross level of GUS activity.

In Zusammenarbeit mit: PD Dr. M. Fladung, BFH, Institut für Forstgenetik, Großhansdorf; PD Dr. K. Zoglauer, Humboldt-Universität, Berlin, Umweltbundesamt, Berlin, Ministerium für Umwelt, Naturschutz und Forsten des Landes Schleswig Holstein.

(BAZ-6146)

3.2 Untersuchungen über das Ausmaß von Genfluss von Kulturrosenbeständen in benachbarte natürliche Bestände

Analyses of gene flow between artificial and natural field populations of roses

Hattendorf A.; Debener, T.; Schreiber, M.

Zielsetzung/Aim:

Intensive Arbeiten zur Entwicklung transgener Rosen in verschiedenen nationalen und internationalen Forschungseinrichtungen erfordern neue Instrumente zur Unterbindung einer unbeabsichtigten Ausbreitung der eingebrachten Fremdgene in Wildpopulationen sowie zur Beurteilung der Wahrscheinlichkeit der Ausbreitung dieser Gene durch Pollenübertragung.

Eine besondere Problematik transgener Rosen liegt darin, dass Rosen als Gehölze langlebig sind und als Einzelpflanze z. T. mehrere Jahrzehnte überdauern. Damit kann es zu einer lang andauernden Einwirkung des übertragenen Fremdgens auf die Umwelt kommen. Weiterhin sind in der heimischen Flora Populationen von Wildrosenarten vorhanden, mit denen Kulturrosen potentiell kreuzbar sind, so dass eine Verbreitung von Transgenen in natürlichen Wildpopulationen nicht ausgeschlossen werden kann. Dieser Bereich erlangt besondere Bedeutung durch die Tatsache, dass Rosen Fremdbefruchter sind, die u.a. von Insekten mit großem Aktionsradius (z. B. Hummeln) bestäubt werden.

As transgenic roses have been generated by various research institutions and private companies worldwide, research is needed to evaluate putative risks of unwanted gene flow from transgenic to natural populations. Of particular importance is the perennial life style of roses as well as their breeding system as insect pollinated outcrossers and the fact that natural populations of wild

species are widely distributed over the northern hemisphere. Therefore new strategies to suppress outcrossing of transgenic roses as well as research investigating the rate of gene flow from cultivated to natural populations is needed.

Ergebnisse:
Teilprojekt 1

Im Teilprojekt 1 wird die Ausbreitung von Pollen der tetraploiden Sorten ‘Pariser Charme’ und ‘Heckenzauber’ untersucht. Die Versuchsanlage ist so angelegt, dass im Zentrum die beiden Pollenspender (Zentralpflanze) und im Abstand von 1, 20 und 200 m Pollenempfänger der diploide, selbst inkompatible Genotyp 91/1-117(3) ringförmig angepflanzt wurden. Der Versuch wurde an drei Standorten angelegt, von denen einer nicht auswertbar ist. Am Standort Ahrensburg wurde im Zuge der Bodenbearbeitung die Gruppe von Fängerpflanzen im Abstand von 200 Metern vom Pollenspender zerstört. Daher stand nur Saatgut von sieben Gruppen von Fängerpflanzen zur Verfügung. Der Samenansatz war in allen Fängergruppen sehr hoch. Das ursprüngliche Ziel, alle gebildeten Blüten und Früchte zu erfassen und eventuelle Unterschiede zwischen den Fängergruppen zu untersuchen, konnte nicht realisiert werden, da einige Blüten vorzeitig abgeworfen oder durch Tierfraß zerstört wurden. Von den geernteten Samen wurden 500-1000 Samen ausgesät und stratifiziert. Entgegen der sonst beobachteten hohen Keimrate von Saatgut des Fängergenotyps wurde nur eine geringe Zahl an Keimpflanzen erhalten. An diesen Pflanzen wurden Markeranalysen mit bisher insgesamt vier informativen Mikrosatelliten durchgeführt. Für die meisten Pflanzen ist eine Bestäubung durch eine der beiden Zentralpflanzen-Genotypen ‘Pariser Charme’ und ‘Heckenzauber’ nicht nachzuweisen. Eine Stichprobe von 31 Pflanzen mit und ohne Satelliten-Marker wurde mit Hilfe der Durchflusszytometrie untersucht (Abb. 1).

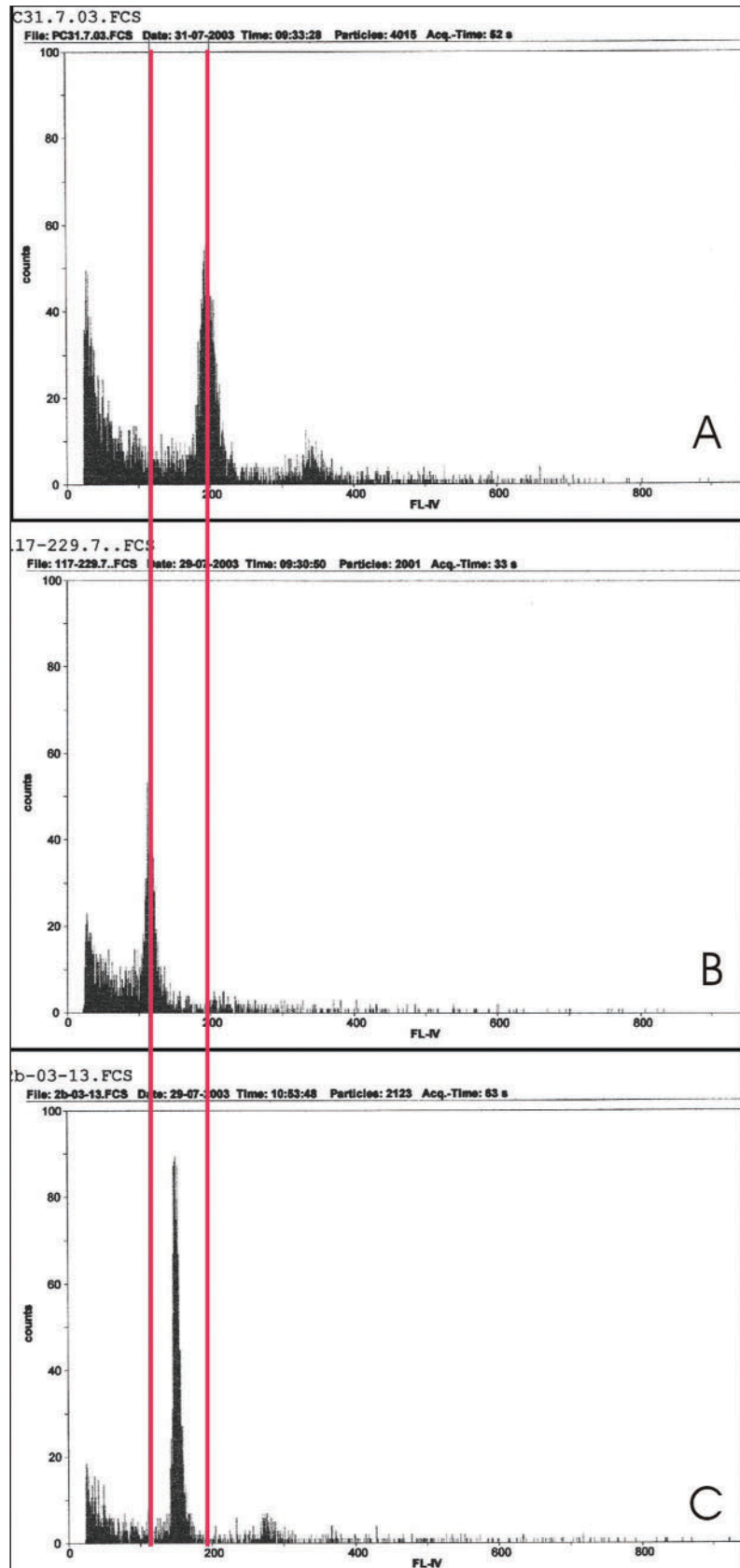


Abb. 1: Histogramme mit den relativen Fluoreszenzwerten von Zellkernen der tetraploiden Pollenspender (A), des diploiden Fängergenotyps (B) und einer von 31 getesteten Nachkommen (C). Die roten Linien kennzeichnen die Peaks der potentiellen Elternpflanzen

Fig. 1: Flow cytometry profiles of the tetraploid garden rose varieties used as pollen donor (A), the diploid self incompatible sink variety (B) and one out of 31 tested progenies derived from the sink variety (C). Red lines mark the peak positions of the putative parents

Tab. 1: Anzahl Pflanzen innerhalb der Fängergruppen am Standort Ahrensburg. Die Bezeichnungen a-c stellen die Fängergruppen in den verschiedenen Richtungen von der Zentralpflanzung dar

Table 1: Number of plants obtained from the different sink plot of the field experiment in Ahrensburg. In addition to the distances from the pollen source, a-c are plots in different orientation from the pollen source

Standort	N	Ohne Hinweis auf Fremdbestäubung (in %)	Mit Markern der Spenderpflanze (in %)	Mit Markern von außerhalb der Pflanzung (in %)
Zentralpflanzung	7	14	0	86
20m a	6	33	33	33
20m b	83	17	7	76
20m c	5	40	0	60
200m a	4	25	25	50
200m b	125	2	3	95

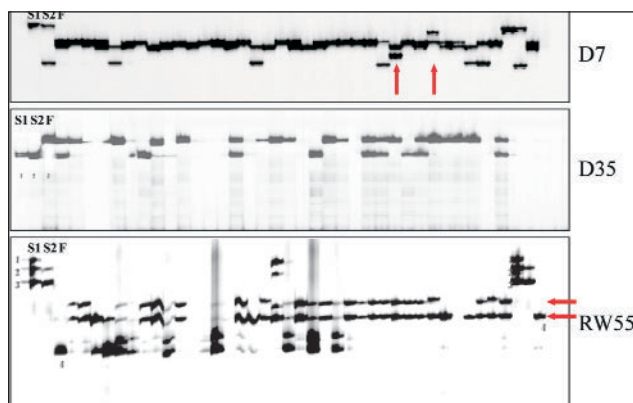


Abb. 2: Markeranalyse von Pollenspendern, Fängerpflanze und Nachkommenschaft der Fängerpflanzen mit drei verschiedenen Mikrosatelliten (D7, D35 und RW55). Die Spuren mit der Bezeichnung S1 und S2 stellen die Spenderpflanzen, F die Fängerpflanzen und die übrigen Spuren die Nachkommen der Fängerpflanzen dar. Marker, die weder in den Spender noch in den Fängerpflanzen auftreten und daher eine Bestäubung von außerhalb des Versuches anzeigen, sind mit roten Pfeilen markiert

Fig. 2: Analysis of pollen donor genotypes (S1 and S2) the sink genotype (F) and progeny from the sink plants (non labelled lanes) with three different microsatellite markers (D7, D35 and RW55). Marker fragments not detectable in both, the pollen donor and the sink plants, indicate fertilisation from outside the experiment are marked with red arrows

Das Ergebnis zeigt, dass die relativen Fluoreszenzwerte aller 31 Pflanzen zwischen denen der tetraploiden Pollenspender ('Pariser Charme' und 'Heckenzauber') und dem der diploiden Mutter liegen, die Pflanzen also triploid sind. Dies lässt den Schluss zu, dass alle Pflanzen aus einer Fremdbestäubung durch einen tetraploiden Pollenspender hervorgegangen sind.

Zusammengefasst liegen bisher folgende Ergebnisse vor:

- Der Anteil der Pflanzen, die von den Zentralpflanzen bestäubt wurden, ist auch bei der Fängergruppe in 1 m Abstand von den Zentralpflanzen sehr gering (Tabelle1).
- Alle Nachkommen sind aus Fremdbestäubungen hervorgegangen.
- Der Anteil der von außerhalb der Versuchsanlage bestäubten Pflanzen stellt einen erheblichen Teil aller Bestäubungen dar und erreicht bis zu 95 % (Abbildung 2)
- Die Fängergruppen mit den größten Anteilen an gekeimtem Saatgut und Fremdbestäubungen liegen in direkter Nachbarschaft anderer Rosenpflanzungen des IZZ.
- Die bisherige Auflösung reicht mit vier analysierten Mikrosatelliten noch nicht aus um alle Fängerpflanzen eindeutig auszuwerten. Daher sind weitere Markeranalysen notwendig.

Aus den bisher erhaltenen Daten kann geschlossen werden, dass der Genfluss von den Spendersorten 'Pariser Charme' und 'Heckenzauber' in die Bestände der Fängerpflanzen hinein nur sehr gering ist und die überwiegende Mehrheit der Pflanzen durch Bestäubungen von außerhalb der Versuchsanlage entstanden ist.

Teilprojekt 2

Im Rahmen des Teilprojektes 2 sollten Wildarten, die in der Nähe von größeren Kulturrosenbeständen wachsen, auf das Vorhandensein von kulturrosenspezifischen Allelen untersucht werden. Hierzu wurden an fünf Standorten in der Nähe größerer Versuchsfelder von Rosenzüchtern Blattmaterial und Saatgut von den Rosenwildarten geerntet und DNA aus Blättern und aus Pools von je drei Samen isoliert. Danach wurden Mikrosatelliten ausgewählt, die typische Allele von Kulturrosen identifizieren und nicht in den beernteten Pflanzen der Wildarten vorhanden sind. In insgesamt 620 Dreierpools der Wildpflanzen (nicht näher bestimmt) konnten bisher keine Allele von Kulturrosen detektiert werden.

Aufgrund der geringen Überlappung der Blütezeit der Kulturrosen mit einheimischen Rosenarten wurde die Strategie geändert und in 2002 zwei Bestände von *R. rugosa* und Einzelpflanzen von *R. canina*, *R. majalis* und *R. roxburghii* in Ahrensburg beerntet. *R. rugosa* ist eine eingeführte und flächendeckend verwilderte Rosenart aus Asien und weist eine für Wildarten extrem lange Blühperiode bis in den Herbst hinein auf. Von den zwei Beständen wurde in größerem Umfang Saatgut geerntet und bisher je 1000 Jungpflanzen aufgezogen. Bisher wurden von der Ernte auf *R. rugosa* zwei Pools von je 100 Proben mit jeweils 3

Pflanzen mit drei Mikrosatelliten untersucht. In keinem der Fälle konnte dabei ein Marker für Kulturreisen detektiert werden (Abb. 3). Da im Jahre 2003 durch eine Zusammenarbeit etwa 100 neue Mikrosatellitenmarker zur Verfügung standen, werden zur Zeit weitere Marker für die Unterscheidung zwischen Wild- und Kulturreisen selektiert.

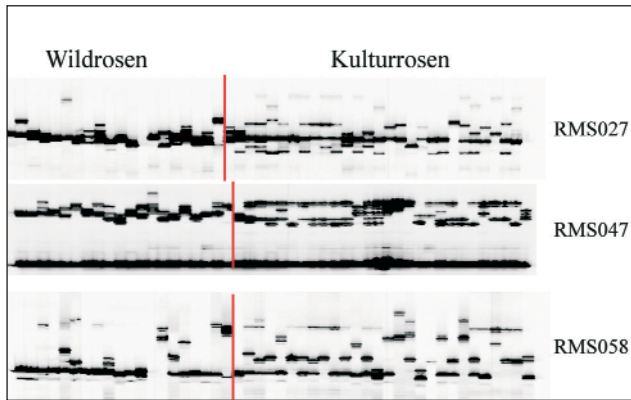


Abb. 3: Test dreier neuer Mikrosatellitenmarker (RMS027, RMS047 und RMS058) in Wild- und Kulturreisen auf sortenspezifische Allele

Fig. 3: Test of three new rose microsatellites (RMS027, RMS047 and RMS058) to differentiate wild and cultivated roses

Abstract:

Experiments to measure the geneflow in rose plantations were conducted in two subprojects with microsatellite markers. In the first subproject gene flow between tetraploid garden roses and self incompatible diploid genotypes was estimated with so far four markers. The majority of the progeny tested up to now resulted from pollinations from outside the plantation. The result of a ploidy analysis of a subset of this population via flow cytometry showed that all plants are triploid. In the second subproject gene flow from cultivated into wild rose populations was investigated. As we could not detect any cultivated rose alleles in several thousand samples of endemic species in previous experiments we analysed a sample of *R. rugosa* plants which generally exhibit a flowering period overlapping significantly with those of cultivated roses. In the first samples comprising 600 plant no alleles from cultivars could be detected so far.

In Zusammenarbeit mit: Dr. Ben Vosmann, PRI, Wagenin- gen; Dr. Sriyani Rajapakse, Clemson University, USA; Concipio GmbH, Sangerhausen; Fa. Kordes Söhne, Klein Offenseth; , Fa. Tantau, Uetersen; Fa. Noack, Gütersloh

(BAZ-6147)

4. Evaluierung und Erschließung pflanzen- genetischer Ressourcen Evaluation and exploitation of plant ge- netic resources

4.1 Erschließung genetischer Ressourcen für die züchterische Weiterentwicklung von Dahlia-Hy- briden Exploitation of genetic resources for breeding of Dahlia hybrids

Behr, H; Grunewaldt, J.

Zielsetzung/Aim:

Unter den Stauden sind die Dahlien von besonderem Zierwert. Die wirtschaftliche Nutzung ist wegen einer Reihe unbefriedigender Eigenschaften, wie mangelnde Resistenz gegen Viren, Pilze und Bakterien, wegen Frostanfälligkeit und unzureichender Lager- und Transporteigenschaften, begrenzt. Wichtige Zuchtziele beziehen sich daher auf die Pflanzengesundheit, aber auch auf kontrastreiche Blütenfarben und deren Konstanz, die Petalenausprägung, den Aufblühtermin und die Blühdauer. Die komplexe Genomstruktur, die vor allem auf einer hohen Ploidiestufe beruht, sowie die Blüten- und Befruchtungsbiologie sind bei *Dahlia* bisher nicht systematisch bearbeitet. Die Evaluierung und Erschließung benötigter Ressourcen sowie die Ergänzung bestehender Zuchtmethoden durch neuere, molekulargenetische Ansätze sind daher Gegenstand des Forschungsprojektes.

Among the herbaceous plants Dahlias have an outstanding ornamental value. The economic importance of *Dahlia* is limited due to a number of lacking plant and growth characters. The complex genome structure and the flowering and reproduction biology are not yet investigated systematically. Thus the application of existing breeding methods and the integration of molecular techniques is limited. It is the aim of this research project to develop this area.

Ergebnisse:

Im Jahr 2003 lag der Schwerpunkt auf der Testung umfangreichen Dahlienmaterials auf Toleranz gegen Erysiphe cichoracearum, den Dahlien-Mehltau. Dieses umfasste im Jahr 2002 als mehltautolerant selektierte F₁-Pflanzen aus isolierter Abblüte mehltautoleranter Eltern, unselektierte Sämlinge der oben genannten Isolierung und eine Kontrollgruppe. Die selektierten F₁-Pflanzen sind Nachkommenschaften von fünf getrennt beernteten Mutterpflanzen zuzuordnen (Tab. 1). Die Anzahl selektierter, mehltautoleranter F₁-Pflanzen lag zwischen vier und zwölf.

Zur Prüfung in 2003 wurden die selektierten F₁-Pflanzen verklont und je fünf Klonteile aufgepflanzt. Die Prüfung der selektierten F₁-Pflanzen wurde an jeweils fünf Klonteilen durchgeführt.

Tab. 1: Anzahl selektierter F₁-Pflanzen innerhalb ausgewählter Nachkommenschaften

Table 1: Number of selected F₁ plants in selected progenies

Herkunft der Einzelpflanzen	Anzahl selektierter Einzelpflanzen
Nk 98	4
Nk 157	4
Nk 289	5
Nk 331	7
Nk 340	12

Nk=Nachkommenschaft, progeny

Zur Kontrolle des Selektionsfortschrittes bezüglich der Mehltautoleranz wurden 18 Klone à 32 Klonteile aufgepflanzt. Diese besaßen bereits in 2002 positive Sorteneigenschaften. Sie stammen von nicht auf Mehltautoleranz selektierten Ausgangspflanzen ab und werden hier als „Sortentypen“ geführt.

Zusätzlich zu den selektierten, verklonten F₁-Pflanzen wurden aus Restsaatgut der genannten Isolierung Nachkommenschaften mit jeweils 100 Sämlingen angebaut. Diese Nachkommenschaften (NK 98, 157, 289, 331 und 340) enthielten im Jahr 2002 im Vergleich mit anderen getesteten Nachkommenschaften den größten Anteil mehltautoleranter Genotypen.

Der Versuch wurde als Gitter angelegt, das im Abstand von 5 Metern von einem Infektionsstreifen mit einem verklonten, hoch anfälligen Dahliengenotyp durchzogen war. Dieser Genotyp bildete auch die geschlossene Umrandung der Anlage. Die Pflanzen dieser Infektionsstreifen wurden zur Unterstützung der natürlichen Infektion zweimal wöchentlich mit *Erysiphe cichoracearum* befallenen Dahlienblättern aus Gewächshauskultur inokuliert und zusätzlich zweimal wöchentlich morgens 15 Minuten über Kopf begregnet um eine ausreichende Luftfeuchte zu gewährleisten und die Verbreitung des Pilzes über Spritzwasser zu be-

günstigen. Die Bonitur umfasste neben der Boniturstufe 0 für befallsfrei mit zunehmendem Befall die Stufen 1, 2 und 3 (Abb.1). Die Bonitur des Pflanzenmaterials erfolgt nach Erreichen der Boniturstufe 3 an den Pflanzen des Infektionsstreifens.

Die in 2002 auf Einzelpflanzenbasis mit Boniturstufe 0 als mehltautolerant eingestuft Genotypen zeigten im Jahr 2003 auf Klonbasis deutliche Befallsunterschiede (Tab. 2).

Tab. 2: Anzahl Klone in Befallsklassen

Table 2: Number of clones in the susceptibility classes

Klone aus	Befallsklasse			
	0	1	2	3
Nk 98		1	2	1
Nk 157		1	1	2
Nk 289			1	3
Nk 331			2	5
Nk 340	2	3	1	1
Sortentypen				18

Nk=Nachkommenschaft, progeny

Innerhalb der Klone der Einzelpflanzenselektionen der Nachkommenschaft 340 zeigten zwei wie im Jahr 2002 trotz des erheblichen Infektionsdrucks die Befallsstufe 0, drei die Befallsstufe 1 und je einer die Befallsstufen 2 und 3. Von den Klonen der Einzelpflanzenselektionen aus Nachkommenschaft 98 zeigte einer die Befallsstufe 1, zwei die Befallsstufe 2 und einer die Befallsstufe 3. Von den Klonen der Einzelpflanzenselektion aus Nachkommenschaft 157 wies einer die Befallsstufe 1, einer die Befallsstufe 2 und zwei die Befallsstufe 3 auf. Innerhalb der geprüften Klone der Nachkommenschaft 289 zeigte einer die Boniturstufe 2 und drei die Boniturstufe 3. Die Klone der Selektionen aus Nachkommenschaft 331 wiesen in zwei Fällen die Boniturstufe 2 und in fünf Fällen die Boniturstufe 3 auf. Die achtzehn Klone der untersuchten Sortentypen zeigten ausnahmslos Befall der Boniturstufe 3.



Abb. 1: Boniturstufen des Mehltaubefalls bei Dahlien
Fig. 1: Classification of mildew infection

Beim Vergleich der Gruppe der auf Mehltautoleranz selektierten Genotypen und den Sortentypen wird die Verbesserung des Materials hinsichtlich der Mehltautoleranz deutlich.

Die als mehltautolerant selektierten Genotypen können zur weiteren Akkumulation der Toleranz gegen echten Mehltau an Dahlien, sowie zur Einkreuzung in anfälliges Sortenmaterial genutzt werden.

Der Anbau von F₁-Sämlingen aus denselben Nachkommenschaften wie 2002 (Tab. 1) ermöglicht die Selektion weiterer mehltautoleranter Genotypen und einen Vergleich der Befallsdaten 2002 und 2003. Aus den erhobenen Daten wird deutlich, dass in 2003 im gesamten Material eine stärkere Ausprägung des Mehltaubefalls zu verzeichnen war. Es fanden sich im Gegensatz zu 2002 keine Genotypen ohne Mehltaubefall. Die niedrigsten Befallsstufen waren der Boniturklasse 1 zuzuordnen (Tab. 3).

Tab. 3: Prozentualer Anteil von F₁-Planzen in Befallsklassen in den Jahren 2002 und 2003

Table 3: Percentage of plants in the susceptibility classes in 2002 and 2003

Nachkommen-	Befallsklasse					
	2002			2003		
schaft	0	1	>1	0	1	>1
Nk 098	5	58	37	0	5	95
Nk 157	5	25	70	0	1	99
Nk 289	7	25	68	0	1	99
Nk 331	13	25	62	0	5	95
Nk 340	19	25	56	0	3	97

Aus den Tabellen 2 und 3 wird deutlich, dass die Freilanddaten durch Wiederholung im Folgejahr mit verklonten Genotypen abgesichert werden müssen. Wünschenswert ist auch die Entwicklung eines witterungsunabhängigen Testsystems, welches eine bessere Vergleichbarkeit der Daten garantieren würde. Dieses System wird zur Zeit entwickelt.

Im Jahr 2003 konnte keine Beurteilung der durch den Pilz *Entyloma dahliae* verursachten Blattflecken vorgenommen werden, da auch die hochanfälligen Genotypen nur leichten Befall zeigten.

Abstract:

26 Genotypes of potential tolerance against powdery mildew (*Erysiphe cichoracearum*), selected in 2002, were cloned and retested in 2003. The material showed differences in the infection level. Fourteen genotypes expressed a lower infection level than the tested standard material. In 2003 a broad collection of Dahlia genotypes was tested for mildew (*Erysiphe cichoracearum*) tolerance. In general, the infection level was in 2003 higher than in 2002. How-

ever, among preselected material tested on a clone basis, the tolerance reaction could be verified. This indicates that the system to accumulate tolerance against powdery mildew is effective and can be used to integrate the tolerance in standard material.

In Zusammenarbeit mit : Prof. Otto, Lüneburg (BAZ-6129)

4.2 Schaffung der Grundlagen für die Hybridzüchtung unter Einbeziehung biotechnologischer Verfahren am Beispiel *Helleborus niger* L.

Basic research on hybrid breeding as demonstrated in *Helleborus niger* L.

Oenings, P.; Grunewaldt, J.

Zielsetzung/Aim:

Die Gattung *Helleborus* ist Teil der Familie der *Ranunculaceae* und umfasst 16 Arten. Diese sind in sechs Sektionen eingeteilt: Mathew (1989) und Sun et al. (2001) mit einem deutlichen Übergewicht in der Sektion *Helleborastrum*:

Sektion	Art
I Syncarpus	<i>H. vesicarius</i> Aucher ex Boiss.
II Griphopus	<i>H. foetidus</i> L.
III Chenopus	<i>H. argutifolius</i> Viv. <i>H. lividus</i> Ait. F.
IV Helleborus	<i>H. niger</i> L.
V Helleborastrum	<i>H. orientalis</i> Lam. <i>H. croaticus</i> Martinis <i>H. cyclophyllus</i> Boiss. <i>H. purpurascens</i> Waldst. & Kit. <i>H. torquatus</i> Archer-Hind <i>H. atrorubens</i> Waldst. & Kit <i>H. dumetorum</i> Waldst. & Kit. Ex Willd. <i>H. viridis</i> Boiss. <i>H. odoratus</i> Waldst. & Kit. Ex Willd. <i>H. multifidus</i> Vis.
VI Dicarpon	<i>H. tibetanus</i> Franch.

Zielsetzung/Aim:

Marktfähige Sorten von *Helleborus niger*, der Christrose, können bisher nur in begrenztem Umfang vegetativ vermehrt werden, so dass die Bereitstellung von Jungpflanzen nur aus Samen wirtschaftlich darstellbar ist. Daraus folgt, dass Zuchtziele nicht im Rahmen einer Klonzüchtung erreicht werden können. Bei der genetischen Konstitution der genutzten *Helleborus*-Art sind die Zuchtziele auch nicht durch fortgesetzte Populations- oder Linienzüchtung

umzusetzen, sondern nur durch die Etablierung einer Hybridzüchtung, die ein Höchstmaß an phänotypischer Einheitlichkeit mit Hybridleistung kombiniert. Gleichzeitig stellen Hybridsorten bei generativ vermehrten Arten den sichersten Sortenschutz dar. Für *Helleborus*-Arten sind Hybridzüchtungssysteme nicht etabliert. Die Voraussetzungen dafür unter Einsatz biotechnologischer Methoden zu schaffen, sind Ziele des Forschungsvorhabens.

Existing varieties of *Helleborus niger*, the Christmas Rose, can be multiplied vegetatively only on a very small scale. Thus the production of planting material is performed as seedlings. The highly heterozygous constitution of *Helleborus niger* and the high degree of cross fertilization results in an undesired offspring in seedling populations. The development of hybrid varieties would guarantee a high degree of homogeneity within varieties and the protection of variety rights. The aim of the research program is to develop methods for a hybrid breeding system.

Ergebnisse:

Aufbauend auf erarbeiteten Ergebnissen konnte der Ploidiegrad bei einer großen Anzahl bereits vorhandener und erstellter Inzuchtpflanzen mittels flow cytometrischer Untersuchungen mit einer Chromosomengrundzahl von 32 bestimmt werden. Ferner befinden sich auch einige Genotypen mit einer von 32 abweichenden Chromosomenrundzahl unter den analysierten Inzuchtpflanzen. Diese Pflanzen wurden verworfen, da Aneuploidie, in allen untersuchten Fällen eine Hypoploidie, die Bildung nicht funktionsfähiger Gameten begünstigt.

Da der Erfolg einer Hybridzüchtung wesentlich von der Verschiedenheit der verwendeten Eltern und dem Grad der Homozygotie abhängt, wurden Einzelpflanzen aus Inzuchtlinien unterschiedlicher Abstammung und Inzuchtgeneration nach dem Phänotyp selektiert. Als Grad für Reinheit diente indirekt die Aufspaltung innerhalb der Nachkommenschaft von ingezüchteten Einzelpflanzen.

In einem nächsten Schritt wurden potentielle Hybridsorteneltern, also jene mit einer hohen genetischen Verschiedenheit, für die Testung der allgemeinen Kombinationseignung aufgrund ihres Genotypes selektiert. Dazu wurden Fingerprints von Einzelpflanzen, die aus verschiedenen Inzuchtlinien aber gleicher Inzuchtgeneration stammten, erstellt.

Zur Erstellung der Fingerprints wurde zunächst die RAPD-Methode gewählt. Bei diesem Verfahren arbeitet man mit kurzen Primern, die aus 10, 15 oder 20 Nucleotiden bestehen. Mittels PCR-Technik lassen sich Bandenmuster gewinnen, die genotypspezifisch sind. Die Fingerprints ermöglichen den Vergleich von Genotypen untereinander. Treten dabei durch Fehlen einzelner Banden oder zusätzliche Banden Abweichungen auf, kann auf genetische Unterschiede zwischen den verglichenen Genotypen geschlossen werden. Die Anzahl abweichender Banden ist

gleichzeitig ein Weg zur Quantifizierung des genetischen Unterschiedes zwischen untersuchten Pflanzen. Nach Testung einer größeren Anzahl von Primern konnten Polymorphismen zwischen den untersuchten Pflanzen festgestellt werden.

Da die Anzahl der Banden pro PCR jedoch sehr gering ist, wurde in einem nächsten Schritt das AFLP-Verfahren für *Helleborus niger* angepasst. Diese Technik zur Erstellung von Fingerprints basiert auf der selektiven PCR von Restriktionsfragmenten, die bei einem vollständigen Restriktionsverdau genomischer DNA entstehen.

Nach Auswahl geeigneter Restriktionsenzyme und dazugehörigen Ligationsadaptern wurden insgesamt etwa 900 Primer getestet. Von diesen 900 Primern generieren 30 neben identischen Banden auch Polymorphismen.

Mit den 30 polymorphen Primern wurden mehrmals jeweils 60 Pflanzen aus einer Inzuchtgeneration untersucht und die erzeugten Banden (Abb.1) konnten mittels Computerprogramm (NTSYSpc21) in einen Stammbaum übertragen werden (Abb.2). Der auf der x-Achse aufgetragene Koeffizient reicht von 1,00 bis (theoretisch) 0. Dabei nimmt die genetische Übereinstimmung im paarweisen Vergleich von 1 (völlige Übereinstimmung) bis 0,36 (sehr geringe identische Genomanteile) ab. So sind z.B. die Pflanzen Nr. 5-20 und Nr. 5-23 identisch, die Pflanzen Nr. 5-40 und Nr. 5-99 besitzen dagegen nur noch eine genetische Übereinstimmung von etwa 0,78. In dem durchgeführten Vorhaben sind solche Genotypen von Interesse, deren genetischer Abstand Werte kleiner als 0,60 aufweist.

Abb. 2 zeigt, dass in dem untersuchten Material im paarweisen Pflanzenvergleich diese Genotypen nicht vorkommen. Sie sind jedoch stark vertreten, wenn in den Vergleich mehr als zwei Pflanzen einbezogen werden, z. B. Pflanzen Nr. 5-30, Nr. 5-40 und Nr. 5-84.

Mittels dieser Methode, die bei *Helleborus niger* bisher nicht anwendbar war, konnten im Winter 2002/2003 180 potentielle Hybridsorteneltern aus verschiedenen Inzuchtgenerationen aus einem Feldbestand selektiert werden. Damit ist eine effiziente Unterstützung der bisher allein nach dem Phänotyp erfolgten Selektion von Hybrideltern möglich geworden.

Selbstung ausgewählter Genotypen und Aufzucht von Selbstungsgenerationen

Die aufgrund des geschilderten Verfahrens ausgewählten Inzuchtpflanzen wurden zur Herstellung fortgeschrittener Inzuchtgenerationen verwendet.

Jeweils drei Blüten pro selektierter Pflanze wurden dazu bei noch geschlossener Blüte mit einer Pergamintüte isoliert. Etwa eine Woche später, sobald die Blüte sich unter der Tüte öffnete bzw. die weiblichen und männlichen Blütenorgane befruchtungsfähig waren, wurde mittels Pinzet-

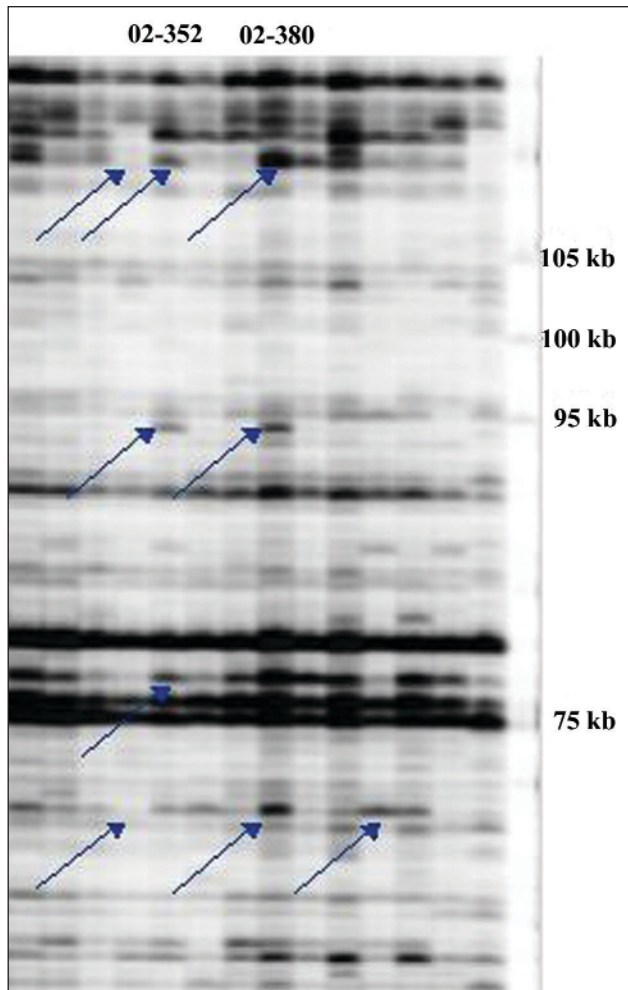


Abb.1: Ausschnitt eines AFLP-Fingerprints von *Helleborus niger* Pflanzen. Die Pfeile markieren Polymorphismen bei den Pflanzen Nr. 02-352 und Nr. 02-380 im Vergleich zu Fingerprints anderer, benachbart dargestellter Pflanzen

Fig. 1: AFLP fingerprints of different *Helleborus niger* plants. Differences between the plants No 02-352 and No 02-380 and others analysed are marked

te Pollen einer Blüte auf die Narbe der gleichen Blüte überführt. Nach erfolgreicher Bestäubung und anschließender Befruchtung dauert es mehrere Wochen bis das Saatgut ausgereift ist. Das geerntete Selbstungssaatgut, von im Mittel etwa 70 Samen je Pflanze, wurde zur Aufzucht von Inzuchtplanzen im Winter 2003 ausgesät.

Generell können Aussagen über den erforderlichen Inzuchtgrad zur Herstellung marktfähiger F_1 -Hybriden bei *Helleborus niger* noch nicht getroffen werden. Dazu sind weitere Testkreuzungen durchzuführen.

Auswahl von Hybridsorten-Eltern

Testung der allgemeinen Kombinationseignung

Da *Helleborus*-Pflanzen in verschiedenen Inzuchtgenerationen vorhanden sind, wurde mit der Testung der allge-

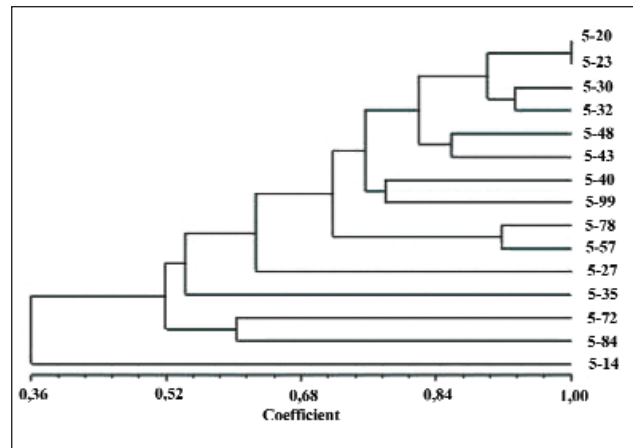


Abb. 2: Darstellung der genetischen Diversität von 15 *Helleborus niger* Pflanzen

Fig. 2: Genetic diversity of 30 *Helleborus niger* plants based on AFLP fingerprints

meinen Kombinationseignung im Winter 2001/2002 begonnen. Dazu wurden mittels Fingerprints fünf Pollenspenders ausgewählt und mit einer Gruppe von 33 eingezüchteten Pflanzen bestäubt. Die geernteten Samen aus diesen insgesamt 165 Kreuzungen wurden getrennt ausgesät, wobei die Anzahl der Samen je Kreuzung zwischen 10 und 54 variierte.

Die Testkreuzungen wurden im Winter 2002/2003 mit weiteren 35 potentiellen Hybridsorteneltern fortgesetzt und gestalteten sich aufgrund der fortgeführten Primertesting noch effektiver. Denn es konnten weitere Primer, die neben identischen auch polymorphe Banden generieren, angewendet werden. Daraus resultiert eine mathematisch-statistisch gesichertere Methode für eine praxistaugliche Selektion von Hybrideltern.

Testung der speziellen Kombinationseignung

Die Anzahl erhaltener Jungpflanzen aus den Kreuzungen zur allgemeinen Kombinationseignung im Winter 2001/2002 variiert zwischen 5 und 45. Diese blühen im Winter 2003/2004. Nach Bonitur dieser Pflanzen kann mit der Prüfung auf spezielle Kombinationseignung begonnen werden.

Vermehrung ausgewählter Hybridsorten-Eltern in vivo und in vitro

Da die vegetative Vermehrung von *Helleborus niger* mittels konventioneller Teilung der Rhizome nur eine sehr geringe Pflanzenmenge liefert, erlangt die in vitro Vermehrung eine besondere Bedeutung. Insbesondere der mütterliche Elter wird als Samenträger in einer ausreichend großen Stückzahl benötigt, um genügend F_1 -Saatgut produzieren zu können.

Einige Kreuzungspartner aus den Versuchen zur allgemeinen Kombinationseignung wurden bereits ausgewählt und in vivo und in vitro vermehrt. Als Explantate können u. a. Sprossspitzen verwendet und auf festem Nährmedium un-

ter sterilen Bedingungen kultiviert werden. Dabei kommt dem Nährmedium und insbesondere den verwendeten Phytohormonen bzw. deren Menge eine den Erfolg bestimmende Rolle zu.

Sprossspitzen, die aus in vivo Pflanzen entnommen werden, sind extrem mit Endophyten kontaminiert. Dieses bedingt eine Ausfallrate in den in vitro Kulturen von nahezu 100 Prozent in den ersten Kulturwochen.

Abb. 3 zeigt den Anteil überlebender Explantate nach 25 Tage auf sterilen Nährmedien. Bereits nach vier Tagen ist ein Großteil der Explantate von Genotyp C abgestorben. Nach 15 Tagen leben noch etwa 24 Prozent der Explantate von Genotyp B und etwa fünf Prozent von Genotyp A. Alle Explantate von Genotyp C sind zu diesem Zeitpunkt abgestorben. Nach 25 Tagen leben nur noch 2 Prozent von Genotyp A.

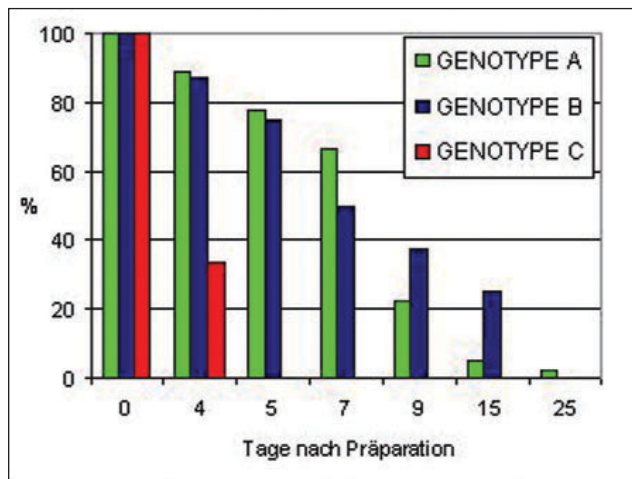


Abb. 3: Prozent überlebender Explantate von drei *H. niger* Genotypen nach in vitro Kultur auf verschiedenen Nährmedien

Fig. 3: Percentage of surviving shoot-tip explants of three *H. niger* genotypes after days of in vitro culture

Die hohen Ausfallraten sind Anlass, andere Explantate als Sprossspitzen zu verwenden. In umfangreichen Versuchsansätzen wurde deshalb begonnen, Teile vom Blatt, Blattstängel, Blütenstiel, Blütenboden, aber auch ganze Fruchtknoten, Antheren oder Samenanlagen von *Helleborus niger* zu kultivieren.

Diese Präparate werden auf speziellen Medien ausgelegt und kultiviert. Es ist dabei das Ziel, die Explantate zur direkten Regeneration von Pflanzen über eine somatische Embryogenese anzuregen. Dies soll in weiteren Versuchen erreicht werden.

Abstract:

The genome of *Helleborus niger* includes 32 chromosomes within four chromosomes sets with eight chromosomes each. Theoretically the resulting, tetraploid constitution expresses autotetraploidy with a corresponding off-

spring in cross and selfing progenies. However, the spontaneous outcrossing between *Helleborus* species may also result in allotetraploid genotypes.

The obtained seed set in different cross combinations can besides other explanations, also be interpreted as the occurrence of aneuploids. Most of the analysed *Helleborus* plants show a tetraploid constitution, two were aneuploid and one hexaploid. To identify individual genotypes on a fingerprint basis about 900 primers have been tested, some of them suitable to demonstrate polymorphism. As expected, the genetic diversity within a collection of 30 selected *H. niger* types is rather low. The finger print difference between individuals of species is, however, obvious.

Using AFLP fingerprints the genetic diversity between individuals of inbreeding generations was quantified. In combination with morphological traits potential hybrid parents were selected on the basis of demonstrated genetic diversity in the respective fingerprints. General and specific combination ability are under testing on a large extent.

In Zusammenarbeit mit: Fa. Heuger, Glandorf

(BAZ-6152)

4.3 Erschließung von Resistenzquellen gegenüber dem Erreger des Falschen Mehltaus (*Peronospora sparsa* Berk.) in Rosen Evaluation of new sources of resistance against downy mildew Debener, T.; Schulz, D.

Zielsetzung/Aim:

Durch den Befall mit tierischen und vor allem pilzlichen Schaderregern entstehen für die Produzenten von Garten- und Schnitrosen hohe Verluste. Unter den pilzlichen Erkrankungen zeigt der Falsche Mehltau sowohl für den Anbau von Garten- als auch von Schnitrosen eine rasch zunehmende Verbreitung. Bevorzugt werden junge Pflanzenteile befallen. Eine Infektion mit *Peronospora sparsa*, die auch systemisch sein kann, führt innerhalb kürzester Zeit zu rötlichen Blattpflecken und zum Verlust der Blätter und dem anschließenden Absterben der befallenen Pflanzen. *P. sparsa* überdauert als Myzel in den Stängeln oder mit Oosporen in den Blättern und Stängeln der Rose. Der Befall kann sich unter günstigen Bedingungen, bevorzugt bei kühler, feuchter Witterung, in kürzester Zeit epidemisch im gesamten Bestand ausbreiten, wie es im Jahr 2002 zum Teil zu beobachten war (Abb. 1). Eine wirksame Behandlung mit Pflanzenschutzmitteln ist nur vorbeugend möglich und Resistenzträger im bestehenden Rosenzuchtmaterial sind bisher nicht bekannt. Die restriktive Pflanzenschutzmittelgesetzgebung im Sinne des Umwelt- und Verbraucherschutzes erschwert die Bekämpfung des Falschen Mehltaus zusätzlich. Die Identifizierung, Charakterisierung und Erschließung resistenter Rosengentypen ist Ziel der Untersuchungen.



Abb.1: Starker Befall mit Falschem Mehltau (*Peronospora sparsa*) im Feld 2002

Fig. 1: Infection with downy mildew (*Peronospora sparsa*) in the field in 2002

The incidence of downy mildew (*Peronospora sparsa*) in cut and garden roses is becoming a widespread problem with important financial losses for the producers. Infection usually occurs on young plant parts. Infected leaves develop purplish red to dark irregular spots. Leaflets often become yellow and drop prematurely resulting in a naked flower stem and infected plants may be killed. *Peronospora sparsa* can be systemic in roses. It overwinters as mycelium in stems or as oospores in leaf debris or rose stems. Under optimal conditions with a long cool and rainy period like in Germany in 2002, *P. sparsa* can spread in the whole field (Fig. 1). The restricted legislation for the use of pesticides and the absence of resistant rose genotypes in current breeding demand for research to identify and characterize resistant genotypes.

Ergebnisse:

Evaluierung natürlicher Rosengenotypen

Wild- und Gartenrosen wurden auf Resistenz gegen den falschen Mehltau mit einer Mischkultur des Erregers *Peronospora sparsa* (Herkunft: Rosenzuchtgarten, Sommer 2002) untersucht.

Bei einer Temperatur von 12 - 16 °C bei gesättigter Luftfeuchtigkeit wurden die zu untersuchenden Genotypen im „detached leaf assay“ in einer Feuchtekammer mit einer Inokulumdichte von 1 - 2 x 10⁴ Konidien/ml des Pathogens *P. sparsa* inkubiert. Anhand des Boniturschemas (nicht anfällig = keine Symptome, resistent = Nekrosen, schwach anfällig = bis 10 Konidienträger, anfällig = bis 25 Konidienträger, hoch anfällig = mehr als 25 makroskopisch sichtbare Konidienträger) erfolgte die Resistenzbewertung. Hierbei konnten deutliche Unterschiede in der Anfälligkeit einiger Wildrosen aber auch von Gartenrosen festgestellt werden.

Von getesteten 53 Wildrosen zeigten 8 keinerlei Anfälligkeit und 12 besaßen Resistenzmerkmale, wie leichte Nekrosen an den Inokulationsstellen. Die restlichen 33 Genotypen waren im Test anfällig, davon 8 in besonders hohem Maße (Tab. 1). Von 35 untersuchten Gartenrosen zeigte nur eine Sorte keine Anfälligkeit, zehn waren resistent und von den übrigen 24 Sorten waren 5 hoch anfällig.

Evaluierung gentechnisch veränderter Rosengenotypen

Transgene Pflanzen der Sorten ‘Heckenzauber’, Linie 20 (Abb. 2) und ‘Pariser Charme’, Linien 1 bis 19 und 21 bis 30 (Abb. 2), die verschiedene antifungale Proteine konstitutiv exprimieren, wurden auf ihre Anfälligkeit gegen den Falschen Mehltau untersucht. Durch die Transformation sollte eine generell wirkende verminderte Anfälligkeit der transgenen Rosen gegenüber pilzlichen Erregern erreicht werden. Inokuliert wurden die transgenen Pflanzen mit einer geringen Sporenkonzentration von 1-2 x 10³ Koni-

Tab. 1: Resistenz von Wildrosen-Arten gegen den Falschen Mehltau (*Peronospora sparsa*). Inokulation mit 2 x 10⁴ Sporen/ml; 10 µl Infektionstropfen; Auswertung nach 14 Tagen; n = Anzahl der Versuche

Table 1: Resistance of wild roses for downy mildew (*Peronospora sparsa*). Inoculation with 2 x 10⁴ spores/ml; 10 µl inoculation drop; disease evaluation 14 dpi; n = number of experiments

Genotyp	n	Genotyp	n
nicht anfällig		anfällig	
<i>R. agrestis</i>	3	<i>R. californica</i> v. <i>plena</i>	1
<i>R. arvensis</i>	3	<i>R. chinensis</i>	1
<i>R. corymbifera</i> "Laxa"	2	<i>R. foetida</i> <i>bicolor</i>	2
<i>R. foliolosa</i>	2	<i>R. helenae</i>	3
<i>R. iberica</i>	2	<i>R. hibernica</i>	2
<i>R. majalis</i>	3	<i>R. hirtella</i>	2
<i>R. rubiginosa</i>	1	<i>R. kordesii</i>	3
<i>R. rubiginosa</i>	3	<i>R. macrophylla</i> 1	2
resistent (Nekrosen)		<i>R. nutkana</i>	3
<i>R. bella</i>	2	<i>R. omeiensis</i> <i>ptera.</i>	3
<i>R. gallica</i> <i>velutinosa</i>	2	<i>R. patrizia</i>	1
<i>R. glutinosa</i>	2	<i>R. pendulina</i> x <i>spinossissima</i> v. <i>lang.</i>	1
<i>R. lunellii</i>	1	<i>R. pendulina</i> x <i>spinossissima</i>	3
<i>R. multiflora</i> 94	1	<i>R. pomifera</i> <i>engadinensis</i>	2
<i>R. multiflora</i> 93	1	<i>R. prattii</i>	2
<i>R. multiflora</i> <i>plat.</i>	2	<i>R. spinosissima</i>	3
<i>R. roxburghii</i>	3	<i>R. suffulta</i>	2
<i>R. rugosa</i> <i>alba</i>	3	<i>R. webbiana</i>	2
<i>R. tomentosa</i>	3	hoch anfällig	
<i>R. virginiana</i>	2	<i>R. bella</i>	2
<i>R. woodsii</i> <i>fendleri</i>	3	<i>R. caudata</i>	2
schwach anfällig		<i>R. foetida</i> <i>persiana</i>	1
<i>R. californica</i> v. <i>plena</i>	2	<i>R. gallica</i> <i>violaceae</i>	2
<i>R. canina</i> v. <i>nervulosa</i>	2	<i>R. hemsleyana</i>	2
<i>R. canina</i>	1	<i>R. multiflora</i> x <i>wichur.</i>	1
<i>R. mollis</i>	3	<i>R. pomifera</i> <i>typica</i>	1
<i>R. multibracteacea</i>	2	<i>R. wichuraiana</i> Ahr.	1
<i>R. pendulina</i>	3		
<i>R. texarcana</i>	1		

dien/ml des Pathogens. Die bisherigen Ergebnisse deuten darauf hin, dass aus den verschiedenen Gruppen (pGJ28-RIP, pGJ36-Chi, Lysozym, pGJ42-RP/Chi, T4-Lysozym) einige der Linien deutlich weniger anfällig gegenüber dem Erreger des Falschen Mehltaus sind als die nicht transgenen Kontrollpflanzen (Abb. 2). Die Linie Nr. 8 (Abb. 2) verhält sich nach Inokulation mit drei Einsporlinien des Erregers des Echten Mehltaus ebenfalls resistenter als die Ausgangssorte 'Pariser Charme'.

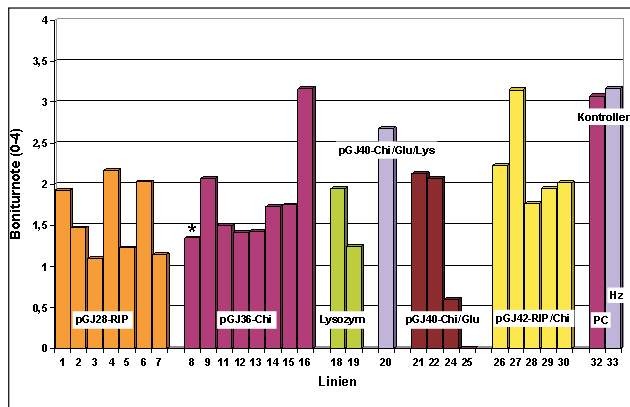


Abb. 2: Resistenz von transformierten Rosen gegen *Peronospora sparsa*. Expression antifungaler Proteine bei 'Heckenzauber' (Hz) und der daraus entwickelten transgenen Linie Nr. 20, 'Pariser Charme' (PC) und den daraus entwickelten transgenen Linien Nr. 1-19 und 21-30. RIP = Ribosomen inhibierendes Protein, Lysozym, Chi = Chitinase, Glu = Glucanase. Mittelwert der Boniturnote aus 4 Versuchen jeweils 7 Tage nach Inokulation. Die transgene Linie 25 wurde bisher nur einmal untersucht

* = transgene Linie, die auch gegen drei Einsporlinien des Echten Mehltaus resistenter ist als Sorte 'Pariser Charme'

Fig. 2: Resistance of transgenic roses against *Peronospora sparsa*. Expression of antifungal proteins in 'Heckenzauber' (Hz) transgenic Line No 20 out of 'Heckenzauber', and 'Pariser Charme' (PC) with the transgenic lines No 1-19 and 21-30. Ribosom inhibiting Protein = RIP, Lysozyme, Chitinase = Chi and Glucanase = Glu. Average estimation from 4 experiments, 7 dpi. Only data for one experiment with line 25 are available

* = transgenic Line, which shows higher resistance against 3 single spore isolates of powdery mildew as compared with non transgenic 'Pariser Charme'

Nachweis der exprimierten antifungalen Proteine (Chitinase und Glucanase)

Aufgrund der gefundenen erhöhten Resistenz einiger transgener Linien wurde die Expression der antifungalen Proteine näher untersucht. Hierzu wurden aus der Palette der exprimierten Proteine die polymerspaltenden Enzyme

Chitinase und Glucanase ausgewählt. Die Aktivität dieser Hydrolasen kann mit Hilfe eines colorimetrischen Tests im Detail untersucht werden (Wirth, S.J. & Wolf, G.A., 1990. J. Microbiol. Methods 12: 197-205). Da sich während der Extraktion der Enzyme verschiedene Inhaltsstoffe in den Rosenblättern als inhibierend erwiesen, mußte zuerst eine Optimierung der Extraktionsbedingungen durchgeführt werden. Es zeigte sich der Zusatz von löslichem PVP aber auch von PEG als vorteilhaft (Abb 3).

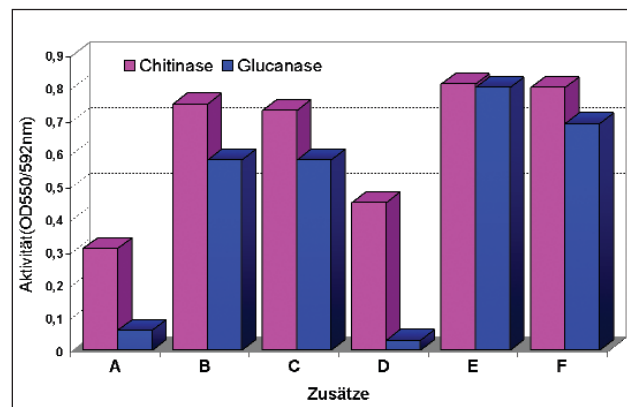


Abb. 3: Chitinase- und Glucanaseaktivität in transgenen Rosen nach Extraktion mit verschiedenen Zusätzen zum Extraktionspuffer. Zusatz A: Natriumacetatpuffer (NaAc), B: NaAc + PVP + PEG + Ascorbinsäure + BSA, C: NaAc + PVP, D: NaAc + Ascorbinsäure, E: NaAc + PEG, F: NaAc + PVP + BSA

Fig. 3: Activity of chitinases and glucanases in transgenic plants after extraction using different additives in extraction buffer. Additive A: Sodium acetic buffer (NaAc), B: NaAc + PVP + PEG + Ascorbic acid + BSA, C: NaAc + PVP, D: NaAc + Ascorbic acid, E: NaAc + PEG, F: NaAc + PVP + BSA

Nach Optimierung der Extraktionsbedingungen sind Chitinase- und Glucanaseaktivitäten in den transformierten Rosen mit Hilfe des colorimetrischen Tests quantitativ nachweisbar. Erste Untersuchungen belegen eindeutig die Bildung der Glucanase in den transformierten Rosen, welche hingegen in nicht transformierten Rosen nicht nachweisbar ist (Abb. 4), ohne aber bisher einen ursächlichen Zusammenhang mit einer erhöhten Resistenz belegen zu können. Schwieriger gestaltet sich der Nachweis einer Beteiligung der Chitinase an der Pathogenunterdrückung, da dieses Enzym auch in nicht transformierten Rosen gebildet wird. Weitere Untersuchungen zur abschließenden Bewertung dieser zwei Enzyme folgen. Die Ergebnisse können darüber hinaus auch für die Untersuchungen zur Resistenz in den Systemen Rose - Echter Mehltau und Rose - Sternrußtau, welche parallel mit den transgenen Linien durchgeführt werden, genutzt werden.

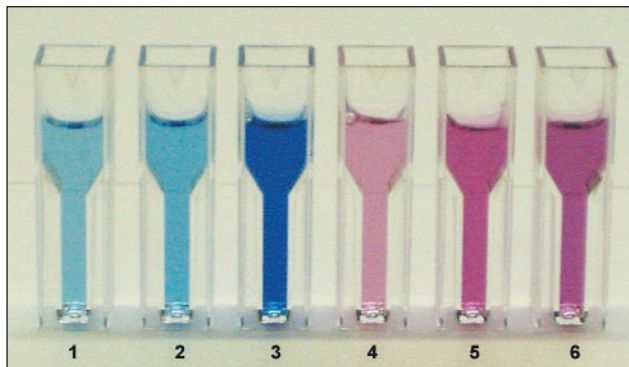


Abb. 4: Nachweis von Glucanasen (links 1-3) und Chitinasen (rechts 4-6). 1. Negativkontrolle Glucanase; 2. nicht transgene Sorte; 3. Glucanasenachweis in transgener Linie; 4. Negativkontrolle Chitinase; 5. Chitinasenachweis in nicht transgener Sorte; 6. Chitinasenachweis in transgener Linie

Fig. 4: Assay for glucanases (left 1 to 3) and chitinases (right 4 to 6). 1. Negative control for glucanases; 2. non-transgenic plant; 3. glucanases in transgenic plant; 4. negative control for chitinases; 5. chitinases in non-transgenic plant; 6. chitinases in transgenic plant

Abstract:

Fifty three wild roses and thirty five garden roses were tested for resistance against downy mildew with a mixed culture of *Peronospora sparsa* in a detached leaf assay. Eight genotypes of the wild roses and one garden rose were found to be highly resistant.

Experiments with transgenic roses with the ability of a constitutive formation of antifungal proteins show that several lines were more resistant against *P. sparsa* than the non transgenic 'Pariser Charme'. The extraction and the test for the estimation of the activity of chitinases and glucanases in a colorimetric assay were optimized to reveal their role on disease suppression.

In Zusammenarbeit mit: Spethmann, W., Universität Hannover; Fa. Rosen Tantau, Uetersen; Fa. Kordes Söhne, Klein-Offenseth; Fa. Noack Rosen, Gütersloh.

(BAZ-6152)

4.4 Genetische Evaluierung der europäischen Rosen - Ressourcen zu deren Erhaltung und Gartenbaulichen Nutzung

Genetic Evaluation of European Rose Resources for Conservation and Horticultural Use

Linde, M.; Ludwig, C.; Debener, T.

Zielsetzung/Aim:

Innerhalb dieses von der EU geförderten Projekts sollen die sieben Partner aus Belgien, Deutschland, Frankreich,

den Niederlanden und Schweden in Europa vorkommende Wildrosenbestände sammeln und molekular, phytopathologisch und auf andere züchterisch wichtige Merkmale charakterisieren. Mit AFLP und SSR Markern soll die genetische Variabilität in und zwischen den Populationen untersucht werden. Eine Phylogenie der europäischen Rosen soll mit AFLP, ITS und matK Daten erstellt werden. Die Resistenz der einzelnen Accessionen gegenüber Echtem und Falschem Mehltau sowie Rost und Sternrußtau soll ermittelt werden, mögliche Loci dafür kartiert und diese in vorhandene Sorten eingekreuzt werden. Dazu sind Resistenztests und Strategien zur Überwindung von Kreuzungsbarrieren zu entwickeln. Dies soll der in situ Konservierung wichtiger Genressourcen bei europäischen Wildrosen dienen.

Within this EU-project the seven Partners from Belgium, France, Germany, The Netherlands and Sweden will work on the collection and characterization of European wild rose species concerning molecular, phytopathological and other traits of horticultural interest. Also the variability within and between populations should be analysed using AFLP and microsatellite DNA data.

A phylogeny of wild European rose species, based on matK (maturase K) and ITS (nuclear ribosomal DNA intergenic transcribed spacer) and comparative DNA sequencing will be established. The resistance of the accessions against downy and powdery mildew as well as black spot and rust will be determined, and possible loci will be mapped and transferred into modern rose cultivars. For that purpose disease resistance tests and strategies to overcome crossing barriers have to be developed. The implementation of all the above findings should lead to the in situ conservation of important European rose species.

Ergebnisse:

Für die Charakterisierung der europäischen Wildrosenbestände soll auf dem Gebiet der Bundesrepublik Deutschland von allen wichtigen hier vorkommenden Arten Pflanzenmaterial für DNA Analysen und phytopathologische Tests gesammelt werden (Abb. 1, Abb. 2).

Bis auf einzelne Ausnahmen konnten Material, Standort und Wuchsdaten von 68 Populationen und somit von fast allen im Projektplan geforderten Arten gesammelt werden (Tab. 1). Für das nächste Projektjahr sind daher nur noch wenige Arten aus dem süddeutschen Raum zu sammeln.

Um die Resistenz der einzelnen Herkünfte aus Deutschland und den anderen Partnerländern gegenüber dem Erreger des Sternrußtaus (*Diplocarpon rosae* Wolf) zu testen, wurde von allen Projektpartnern natürlich infiziertes Blattmaterial gesammelt und an das IZZ gesandt. Von den 55 gesammelten Proben konnten bislang mit 37 Infektionen auf Blättern der Sorte 'Pariser Charme' induziert werden. Davon stammten vier Proben aus Belgien, acht aus Deutschland, drei aus Frankreich, eine aus Italien, elf aus



Abb. 1: *Rosa rubiginosa*, Standort nahe Schwerin
 Fig. 1: *Rosa rubiginosa*, collected near the town of Schwerin



Abb. 2: Hagebutten von *Rosa mollis* an der Geltinger Birk (Norddeutschland)
 Fig. 2: Hips of *Rosa mollis* at the Geltinger Birk (North Germany)

den Niederlanden und zehn aus Schweden. Diese Proben werden zurzeit weiter vermehrt um damit Eltern genotypen von bereits bestehenden Kreuzungspopulationen auf eine unterschiedliche Reaktion zu testen. Die anderen 18 Proben wiesen entweder keine oder zu geringe Ausbildungen von Acervuli von *D. rosae* auf, die nicht für eine weitere Vermehrung ausreichten. Für den Falschen Mehltau (*Pero sparsa* Berk.) konnten aufgrund der ungünstigen Witterung und des späten Projektbeginns für unsere Arbeitsgruppe bisher nur zwei Herkünfte aus Deutschland gesammelt werden.

Um weitere spaltende Nachkommenschaften für die Kartierung von möglichen Resistenzgenen gegen die vier oben genannten Pathogene zu erhalten, wurden in diesem Sommer Kreuzungen zwischen am Standort Ahrensburg vorhandenen, mehrfach resistenten Wildarten und anfälligen Sorten durchgeführt. Es wurden dabei 19 Genotypen in 75 Kombinationen gekreuzt. Bis zum jetzigen Zeitpunkt

Tab. 1: Anzahl der vom IZZ gesammelten natürlichen Rosenpopulationen aus dem Bundesgebiet, gegliedert nach den verschiedenen taxonomischen Sektionen

Table 1: Number of collected natural Rose populations in Germany by the IZZ, structured according the taxonomic sections

Arten	Populationen	
	zu sammeln	gesammelt
<i>R. arvensis</i>	5	10
<i>R. majalis</i>	5	5
<i>R. pendulina</i>	5	2
<i>R. spinosissima</i>	5	3
<i>R. glauca</i>	3	1
<i>R. jundzilli</i>	5	2
<i>R. gallica</i>	5	2
<i>R. canina</i>	*	10
<i>R. subcanina</i>	*	1
<i>R. dumalis</i>	*	1
<i>R. corymbifera</i>	*	10
<i>R. subcollina</i>	*	0
<i>R. caesia</i>	*	1
<i>R. micrantha</i>	*	2
<i>R. columnifera</i>	*	0
<i>R. rubiginosa</i>	*	4
<i>R. agrestis</i>	*	0
<i>R. elliptica</i>	*	1
<i>R. tomentosa</i>	*	0
<i>R. pseudoscabriulusca</i>		1
<i>R. sheradii</i>	*	3
<i>R. mollis</i>	*	4
<i>R. villosa</i>	*	0

konnten aus ca. einem Drittel der Kreuzungen Saatgut erhalten werden, was auf die unterschiedlichen Ploidiegrade der Wildarten und Sorten zurückzuführen ist.

Abstract:

Within the EU-Project „Genetic Evaluation of European Rose Resources for Conservation and Horticultural use (GENEROSE)“ 68 Populations of naturally occurring rose species were sampled in Germany. These cover a large amount of the diversity of the genus *Rosa* growing in Germany. From all partners of the project 55 accessions of *Diplocarpon rosae* were sampled from which 37 could be propagated at the IZZ for resistance screening of the rose species and in segregating populations. Only two samples of *P. sparsa* could be propagated up to now. To get segregating populations 19 rose species and cultivars were crossed in 75 combinations this summer.

EU-Key action 5.1.1 Acronym: Genrose

In Zusammenarbeit mit: Department of Plant Genetics and Breeding, Melle, Belgium, De Riek, J. and Van Huylbroeck, J.; Plant Research International, Wageningen, The Netherlands, Smulders, M.; Department of Crop Sciences SLU/Balsgaard, Kristianstad, Sweden, Nybom, H.; Laboratoire de Morphogenèse Végétale - Faculté des Sciences et Techniques de Saint- Jérôme, Université de Droit, d'Economie et des Sciences (Aix-Marseille III) , Marseille, France, Gudin, S.; Horatia BV, Tegelen, The Netherlands, Cox, P.; Meilland International, Le Cannet-des-Maures, France, Etavard, B.; Firma Kordes Söhne, Sparieshoop ; Firma Rosen Tantau, Uetersen

(BAZ-6156)

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik

Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics

Aschersleben

Mit seinem Forschungsprofil orientiert sich das Institut an den allgemeinen Aufgaben der Ressortforschung des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL). Die wissenschaftlichen Aufgabenstellungen leiten sich ab aus dem Bedarf des Ministeriums nach Beratung und Entscheidungshilfe, den Anforderungen der fruchtarten spezifischen Institute der BAZ und den aktuellen Resistenzproblemen der züchterischen Praxis in Deutschland. In Übereinstimmung mit der überwiegend methodischen Ausrichtung des Institutes wurden Forschungskonzeptionen für die Themenfelder Resistenzforschung und Pathogendiagnostik entwickelt, die folgende Schwerpunkte beinhalten:

Resistenzforschung

- Entwicklung und praxisbezogene Optimierung biologischer, biochemischer und molekularbiologischer Methoden zum Nachweis von Pathogenresistenz in Kulturpflanzen; Entwicklung molekularer Resistenzmarker;
- Untersuchung von Wirt-Pathogen-Interaktionen zur Aufklärung von Pathogenese- und Resistenzvorgängen;
- Gentechnische Erzeugung neuartiger Krankheitsresistenz durch Übertragung definierter DNA-Sequenzen in das Genom von Kulturpflanzen und Analyse des Wirkmechanismus; Untersuchungen zur biologischen Sicherheit transgener Pflanzen.

Pathogendiagnostik

- Entwicklung von Methoden zum qualitativen und quantitativen Nachweis von Viren, Bakterien und Pilzen in der Resistenzforschung und -züchtung;
- Identifizierung, Differenzierung und Charakterisierung von Krankheitserregern als Voraussetzung für die Aufklärung von Pathogenese- und Resistenzvorgängen in Kulturpflanzen.

Neben den thematischen Schwerpunkten der letzten Jahre, wie Verbraucherschutz, Nachhaltigkeit der Produktion, Bewahrung der genetischen Ressourcen und Bedeutung des Ökolandbaus, hat in der aktuellen agrarpolitischen Diskussion auch wieder zunehmend die Grüne Gentechnik Berücksichtigung gefunden. Im Vordergrund steht die Frage, wie zukünftig die unterschiedlichen Produktionsformen, d. h. der GVO-freie konventionelle bzw. integrierte Landbau, der Ökolandbau und die kommerzielle Erzeugung transgener Pflanzen ohne Probleme nebeneinander existieren können.

Es ist inzwischen fast 20 Jahre her, seit die Virusresistenz einer Pflanze erstmals auf gentechnologischem Weg verbessert wurde. Das erste Modellobjekt war Tabak. Dem dabei angewendeten Prinzip der 'pathogen derived resistance' (PDR), bei dem durch Übertragung eines Teils des Erregergenoms eine erhöhte Widerstandskraft der Pflanze gegen diesen Erreger und eng verwandte Viren erzeugt wird, sind danach viele Forschergruppen auf allen Kontinenten gefolgt. Heute gibt es praktisch keine Kulturpflanzenart mehr, die nicht mit diesem Ziel transformiert wurde. Es fällt jedoch auf, dass trotz



Abb. 1: Kartoffelknollen mit Nekrosesympomen infolge einer PVY^{NTN}-Infektion

Fig. 1: Potato tubers showing necroses due to an infection with PVY^{NTN}

einer kaum mehr überschaubaren Flut von Publikationen über die erfolgreiche Umsetzung des PDR-Prinzips, transgene Pflanzen mit Virusresistenz weltweit bisher keinen nennenswerten kommerziellen Anbau erfahren haben.

In der AG Resistenzforschung des IRP wurde im Jahr 2003 die mehrjährige, sehr umfangreiche Prüfung von transgenen Kartoffellinien im Freiland abgeschlossen. Diese enthielten entweder das Hüllproteingen oder das RNA-Polymerasegen des *Potato virus Y* (PVY). Die Resistenzuntersuchungen gingen einher mit der biologischen, serologischen und molekulargenetischen Analyse des natürlichen Spektrums an Stämmen und Isolaten dieses für den deutschen Kartoffelbau wichtigsten Virus. Zusammenfassend ist festzuhalten, dass sowohl Linien, die sich ursprünglich im Freiland als immun erwiesen hatten, als auch solche mit einer Resistenz vom 'Recovery'-Typ, letztlich doch von einzelnen PVY-Isolaten befallen wurden. Überraschenderweise waren auch Isolate dabei, die im entsprechenden Genombereich eine hohe Sequenzidentität mit dem Transgen aufwiesen, was den aktuellen Erklärungen des Wirkprinzips der PDR widerspricht. Ohne Frage kann die Virusresistenz von Pflanzen mit diesem wissenschaftlichen Ansatz verbessert werden; die Effektivität des Prinzips ist aber möglicherweise deutlich geringer als bisher angenommen. Die bekanntermaßen hohe genetische Variabilität von Pflanzenviren beeinflusst den Grad der Resistenzausprägung sowie die Dauerhaftigkeit des Schutzes. Sie ist offensichtlich auch Ursache für die immer noch marginale Bedeutung transgener Sorten im praktischen Anbau. Akuter Handlungsbedarf zur Erhöhung des PVY-Resistenzniveaus im Kartoffelsortiment ist aber weiterhin gegeben. Insbesondere die Knollennekrose-induzierenden Stämme und Isolate erwiesen sich in den letzten Jahren als zunehmend aggressiver. Von ihnen geht eine massive Gefahr für den gesamten Kartoffelbau aus.

Ein anderes, aus Sicht des Verbraucherschutzes hochaktuelles Thema, sind Mykotoxine in Getreideprodukten. Trotz deutlicher Fortschritte in der Züchtung ist die *Fusarium*-Resistenz der heutigen Sorten, insbesondere in Jahren mit hohem Befallsdruck, noch keineswegs zufriedenstellend. In der AG Pathodiagnostik des Institutes konnte im Berichtszeitraum eine ELISA-Variante für den schnellen und sicheren *Fusarium*-Nachweis in Mehlproben (Weizen) entwickelt werden. Nach künstlicher Infektion von Freilandbeständen zeigten sich gute Korrelationen zwischen den Extinktionswerten, den Ergebnissen der visuellen Bonitur und dem Gehalt an Desoxynivalenol (DON). Da der Test gattungsspezifisch ist, werden die Produzenten der verschiedensten fusariumspezifischen Mykotoxine erfasst. Er bietet dem Züchter darüber hinaus den Vorteil, auch für visuell nicht bonitiertes Material Informationen zum Pilzbefall zu erhalten. Durch die Entwicklung monoklonaler Antikörper soll der immunologische Nachweis zukünftig noch sicherer gestaltet werden.

The research profile of the institute (IRP) is determined by the scientific demands of the Federal Ministry for Consumer Protection, Food, and Agriculture (BMVEL) in the field of breeding research on cultivated plants. The detailed research projects mainly focus on the needs of the ministry in scientific advice and decision support, on phytopathological questions in the crop specific institutes of the BAZ and on current resistance problems in German plant breeding. In accordance with the predominant methodical orientation the research program of the IRP includes the following main objectives:

Resistance Research

- Development and practical improvement of biological, biochemical and molecular methods for detection of pathogen resistance in cultivated plants; development of molecular markers of resistance;
- Investigations of host-pathogen interactions for elucidation of pathogenesis and resistance mechanism;
- Generation of genetically engineered novel types of resistance to pathogens by transfer of cloned DNA-sequences into plant genomes and analysis of the mechanism of action; biosafety research on transgenic plants.

Pathogen Diagnostics

- Development of methods for qualitative and quantitative detection of viruses, bacteria and fungi in resistance research and resistance breeding;
- Identification, differentiation and characterisation of plant pathogens in order to investigate processes of disease development and resistance behaviour in cultivated plants.

It is to note, that last year ‘green gene technology’ turned back into the focus of the public and political discussion of agricultural themes in Germany. In the context of subjects like consumer protection, sustainable crop production, protection of plant genetic resources and prospects of organic farming the question was raised, how the different technologies, like conventional or integrated GMO-free crop production, organic farming and large scale commercial growing of transgenic plants can coexist without causing harm to each other.

Almost 20 years have already passed, since the resistance of a plant to a virus disease was improved by means of genetic engineering for the first time. Tobacco served as the original model plant. Since that time many research groups around the globe followed the initial scientific approach of ‘pathogen derived resistance’ (PDR), where resistance to a virus is increased by integration of a cloned fragment of the viral nucleic acid into the plant genome. To date there are almost no species of agricultural crops not having been transformed in this way. Nevertheless, despite a huge number of published reports on successful generation of PDR, transgenic plants with improved virus resistance are not being grown in a large scale so far.

In 2003 at the Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics an extensive programme running for several years was finished to characterise a number of transgenic potato lines both for their resistance to *Potato virus Y* (PVY) and for possible impact on environment. The plants either contained the viral coat protein gene or a truncated form of the coding sequence for RNA polymerase. The experiments were supplemented by a careful analysis of the spectrum of naturally occurring strains and isolates of PVY, which is the most important virus for German potato production. Summarising the results it is to mention, that in the end, after cultivation of the material for several years under natural conditions, every transgenic potato line became infected by certain isolates of the virus. This happened regardless of the fact, that some lines after testing in greenhouse and the first years in experimental fields appeared to be immune to PVY while others exhibited efficiently the so called ‘recovery type’ of resistance. Surprisingly, the virus isolate that was able to infect formerly immune potato lines had a very high sequence homology in the genomic region corresponding to the transgene what is not in accordance with the current theories on mechanism of PDR. Without any doubt virus resistance of plants can be increased by this approach, but the efficiency of



Abb. 2: Symptome der Ährenfusariose bei Weizen

Fig. 2: Symptoms of *Fusarium* infection in wheat ears

PDR is possibly lower than it has been expected so far. Obviously, the degree of resistance expression and durability of the novel trait depend on the genetic variability of the virus not only in the transgenic region but in other parts of the genome, too. This high variability of pathogens seems to be one of the main reasons for the so far marginal role of transgenic virus resistant plants in commercial agriculture. For potato there remains an urgent need to improve the resistance level of varieties to PVY. In particular, the tuber necrosis inducing strains have become increasingly aggressive during the last 10 years. They are a serious threat to potato production in Germany, including organic farming.

In terms of consumer protection mycotoxins are another predominant issue of public discussion. Despite the visible progress cereal breeding has achieved in the last 20 years the level of resistance of approved wheat varieties to *Fusarium* spp. is still not sufficient, especially in years of high infection pressure. During the last months an ELISA variant for rapid and reliable detection of *Fusarium* spp. in wheat flour was developed at the institute. Analyses of samples of artificially infected field plants revealed a good correlation between extinction values (E_{405}), the results of visual scoring and the content of the mycotoxin deoxynivalenol (DON) in grains. Because this serological test is genus specific it can also detect the producers of other *Fusarium*-specific mycotoxins. This diagnostic tool can support the visual resistance assessment of breeding material. It also can easily be used to obtain additional information on the „*Fusarium* status“ of any other material. As a next step monoclonal antibodies will be developed to further standardise this detection method.

1. Resistenzforschung Resistance Research

1.1 Erstellung einer Kollektion gesunder alter Kartoffelsorten für den ökologischen Landbau Establishment of a collection of healthy old potato cultivars for organic farming

Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Durch die Bundesregierung wird eine Quote von 20 % für den ökologischen Landbau angestrebt. Wichtige Voraussetzung, um dieses Ziel bei der Kartoffel erreichen zu können ist, dass entsprechendes Pflanzgut zur Verfügung gestellt werden kann. Dieses muss frei von Krankheitserregern, vornehmlich Viren, sein. Das ist insbesondere auch für den Kleinanbau wichtig, der ansonsten zu einer permanenter Quelle von Krankheitserregern wird. Methoden der Erregereliminierung sind zu etablieren und in die Praxis zu überführen, um erregerefreies Pflanzgut kostengünstig erzeugen zu können.

Da die durch den NTN-Stamm des *Potato virus Y* (PVY^{NTN}) induzierten Knollennekrosen eine erhebliche Bedrohung für den ökologischen Landbau darstellen können, soll weiterhin geprüft werden, inwieweit die Öko-Sorten anfällig für dieses Symptombild sind. Dazu waren entsprechende Methoden zu erarbeiten.

German Federal Government plans to reach a level of organic agricultural production of about 20 %. To achieve this aim in case of potato, suitable seed material has to be provided. This must be free of any disease agents, especially viruses. Otherwise infected plant material would be a permanent source of disease agents. Methods have to be established to generate healthy material.

Tuber necrosis induced by *Potato virus Y* represents a high risk for organic farming. It has to be tested whether cultivars used in organic farming are susceptible to these disease symptoms. Corresponding methods have to be developed.

Ergebnisse:

Endziel ist es, von ca. 80 alten Sorten erregerefreies Material zu erzeugen und interessierten Öko-Landwirten zur weiteren Erhaltung und Vermehrung zur Verfügung zu stellen. Wir erwarten, dass davon nach Prüfung ca. 50 Sorten für den Anbau geeignet sind. Es wurde ein Verfahren mit alternierendem Temperatur-/Beleuchtungsregime unter Zusatz von Ribavirin und Antibiotika adaptiert, um bei *in vitro*-Pflanzen Viren und Bakterien zu eliminieren. Inzwischen liegen von 51 Sorten erregerefreie Klone vor, 20 sind in Behandlung und weitere 18 werden vorbereitet (Abb. 1).



Abb. 1: *In vitro*-Kartoffelpflanzen während der Chemotherapie.

Fig. 1: *In vitro* plants of potato in chemotherapy

In einem im Gazezelt durchgeführten Freilandversuch wurden 20 Kartoffelsorten mechanisch mit 5 verschiedenen PVY^{NTN}-Isolaten inokuliert (Tab. 1). Diese stammten aus verschiedenen Regionen Europas (Q21 - Ungarn; Q22 - Frankreich; Hessen (DSMZ PV-0410), Satina, Linda - Deutschland). Sorten verschiedener Resistenzniveaus (außer extrem resistent) waren anfällig für die durch PVY^{NTN} induzierten Nekrosen. Es zeigten sich erhebliche Unterschiede hinsichtlich der Fähigkeit der Isolate, Nekrosen induzieren zu können. Dabei erwiesen sich die beiden neuen deutschen Isolate Linda und Satina als am aggressivsten (Abb. 2).



Abb. 2: Unterschiedliche Intensität der durch verschiedene Isolate des PVY^{NTN} hervorgerufenen Symptome an der Kartoffelsorte ‘Belladonna’ 2 Wochen nach der Ernte

Fig. 2: Different severity of symptoms caused by PVY^{NTN} isolates on cv. ‘Belladonna’ 2 weeks after harvest



Abb. 3: Symptome verschiedener PVY^{NTN}-Isolate auf der Sorte ‘Nadine’, 24 dpi
1 -Salzwedel (2202), 2 - Böhl (2002), 3 - Hessen (vor 1994)

Fig. 3: Symptoms of different PVY^{NTN} isolates on cv. ‘Nadine’, 24 dpi
1 - Salzwedel (2202), 2 - Böhl (2002), 3 - Hessen (before 1994)

Besonders deutlich kann dieser Unterschied an der Sorte ‘Nadine’ demonstriert werden, deren Knollen nach Infektion mit verschiedenen neueren Isolaten total nekrotisiert waren (Abb. 3).

Es scheint bisher, dass die alten Sorten (vor 1950 zugelassen) nicht anfällig für die Nekrosen sind, neuere Öko-Sorten wie ‘Nicola’ und ‘Linda’ jedoch stark zur Nekrosenbildung neigen. Sollte sich der Trend zum Entstehen immer virulenterer PVY-Isolate fortsetzen, muss das im ökologischen Landbau berücksichtigt werden. Hier müssen dann unbedingt Sorten mit hoher PVY-Resistenz angebaut werden. Symptomtragende Knollen wiesen starken Sekundärbefall mit *Fusarium* spp. auf, der zu Totalausfällen führte.

Tab. 1: Anfälligkeit von Kartoffelsorten für PVY^{NTN}-induzierte Knollennekrosen unter Freilandbedingungen

Table 1: Susceptibility of potato cultivars to PVY^{NTN} induced tuber necrosis under field conditions

Sorte	Erst-Zulassung	PVY-Resistenz lt. Sortenlisten	Nekrose-Index*
Belladonna	1997	7	0,63
Blue Salat	?	?	0
Christa	1975	4	0,04
Delikat	1995	7	0,06
Edzell Blue	~ 1890	5-7	0
Fasan	1997	9	0
Hermes	1973	3-7	0,07
Highl. Burg. Red	?	?	0
La Ratte	1872	3-6	0
Linda	1974	2	0,54
Mr. Breese	?	?	0
Nadine	1987	7	1,0
Nicola	1973	2-8	0,19
Pink f Apple	~ 1850	5	0
Princess	1999	8	0
Roseval	1950	3-6	0
Shetl. Black	?	?	0
Solist	1999	5	0,22
Sonate	2000	7	0
Valisa	1994	5	0,01

* Nekrose-Index nach Kerlan (persönl. Mitteilung). Jeweils höchster Index gewählt; 1,0 - hochanfällig, 0 - resistent

In Zusammenhang mit der Bereitstellung von für die Resistenzprüfung geeigneten Isolaten des PVY konnte in Sachsen-Anhalt erstmalig für Deutschland PVY^{NW} (Wilga-Stamm des PVY) nachgewiesen werden. Er war mit einem Anteil von 60 % an den untersuchten Proben der vorherrschende Stamm. PVY^{NW} ist durch eine extreme Virulenz gekennzeichnet.

Abstract:

A collection of healthy *in vitro* plant material was established from about 50 old cultivars. In field tests of 20 different potato cvs. for susceptibility to PVY^{NTN} induced tuber necrosis using 5 different isolates we noticed that old cvs. are not sensitive to this disease. Newly obtained German isolates of PVY^{NTN} have been the most damaging as compared to other European isolates tested. Tubers with necrosis induced by PVY showed pronounced secondary infection with *Fusarium* spp. causing moulding. PVY^{NW} (Wilga strain) was detected for the first time in Germany. In Saxony-Anhalt it was the prevailing strain.

In Zusammenarbeit mit: Biolandhof Barum, Ellenberg, K.; SASA Schottland, Browning, I.; BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Rabenstein, F.;

(BAZ-2166)

1.2 Stabilität der transgenen Resistenz von Kartoffeln gegen das *Potato virus Y* unter Freilandbedingungen

Stability of transgenic resistance of potato to *Potato virus Y* under field conditions

Schubert, J., Supp, P.

Zielsetzung/Aim:

Die Stabilität der Resistenz verschiedener transgener Klone mit pathogen derived resistance (PDR) gegen das *Potato virus Y* (PVY), basierend auf der Expression eines verkürzten PVY-NiB-Gens, wurde unter Feldbedingungen weiter geprüft. Die verschiedenen Klone wurden in Blöcken mit drei Wiederholungen angebaut. Die Infektion mit dem Virus erfolgte über natürlich zugeflogene Blattläuse.

Tab. 1: Ergebnisse der Befallstestung transgener Kartoffelklone auf PVY für die Jahre 2002/2003

Table 1: Results of resistance testing of transgenic potato clones to PVY for 2002/2003

Klon/Sorte	PVY-Infektion		
	Primär, 2002	Sekundär, 2002	Primär, 2003
DH59 Nb93	71*	5	50
DH59 Nb146	31	0	11
DH59 Nb156	18	0	0
Linda Nb58	2	0	0
DH59 CP102	4	0	0
Resistente Kontrollen (Forelle, Klon 6029)	-	-	0/0
Anfällige Kontrollen (DH59, Linda)	80/82	18/100	4/24

* Anteil befallener Pflanzen in %

Es wurden Augenstecklingsprüfungen (vom Feldversuch 2002) und Tests auf Primärbefall (Feldversuche 2003) durchgeführt.

Stability of resistance of different transgenic clones of potato with pathogen derived resistance (PDR) to PVY, based on expression of a truncated NiB gene, was further tested under field conditions. Clones were grown with three replications. Infection with PVY occurred by naturally appearing viruliferous aphids. Levels of secondary (sprout testing of plants from 2002) and of primary infection (year 2003) have been investigated.

Ergebnisse:

Der Nachweis des PVY erfolgte serologisch mit einem Testsystem der Firma Bioreba (MAB-Cocktail). Die Ergebnisse sind in Tab. 1 dargestellt. Es zeigte sich, dass der Befallsdruck (Anteil befallener Pflanzen der anfälligen Kontrolle) 2003 geringer als 2002 war. Dies erklärt den geringeren Virusbesatz der transgenen Klone. Der Sekundärbefall aus dem Versuchsjahr 2002 war ebenfalls geringer ausgefallen als in den Vorjahren. Dies beruht wahrscheinlich auf dem Fehlen virulenter Isolate/Stämme in diesem Jahr. Die Ergebnisse unterstreichen, dass eine Bewertung der Resistenz transgener Pflanzen und damit eine sinnvolle Risiko/Nutzen-Kalkulation erst nach mehrjährigen Versuchen möglich ist.

Abstract:

Due to a lower infection pressure with naturally occurring PVY most of the transgenic potato clones remained in 2003 free of virus. The same holds true for tubers from year 2002 field experiments. In this year less virulent isolates were present which did not overcome resistance of most of the clones.

Results underline that several years of resistance testing are necessary to judge between possible risks and advantages of the use of transgenic plants.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U.; Institute of Plant Molecular Biology, Ceske Budejovice, Tschechische Republik, Matoušek, J.

(BAZ-2150)

1.3 Einfluss transgener Kartoffelpflanzen mit Virusresistenz gegen das *Potato virus Y* (PVY) auf Krankheitserreger und deren Vektoren unter Freilandbedingungen.

A. Rekombinationen auf RNA-Niveau.

Influence of transgenic potato plants with resistance to *Potato virus Y* (PVY) on pathogens and their vectors under field conditions

A. RNA recombination

Supp, P*; Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Es wurde der Einfluss virusresistenter transgener Kartoffellinien auf die Population des Zielvirus untersucht. Die transgenen Pflanzen exprimieren das NIB- bzw. CP-Gen des PVY und weisen dadurch Resistenz gegen das Virus auf (pathogen derived resistance). Es wurde ein Verfahren entwickelt, welches Rekombinationen zwischen Transgen und Virus bzw. zwischen verschiedenen Virusstämmen in Abwesenheit von Selektionsdruck nachweist. Die Entstehung rekombinanter neuer Viren in transgenen Pflanzen soll so erfasst und mit denen in nicht-transgenen Sorten verglichen werden.

There is some concern about possible risks associated with the use of virus resistant transgenic plants (VRTPs): Plants containing virus-derived transgenes could be a source of new viruses as a consequence of recombination between transgene and the genome of invading viruses. PVY resistant potato lines expressing the NIB- or CP gene of PVY and showing pathogen derived resistance to the virus were tested for the generation of recombinant viruses in the absence of selection pressure.

Ergebnisse:

Die im Jahr 2003 analysierten viralen Sequenzen stammen aus 3 verschiedenen Feldversuchsanlagen (2 bis 4) des Jahres 2002 und wurden 2003 im Rahmen der Augenstecklingsprüfung aus sekundär infizierten Kartoffelpflanzen mittels IC-RT-PCR isoliert. Die cDNA viraler Sequenzvarianten wurde mittels TTGE (temporal temperature gradient electrophoresis) oder CDGE (constant denaturant gel electrophoresis) aufgetrennt, reamplifiziert, kloniert und sequenziert.

Bei Versuch (2) wurden sowohl anfällige als auch resistente transgene Linien innerhalb eines Gazezettes mit einem Wilga-Stamm des PVY inokuliert. Die Sequenz des Wilga-Stammes entspricht im Bereich des NIB/CP weitgehend der eines PVY^O-Stammes, während das Transgen der Kartoffellinien auf einen PVY^N-Stamm zurückgeht. Das Gazezelt verhinderte den Zuflug von Aphiden und damit einen äußeren Infektionsdruck mit viralen N-Stämmen, so dass auftretende rekombinante Viren mit N/O-Übergang auf Rekombination zwischen Virus und Transgen zurückgehen müssen.

Bei den Versuchen (3) und (4) wurden Virusvarianten aus unterschiedlich resistenten und anfälligen transgenen Linien isoliert, die durch spontanen Aphidenbefall infiziert worden waren. Hierdurch wird auch die Rekombination zwischen natürlichen Virusstämmen in den resistenten Pflanzen erfasst. Bei einer Rekombination zwischen Transgen und invadierendem Virus muss im Falle des inserierten NIB-Gens ein zweifaches template-switching der Polymerase stattfinden, damit ein lebensfähiges Virus entstehen kann, entsprechend einem Doppelcrossover. Da im Falle des CP-Gens dieses komplett mit 3'-NTR übertragen wurde, ist hier im Prinzip nur ein einfaches template-switching erforderlich. Zwei im Wesentlichen identische Se-

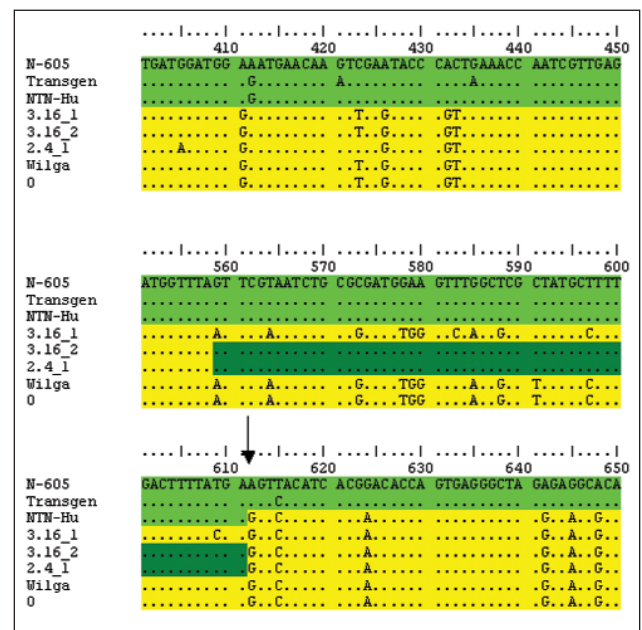


Abb. 1: Zwei unabhängige PVY-CP-Rekombinanten vom Typ O::N::O

Grün: für N-Stämme charakteristische Sequenz; Gelb: für O-/Wilgastämme charakteristische Sequenz; dunkelgrün: Doppelcrossover-Bereich (integrierte N-Stamm-Sequenz); Pfeil: N::O-Übergang bei PVY^{NTN}. 3.16_1 - lokaler Wildtyp von PVY^{NW}, 3.16_2 und 2.4_1: rekombinante Formen aus dem Freiland bzw. Gazezelt. N-605, Transgen, NTN-Hu, Wilga, O: in Sequenzdatenbanken abgelegte Sequenzen von PVY^N-N605, unserem Transgen (PVY^N), PVY^{NTN}, PVY^{NW} und PVY^O.

Fig. 1: Two independent recombinant PVY-CP-sequences showing O::N::O double-crossover
Green: N-type sequence; yellow: O-/Wilga type sequences; dark-green: interchanged part as result of double-crossover (inserted N-strain sequence). The N::O breakpoint of PVY^{NTN} is indicated by an arrow. 3.16_1: local wildtype of PVY^{NW}, 3.16_2 and 2.4_1: recombinant forms from field and screenhouse, respectively. N-605, Transgen, NTN-Hu, Wilga, O: in sequence databases deposited sequences of PVY^N-N605, our transgen (PVY^N), PVY^{NTN}, PVY^{NW} and PVY^O

sequenzen vom Typ doppeltes template-switching sind 2002/2003 sowohl im Freilandversuch als auch im Gazezeltversuch identifiziert worden. Abbildung 1 zeigt dieses Doppelcrossover von PVY^O mit PVY^N im mittleren Bereich des CP-Gens.

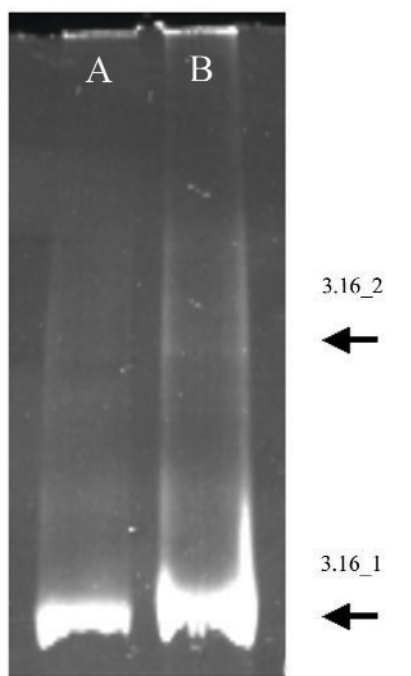


Abb. 2: CDGE-Analyse von CP-Genvarianten
Auftrennung von 1,5 (A) bzw. 3 µg (B) CP-PCR-Produkt unter partiell denaturierenden Bedingungen. Später reamplifizierte Banden sind markiert (Pfeil)

Fig. 2: CDGE-Analysis of CP-gene variants
Separation of 1.5 (A) and 3 µg (B) of CP-PCR-product under denaturing conditions. Subsequently reamplified bands are indicated by arrows

Sequenzen vom N-Typ sind grün gefärbt (PVY^{NN}605, Transgen, PVY^{NTN}-Hu), Sequenzen vom O-Typ hingegen gelb (PVY^O, PVY^{NW}). Die Sequenzen 3.16_2 und 2.4_1 zeigen ein Doppelcrossover. Es handelt sich um unabhängig voneinander isolierte virale Sequenzen aus Pflanzen der Linie CP39 des Freiland- (3.16) respektive Gazezeltversuchs (2.4).

Es ist davon auszugehen, dass bei der Variante 2.4_1 eine echte Rekombination mit dem Transgen vorliegt, da durch das Gazezelt eine Infektion mit N-Stämmen ausgeschlossen war. Dies macht es wahrscheinlich, dass es sich bei der Variante 3.16_2 ebenfalls um eine Rekombination zwischen Transgen und Virus handelt. Die Separation dieser rekombinanten CP-Sequenz mittels CDGE sowie der geringe Anteil gegenüber der „Wildform“ ist in Abbildung 2 für die Variante 3.16_1 dargestellt.

Es ist denkbar, dass im Fall der Freilandversuche neue, natürliche Sequenzvarianten bereits über Aphiden eingeführt

wurden und nicht erst in den transgenen Pflanzen entstanden sind. Um dies ausschließen zu können, wurden auch Sequenzen aus nicht-transgenen Kartoffelpflanzen der Freilandversuche 2002/2003 untersucht. Auf diese Weise kann auch quantitativ die Häufigkeit von Rekombinationen in transgenen und nicht-transgenen Pflanzen verglichen werden. Trotz Anreicherung von Minorvarianten mittels TTGE/CDGE wurden in den nicht-transgenen Pflanzen keine nicht in Datenbanken bereits beschriebenen Rekombinanten gefunden. Wir vermuten, dass diese rekombinanten Formen in ihrer Fitness reduziert sind und nur bei Vorliegen einer gewissen Wirtsresistenz mit den „Wildtypen“ konkurrieren können.

Abstract:

By means of TTGE/CDGE RNA-recombinants of PVY in the region of NIb and CP were separated and then cloned and sequenced. A double-crossover event between CP-sequences of an N- and O-strain was detected twice in the same transgenic potato line, but in independent field trials. This strongly suggests a recombination between transgene and virus RNA since no viral N-strains except the transgene were present in the screenhouse in which the transgenic plants have been inoculated with an PVY^N-W strain.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß-Lüsewitz, Darsow, U.; Institute for Plant Molecular Biology, Ceske Budejovice, Matoušek, J.; *gefördert mit Mitteln des BMBF, FKZ 03 12 318

(BAZ-2158)

1.4 Einfluss transgener Kartoffelpflanzen mit Virusresistenz gegen das *Potato virus Y* (PVY) auf Krankheitserreger und deren Vektoren unter Freilandbedingungen

B. Einfluss auf die Aphidenpopulation im Bestand Influence of transgenic potato plants with resistance to *Potato virus Y* (PVY) on pathogens and their vectors under field conditions

B. Influence on aphid population in crops Supp, P.*; Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Die Besiedlung konventioneller und transgener Kartoffellinien mit Blattläusen sollte im dritten Jahr in Folge untersucht und verglichen werden.

Settlement of transgenic potato lines with aphids should be compared to non-transgenic potato varieties in the third year (2001-2003).

Ergebnisse:

Das zur Untersuchung der Aphidenbesiedlung angelegte Versuchsfeld (Versuchsvariante 4) umfasste 2003 insgesamt sechs transgene Linien, die jeweils als randomisiert verteilte Blöcke á 15 Pflanzen einer Sorte angeordnet wurden. Hierbei handelte es sich um „Linda NIb58“ und die

Linien DH59-NIb146, -NIb156, -CP39, -CP41 und -CP102. Als Vergleich wurden neben der nicht-transgenen dihaploiden Linie DH59 auch die kommerziellen Sorten 'Linda' und 'Forelle' untersucht. Zusätzlich wurde im Jahr 2003 zur Vermeidung von Randeffekten eine zweireihige Umsaat der Sorte 'Linda' um das gesamte Versuchsfeld gepflanzt. Zur Erfassung der Aphidenbesiedlung wurden wöchentlich von jeder der 405 Versuchspflanzen die Aphiden von fünf zufällig ausgewählten Fiederblättern gesammelt und zur späteren Bestimmung in Ethanol konserviert.

In 2003 traten Aphiden zuerst in der 27. Kalenderwoche auf. In der 31. Kalenderwoche ergab die letzte Bonitur nur noch wenige Exemplare; später waren keine Aphiden mehr zu finden.

Dieser Zeitraum deckt sich mit dem Auftreten in 2001; hingegen traten 2002 Aphiden bereits in der 25. Kalenderwoche auf. Die Besiedlungsdichte der Pflanzen mit Aphiden war 2003 dementsprechend nur etwa halb so groß wie 2002, was auch mit dem äußerst heißen und trockenen Sommer in Zusammenhang stehen könnte. Insgesamt wurden 2003 12.800 Aphiden gesammelt.

Die Aphiden wurden nach Larven und Imagines unterschieden, wobei das Verhältnis von Larven zu Imagines über die Vegetationsperiode kontinuierlich abnahm. Die Verteilung der Aphidenzahlen sowie ein Vergleich der Durchschnittswerte aller transgenen bzw. nicht-transgenen Pflanzen ist in Abbildung 1 dargestellt. Es ließ sich kein signifikanter Unterschied in der Besiedlungsdichte und dem Verhältnis Larven-Imagines zwischen transgenen und nicht-transgenen Pflanzen erkennen.

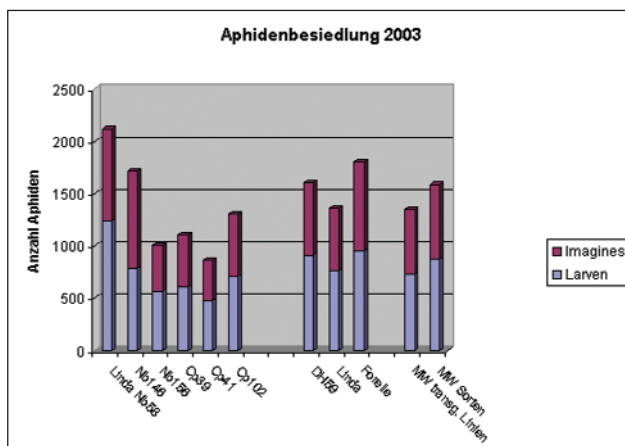


Abb. 1: Gesamtzahl in 2003 erfasster Aphiden auf sechs transgenen Linien im Vergleich zu drei nicht-transgenen Sorten. Die Mittelwerte (MW) für transgene Linien und Sorten sind angeführt

Fig. 1: Total number of detected aphids in 2003 on six transgenic potato lines and three varieties, respectively. Mean values (MW) are indicated for transgenic lines and non-transgenic cultivars

Das Ergebnis der Aphidenbestimmung für die Bonitur der 29. Kalenderwoche, die exemplarisch ausgewählt worden war (Maximum an Imagines), zeigt Abbildung 2. Der Vergleich der Mittelwerte für die drei untersuchten Aphidenspezies über die Kartoffelsorten und transgenen Linien zeigt keine deutlichen Unterschiede.

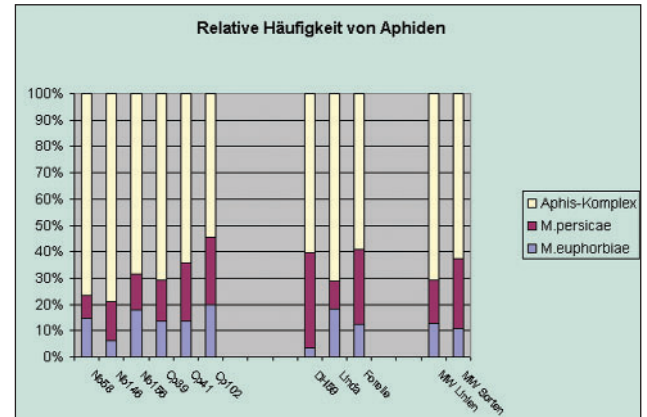


Abb. 2: Vergleich der relativen Häufigkeit von Aphidenarten an transgenen und nicht-transgenen Kartoffellinien bzw. -sorten einschließlich der Mittelwerte (MW) für die Vegetationsperiode 2003

Fig. 2: Comparison of relative frequency of different aphids on non-transgenic potato varieties and transgenic lines including mean values (MW) for vegetation period 2003

Im Jahr 2003 dominierten Aphidenspezies der Gattung *Aphis*, die im Rahmen der Bestimmung als Aphis-Komplex zusammengefasst wurden. Wie die endgültige Auswertung der Aphidenbestimmung für 2002 ergab, dominierten auch in diesem Jahr *Aphis* spp.

Abstract:

In 2003, aphids occurred from the 27th to the 31st week. Only half as many aphids/plot occurred in 2003 as compared to 2002, probably, because in 2002 settlement began two weeks earlier. Different aphid species showed no preference or avoidance for transgenic potato lines. In 2002 and 2003, *Aphis* spp. were dominating on commercial varieties and transgenic lines.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß-Lüsewitz, Darsow, U.; Institut für Epidemiologie und Resistenz, Schliephake, E.;

*gefördert mit Mitteln des BMBF, FKZ 03 12 318

(BAZ-2158)

1.5 Einfluss transgener Kartoffelpflanzen mit Virusresistenz gegen das *Potato virus Y* (PVY) auf Krankheitserreger und deren Vektoren unter Freilandbedingungen

C: Einfluss auf den Befall mit verschiedenen Kartoffelviren

Influence of transgenic potato plants with resistance to *Potato virus Y* (PVY) on pathogens and their vectors under field conditions

C: Influence on infection by different potato viruses

Supp, P*; Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Es wurden transgene Kartoffellinien mit Resistenz gegen das *Potato virus Y* (PVY) unter Freilandbedingungen angebaut, die einem natürlichen Infektionsdruck von Viren durch Aphiden ausgesetzt waren. Die Resistenz basiert auf dem Einbau eines verkürzten Replikasegens (NIB; Linien DH59 NIB146; DH59 NIB156; „Linda NIB58“) bzw. des Hüllproteingens des PVY (CP; Linien DH59 CP102; DH59 CP39; DH59 CP41) ins pflanzliche Genom (pathogen derived resistance). Die Aufgabe bestand in der Untersuchung der Stabilität der Resistenz gegen das Zielvirus PVY und einer möglichen Beeinflussung von Nichtzielviren durch die Transgen-vermittelte Resistenz. Zu diesem Zweck wurden die Primär- und die Sekundärinfektionen erfasst. 2003 wurden die Knollen des Feldversuchs von 2002 auf Sekundärinfektion mit PVY, *Potato virus A* (PVA), *Potato virus M* (PVM), *Potato leafroll virus* (PLRV) und *Potato virus S* (PVS) getestet und mit denen kommerzieller Sorten und isogener Kontrollen verglichen.

Field trials with different transgenic potato lines showing resistance against *Potato virus Y* (PVY) were performed to investigate the stability of pathogen-derived resistance against the target-virus PVY as well as possible effects on non-target-viruses such as *Potato virus A* (PVA), *Potato virus M* (PVM), *Potato leafroll virus* (PLRV) and *Potato virus S* (PVS).

The pathogen derived resistance was induced by a truncated NIB-gene (lines designated as NIB) or a CP-gene of PVY (lines designated as CP). The secondary infection rate from field trials in 2002 was tested and compared with commercial varieties and isogenic controls.

Ergebnisse:

Für die Augenstecklingsprüfung wurden von jeder Pflanze des Freilandversuchs 2002 zwei Knollen ausgelegt und die Blätter der austreibenden Kartoffelpflanzen mittels ELISA auf Infektion geprüft. Durch die Verwendung von zwei Knollen wird die asymmetrische Verteilung der Viren in der Kartoffelpflanze berücksichtigt. Insgesamt wurden 1046 Knollen ausgelegt.

Für die Beurteilung einer viralen Infektion der Kartoffel ist die Augenstecklingsprüfung besser geeignet als die Bestimmung der Primärinfektion, da sich nach Lagerung der Knollen im allgemeinen der Virustiter erhöht. Dieser Erfahrungswert ließ sich bestätigen, da trotz der geringen Primärinfektion in 2002 die Augenstecklingsprüfung bei den nicht-transgenen Sorten Infektionswerte von bis zu 100 % ergab. Unterschiede in der Anfälligkeit treten so deutlicher zutage. Andererseits trat bei einigen Linien die Resistenz vom recovery-Typ erst bei Prüfung der Sekundärinfektion in Erscheinung.

Die Ergebnisse sind in der Tabelle zusammengefasst. Zur besseren Übersicht sind im Text erwähnte Werte farblich unterlegt.

Tab. 1: Prozentualer Vergleich der Sekundärinfektion transgener Kartoffellinien mit Ziel- und Nichtzielviren

Table 1: Comparison of secondary infection of transgenic potato lines (% of infected plants)

Sorte/Linie	[%]-Infektion mit:				
	PVY	PVM	PLRV	PVS	N
‘Linda’*	100	4	7	64	45
‘Linda NIB58’	33	2	7	60	45
DH59*	28	0	0	7	45
DH59 CP39	27	4	13	2	45
DH59 CP41	20	0	16	7	45
DH59 CP102	7	0	4	11	45
DH59 NIB146	0	0	4	2	45
DH59 NIB156	4	13	18	16	45
‘Bettina’ ¹	100	0	4	33	45
‘Hansa’	97	3	2	77	75
‘Arosa’ ¹	88	0	2	21	43

Aufgeführt ist der prozentuale Anteil infizierter Pflanzen aus der Augenstecklingsprüfung:

N: Anzahl der getesteten Pflanzen

*: Isogene Kontrollpflanzen

Blau: Vergleich von ‘Linda’ mit ‘Linda NIB58’

Grün: Vergleich der DH59-abgeleiteten Linien

Rot: erhöhte Anfälligkeit der Linie für PLRV

1: Sorten von Lieferant falsch deklariert

Percentage of secondary infected plants is indicated for each virus:

N: Number of tested plants

*: Isogenic controls

Blue: Comparison of ‘Linda’ and ‘Linda NIB58’

Green: Comparison of dihaploid lines

Red: higher susceptibility of this line for PLRV

1: Varieties mistaken by supplier

Die geringen Infektionsraten der dihaploiden transgenen Linien DH59 CP102 und DH59 Nib156 bestätigten ihre im wesentlichen stabile Resistenz vom recovery-Typ. Inzwischen scheinen jedoch vermehrt Isolate des PVY aufzutreten, die die Resistenz überwinden können. Das resistenzbrechende Isolat aus Nib156 wurde isoliert und sollte charakterisiert werden. Es zeigte sich, dass hier eine Mischinfektion vorlag, und dass das virulente Isolat im Tabak von einem nicht-virulenten N-Stamm verdrängt wurde. Wir vermuten, dass die Fitness dieses virulenten Isolates stark verringert ist. Interessanterweise zeigte die primär zu 50 % infizierte Linie DH59 Nib146 in 2003 keinen PVY-Befall bei der Sekundärinfektion, obwohl diese Linie sich bisher als nur mäßig resistent erwiesen hatte. Die Resistenz der anderen transgenen Linien (DH59 CP39 und -CP41) wurde hingegen überwunden. Dies bestätigt unsere früheren Beobachtungen, dass sich Nib- und CP-Linien deutlich unterscheiden in der Art der Resistenz.

Bei den transgenen Linien auf Basis der dihaploiden Linie DH59 ist die Infektion mit Nichtzielviren nur gering - mit Ausnahme der Linie Nib156. Dies ist eine auf 2003 beschränkte Besonderheit, die dementsprechend keine Verallgemeinerung zulässt. Die PLRV -Infektionsrate der Linie CP41 war dagegen im dritten Jahr in Folge hoch. Hier liegt mit hoher Wahrscheinlichkeit eine erhöhte Anfälligkeit vor.

Die transgene 'Linda Nib58' zeigte hinsichtlich des Befalls mit den Nichtzielviren PVM, PLRV und PVS eine sehr gute Übereinstimmung mit der Ausgangssorte 'Linda'. Die Resistenz bzw. Anfälligkeit gegen andere Viren ist hier also nicht beeinflusst.

Eine nähere Analyse positiver ELISA-Werte für PVA in 'Hansa' und 'Linda Nib58', die beide gegen PVA resistent sind, ergab, dass es sich hier um PVY^{NW} handelte und das kommerzielle Antiserum falsch positiv reagierte.

Die Primärinfektionsrate in 2003 war bei allen getesteten Viren einschließlich PVY außergewöhnlich gering und lag in den meisten Fällen bei 0 % (Daten nicht gezeigt). Das kann z. T. am geringeren Blattlausbefall liegen. Wahrscheinlicher ist jedoch, dass durch die extremen klimatischen Bedingungen dieses Jahres die Anzahl der Virusreservoirs reduziert war.

Abstract:

The transgenic lines DH59 CP102, DH59 Nib146 and DH59 Nib156 showed a high degree of resistance against primary and secondary infection and 'Linda Nib58' a moderate level whereas other DH59 lines did not reveal resistance to PVY. Higher susceptibility of DH59 CP41 to PLRV was confirmed in 2002/03 again. Primary infection was exceedingly low in 2003 but does not seem to be simply related to the lower density of aphid population.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß-Lüsewitz, Darsow, U.; BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Rabenstein, F, Barchend, G;

* gefördert mit Mitteln des BMBF, FKZ 03 12 318

(BAZ-2158)

1.6 Analyse der Ursachen der Blattfleckenkrankheit beim Feldsalat (*Valerianella locusta* L.)

Analysis of the cause of the leaf spot disease on corn salad (*Valerianella locusta* L.)

Barchend, G.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel unserer Arbeiten ist es zu klären, wodurch die Blattflecken am Feldsalat verursacht werden und über welchen Infektionsweg dies geschieht. Darauf aufbauend soll ein Verfahren zur Resistenzprüfung erarbeitet werden.

The destination of our works is the analysis of the disease causing agent, isolation, identification, transfer and characterization of pathogenic bacterial isolates from plants with leaf spots. Further more methods for resistance screening should be developed.

Ergebnisse:

Seit 1999 treten Blattfleckensymptome am Feldsalat in Deutschland auf. Ein verstärktes Vorkommen dieser Blattsymptome ist hauptsächlich in der Pfalz zu beobachten. Daraus resultieren erhebliche Verluste der Erzeuger, da befallene Partien nicht mehr vermarktet werden können. Von Feldsalatproben mit Blattflecken aus dem Freilandanbau konnten Bakterien der Gattung *Pseudomonas* (*Acidovorax valerianellae* spp. nov.) isoliert und auf Feldsalat (Abb.1) rückübertragen werden.



Abb. 1: Blattflecken am Feldsalat der Sorte 'Favor'
Fig.1: Leaf spots on corn salad cultivar 'Favor'

Als mögliche Übertragungswege von *A. valerianellae* auf Feldsalat werden sowohl infiziertes Saatgut als auch eine Kontamination des Bodens mit dem Erreger diskutiert. In den letzten Jahren wurden Versuche angelegt, um diese Übertragungsmechanismen zu klären.

Die Infektion über den Boden wurde durch die Kontamination des Substrates durch Vergießen einer Bakteriensuspension ($2 \times 1,6 \times 10^9$ Zellen/ml) und Mischen von Erds substrat mit verrottetem, infiziertem Pflanzenmaterial und Erde aus Infektionsversuchen geprüft. Nach der Ernte (Überwinterung, Saatgutgewinnung) wurden von den einzelnen Testvarianten Proben (je 5 g Substrat in 200 ml Wasser) für 16 h bei 20 °C geschüttelt und anschließend auf YDC-Medium ausplattiert. Eine Vielzahl von Isolaten wurde serologisch (Agglutination) auf das Vorhandensein von *A. valerianellae* getestet. In keinem Fall gelang ein positiver Nachweis des Erregers.

Das geerntete Saatgut aus verschiedenen Infektionsvarianten (JB der BAZ, 2002) wurde sowohl mittels Schüttelkultur und als auch durch Homogenisieren (Mörser) analysiert. Die so gewonnenen Proben wurden mikroskopisch (Immunfluoreszenz, IF) untersucht. Ganz vereinzelt konnte in beiden Varianten *A. valerianellae* identifiziert werden. Nach dem Ausplattieren der Proben auf Nährmedium war die Detektion des Erregers nicht möglich. Weiterhin wurden Feldsalatpflanzen nach Nadelstichverletzungen in verschiedenen Verdünnungsstufen mittels Sprühinokulation infiziert und bei 15 °C inkubiert. Blattfleckensymptome traten bis zu einer Verdünnung von 10^5 Zellen/ml auf. Die Infektion war nicht systemisch. *A. valerianellae* konnte nur aus symptomtragenden Blättern reisoliert werden. Ein Erregernachweis aus symptomlosen, inokulierten Feldsalatblättern war nicht möglich.

Da sich die Isolierung von *A. valerianellae* aus Boden- und Saatgutproben als problematisch erwies, überprüften wir die Sensibilität unserer Testverfahren. Dazu wurde die Erregerkultur (2 d alt) in unterschiedlichen Verdünnungsstufen (jeweils 0,1 ml) auf YDC-Platten ausgebracht. Die Nachweisgrenze lag bei einer Bakteriendichte von 10^4 Zellen/ml, hier war nur noch sporadisch ein Bakterienwachstum zu beobachten.

Unsere Versuche zeigten, dass mindestens eine Bakteriendichte von 10^5 Zellen/ml erforderlich war, um unter unseren Infektionsbedingungen Blattfleckensymptome zu erzeugen. Um *A. valerianellae* aus Boden- und Saatgutproben zu isolieren, müssen mindestens 10^5 Zellen/ml des Bakteriums vorhanden sein. Der ganz vereinzelt Nachweis von *A. valerianellae* mittels IF konnte in keinem Fall durch eine Isolierung des Erregers abgesichert werden. Das kann sowohl durch die sehr geringe Dichte als auch durch eine fehlende Pathogenität der Bakterien bedingt sein.

Abstract:

A. valerianellae could be isolated from corn salad with leaf spots. A bacterium density of 10^5 (cfu/ml) is necessary to induce symptom development on corn salad. The bacterium can only be proved from inoculated leaves. In further experiments, the bacterium could not be reisolated from artificially contaminated substrate. In infected seeds only very occasionally *A. valerianellae* was detected by Immunofluorescence (IF). The detection limit of *A. valerianellae* from seeds and substrate is 10^5 cfu/ml.

In Zusammenarbeit mit den Firma Juliwa-Enza GmbH & Co. KG, Heidelberg, Schieder, A.

(BAZ-2159)

1.7 Entwicklung von Methoden für die Züchtung von Kümmel-Sorten (*Carum carvi* L. var. *annuum*) mit Resistenz gegen die Doldenbräune-Erreger *Phomopsis diachenii* und *Alternaria* spp.

Development of methods for the breeding of caraway cultivars (*Carum carvi* L. var. *annuum*) with resistance to the umbel browning pathogens *Phomopsis diachenii* and *Alternaria* spp.

Gabler, J.

Zielsetzung/Aim:

Schaffung der experimentellen Grundlagen für die Selektion von Kümmelgenotypen mit verbessertem Resistenzniveau gegenüber Doldenbräune.

Development of the methodical basis for the selection of caraway genotypes with improved resistance level to umbel browning.

Ergebnisse:

Alternaria spp.

Im Schalentest mit abgetrennten, aus dem Freiland von definierten Pflanzen entnommenen Blättern bestanden graduelle Unterschiede im Befallsgrad von 12 Zuchtstämmen. Die visuelle Symptombonitur und der PTA-ELISA ergaben überwiegend gleichsinnige Ergebnisse ($r=0,78$) (Abb. 1).

Die Zuchtstämme C6, C12, C3 und C2 waren schwächer, C11, C4, C5 und C8 dagegen stärker befallen. Bei C12 stand dem geringen Befallsgrad ein unerwartet hoher ELISA-Wert gegenüber, was für eine graduelle Erregertoleranz spricht. Die Frage, ob das Resistenzniveau der Zuchtstämme gegenüber natürlichem Doldenbräunebefall an den Blättern erkennbar ist, ließ sich 2003 nicht in der gewünschten Weise klären, da aufgrund der extremen Trockenheit nahezu keine Doldenbräune auftrat. Die Ergebnisse der Feldbonituren 2000 und 2001 ließen jedoch in wesentlichen Punkten Übereinstimmungen mit dem Schalentest erkennen. Zum Beispiel zählte C6 in beiden Fällen zu den schwächer, C8 dagegen zu den stärker befallenen Zuchtstämmen (Tab. 1).

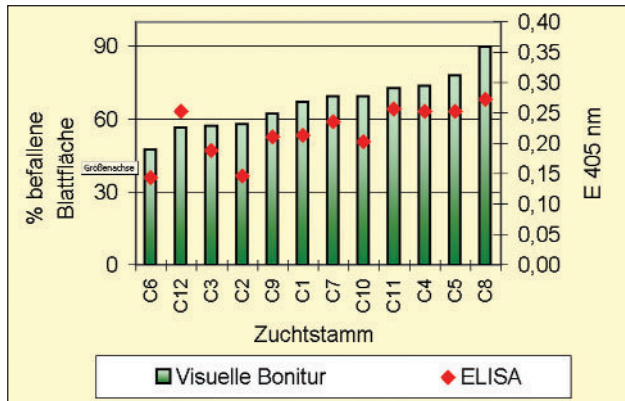


Abb. 1: Befallsgrad von 12 Zuchtstämmen im Schalentest mit abgetrennten Blättern nach Inokulation mit *Alternaria* spp.

Fig. 1: Infection rate of 12 breeding lines in a lab test with detached leaves inoculated with *Alternaria* spp.

Tab. 1 : Stärke des Befalls (Fläche unter der Befallsverlaufskurve) von 12 Zuchtstämmen mit Doldenbräune unter natürlichen Bedingungen

Table 1: Intensity of the infection (area under the disease progress curve) of 12 breeding lines with umbel browning under natural conditions

Zuchtstamm	Befallsstärke	
	2000	2001
C1	28	68
C2	42	78
C3	47	80
C4	23	71
C5	19	46
C6	17	52
C7	42	88
C8	118	85
C9	47	91
C10	51	123
C11	41	226
C12	78	105

Phomopsis diacheni

Im Schalentest mit abgetrennten, aus dem Freiland entnommenen Blättern zeigten sich Unterschiede im Befallsgrad von 12 Zuchtstämmen. Zwischen den Ergebnissen der visuellen Symptombonitur und den ELISA-Werten bestand eine positive Korrelation ($r=0,67$). Die Zuchtstämme C2, C3, C6 und C9 ergaben niedrigere, C1, C10 und C11 höhere Werte in der visuellen Bonitur und im ELISA (Abb. 2). Bei C12 und insbesondere bei C8 wurde ein höherer ELISA-Wert ermittelt als die visuelle Bonitur erwarten ließ. Auf dem Feld waren beide Zuchtstämme stark befallen (Tab. 1). Dieser Befund spricht für eine gewisse Erregertoleranz der Blätter im Vergleich zu den Dolden. Bei C6 (schwach befallen) und C10 (stark befallen) stimmten die Ergebnisse des Schalentests mit dem Freilandverhalten überein. Obgleich ein direkter Bezug zwischen dem Befallsgrad der verwendeten Blätter und der Stärke des Doldenbräunebefalls derselben Pflanzen im Freiland aufgrund der Trockenheit nicht hergestellt werden konnte, gibt es

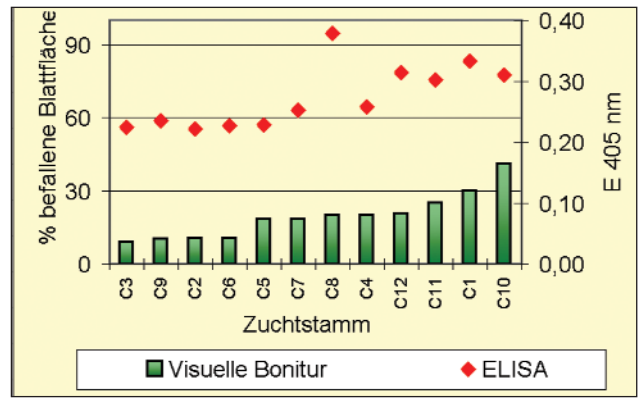


Abb. 2: Befallsgrad von 12 Zuchtstämmen im Schalentest mit abgetrennten Blättern nach Inokulation mit *Phomopsis diacheni*

Fig. 2: Infection rate of 12 breeding lines in a lab test with detached leaves inoculated with *Phomopsis diacheni*

u. E. genügend Argumente dafür, den Schalentest mit abgetrennten Blättern als effektive und praktikable Resistenzprüfmethode zu empfehlen.

Abstract:

Alternaria spp.

Gradual differences in the infection rate were observed between 12 breeding lines in a lab test with detached leaves of field grown plants. The visual symptom scorings and the ELISA provided mostly corresponding results ($r=0,78$) (Fig. 1). The breeding lines C6, C12, C3 and C2 showed a lower, C11, C4, C5 and C8 a higher infection rate. A relative weak infection and a relative high ELISA value were estimated in case of C12 indicating a gradual pathogen tolerance. In 2003, a correlation between the symptom severity of the leaves and the infection degree of the same plants under field conditions was not obtained, due to extreme drought. A comparison of the results of the leaf test with the field dates obtained in 2000 and 2001 showed accordance in some important points. That regards C6 and C8, for example (Table 1).

Phomopsis diacheni

Gradual differences in the infection rate of 12 breeding lines were observed in the leaf test. A positive correlation ($r=0,67$) was found between the results of the visual symptom scorings and ELISA. The breeding lines C2, C3, C6 and C9 showed a weaker infection rate compared with C11, C1 and C10 (Fig. 2). Relative high ELISA values and relative low infection rates were estimated in C8 and C12. These breeding lines were strongly attacked in the field experiments 2000 and 2001 (Table 1). That could indicate to a pathogen tolerance of the leaves. An accordance with the results obtained in the field was also found in case of C6 (weakly attacked) and C10 (strongly attacked). The leaf test applied can be recommend as an effective and feasible resistance screening method.

(BAZ-2155)

1.8 Analyse des Krankheitsauftretens an *Origanum* spp.

Analysis of the recently current diseases on *Origanum* spp.

Gabler, J.

Zielsetzung/Aim:

Schaffung der wissenschaftlichen Grundlagen für die Verbesserung der Resistenz von *Origanum*-Genotypen gegen wirtschaftlich wichtige, insbesondere pilzliche Krankheitserreger als Voraussetzung für einen effektiven und umweltschonenden Anbau von Sorten mit zweckgerichtet optimierter Inhaltsstoffzusammensetzung.

Laying down the scientific basis for the improvement of the resistance of *Origanum* genotypes to economically important, particularly fungal pathogens as a prerequisite for an effective and environmental conservation-conscious production of cultivars with an purpose-orientated optimised composition of the essential oil.

Ergebnisse:

Die vorherrschenden Symptome an Majoran (*Origanum majorana* L.) in Beständen des traditionellen Anbaugebietes um Aschersleben nach dem sehr regenreichen Frühjahr/Frühsummer 2002 waren Blattflecken, Auflauf-, Fuß- und Umfallkrankheiten, die zu Lücken im Bestand, nesterweisem Absterben von Pflanzen und teilweise Totalausfällen führten. Als Krankheitsursache erwies sich ein starker Befall durch *Alternaria*- und *Pythium*-Arten. Gelegentlich waren auch *Cladosporium* sp. und *Stemphylium* sp. beteiligt. Dieser Erregerkomplex ist als Schadfaktor im Majorananbau bekannt; außergewöhnlich war jedoch der starke, zu überdurchschnittlich hohen Verlusten führende Befall. In den Oreganobeständen (*Origanum vulgare* L. mit Unterarten) der Region dominierten in frühen Phasen der Epidemie (Anfang Juni) Wuchsdepressionen, Chlorosen, Nekrosen und zum Teil mosaikartige Scheckungen der Blätter. Als Ursache dieser Symptome wurde im Elektronenmikroskop und DAS-ELISA Befall mit dem *Alfalfa mosaic virus* (AMV) und einem unbekanntem Potyvirus nachgewiesen. Weitere Pflanzen (ca. 10 %) zeigten Welke- und Absterbeerscheinungen sowie schwarze Blatt- und Stängelflecken (Schwarzfleckigkeit). Dieses Schadbild wurde meist durch einen Komplex aus mehreren Pilzen (*Phoma* sp., *Alternaria* spp., *Fusarium* spp., *Pythium* sp., *Cladosporium* sp., *Stemphylium* sp., *Verticillium cinnabarinum*) hervorgerufen, in dem sich *Phoma* sp. in Pathogenitätstests als virulentester Vertreter erwies (Abb. 1).

Die Virose wurden im Verlauf der Epidemie überwachen, während sich die Schwarzfleckigkeit zunehmend ausbreitete. Im Juli waren bereits 50-60 % der Pflanzen befallen. Über die Krankheit ist bisher wenig bekannt. In Sachsen-Anhalt ist sie neu. In Frankreich wurde *Phoma* sp. an Oregano 1999 zum ersten Mal als ökonomisch bedeutsamer Schadfaktor nachgewiesen. Bisher ungeklärt ist,

um welche *Phoma*-Art es sich handelt, welchen Wirtskreis sie befällt, wie sie überdauert und ob sie Mykotoxine bildet. Im Jahr 2003 traten, bedingt durch die extreme Trockenheit, nahezu keine pilzlichen Krankheiten in den Majoran- und Oreganobeständen auf. An einzelnen Majoranpflanzen zeigten sich Stängelschürungen (*Pythium* sp., *Fusarium* spp.) und Blattflecken (*Alternaria* spp.), an Oreganopflanzen Stängelbräune (*Alternaria* spp., *Fusarium graminearum* und weitere *Fusarium* spp.) sowie Blattflecken (*Alternaria* spp., *Septoria origanicola*). *Phoma* sp. wurde nicht nachgewiesen. In einem Feldversuch mit 12 Herkünften von *Origanum* spp., der zur Beobachtung des Krankheitsauftretens und zur Ermittlung von Anfälligkeitsunterschieden dienen sollte, traten ebenfalls keine Krankheiten auf. In Pathogenitätstests im Gewächshaus erwiesen sich neben *Phoma* sp. auch Isolate von *Alternaria* spp. und *F. graminearum* als virulent. Die Untersuchungen werden fortgesetzt.

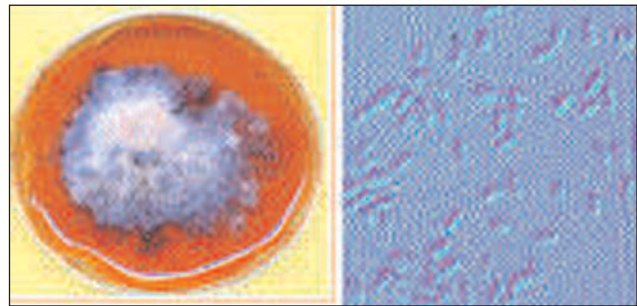


Abb. 1: Agarkultur und Konidien von *Phoma* sp., dem Erreger der Schwarzfleckigkeit an Oregano
Fig. 1: Agar culture and conidia of *Phoma* sp. the pathogen of the black stem spot disease on oregano

Abstract:

A massive occurrence of diseases was observed in marjoram and oregano crops in the traditional cultivation area around Aschersleben in 2002 after an extreme rainy spring and early summer. Predominant symptoms in marjoram crops were leaf spots and damping off leading to incomplete crops, dying of plants and total losses. A very serious attack with *Alternaria* spp. and *Pythium* spp. was identified as cause of the disease syndrom. This pathogen complex is known as damage factor in the marjoram cultivation but the intensity infections and the extend of the losses were unusually. In oregano crops, depressed plants, chlorosises, necrosises and partly mosaic dappled leaves predominated in early phases of the epidemic (in the beginning of June). The alfalfa mosaic virus and one unknown potyvirus were determined as causal agents by electron microscopy and DAS-ELISA (Ehrig, Rabenstein). Wilting and dying of shoots with black spots (stem and leaf black spot disease) occurred on about 10 % of the plants. *Phoma* sp. was identified (Fig. 1) in pathogenicity tests to be the most virulent pathogen within a complex of different fungi (*Alternaria* spp., *Fusarium* spp., *Pythium* sp., *Cladosporium* sp., *Stemphylium* sp., *Verticillium cinnabarinum*). The black spot disease increased continuously in the crops (in July, 50-60 % of the plants with symp-

toms), and the viral symptoms decreased. *Phoma* sp. is new in our cultivation area. In France, it was detected as an economically important pathogen for the first time in 1999. The species is not determined until now. Further questions regard the host specificity, the survival and the toxin production. Nearly no fungal diseases occurred in 2003 caused by the extreme dryness. Only stem shrinking and leaf spots (*Pythium* sp., *Fusarium* spp., *Alternaria* spp.) could be observed on few marjoram plants. Stem browning (*Alternaria* spp., *Fusarium graminearum* and further *Fusarium* spp.) and leaf spots (*Alternaria* spp., *Septoria origanicola*) occurred on few oregano plants. *Phoma* sp. was not established. No diseases could be observed in a field experiment with 12 *Origanum* accessions, too. Some isolates of *Alternaria* spp. and *F. graminearum* proved to be virulent in pathogenicity tests, too.

(BAZ-2187)

1.9 Rasterelektronenmikroskopische Untersuchungen der Ursachen der Resistenz von *Daucus* ssp. gegen *Alternaria dauci*

Scanning electronmicroscopical investigations of the causes of resistance of *Daucus* ssp. against *Alternaria dauci*

Ehrig, F.

Zielsetzung/Aim:

Morphologische Charakterisierung der epikutikulären Wachsschicht auf Laubblättern verschiedener *Daucus* ssp. als mögliche Resistenzquelle gegen *Alternaria dauci*.

Morphological characterization of epicuticular wax layers on leaves of different *Daucus* ssp. as potential sources of resistance

Ergebnisse:

In vorherigen Untersuchungen konnte gezeigt werden, dass die epikutikuläre Wachsschicht der Laubblätter in der Gattung *Daucus* stark variiert. Sie ist z. B. bei der Kulturmöhre *D. c. sativus* sehr dünn (Abb. 1), bei *D. c. commutatus* dagegen wesentlich dicker (Abb. 2).

Große Unterschiede wurden bei beiden Unterarten auch hinsichtlich der Anfälligkeit gegen *Alternaria dauci* beobachtet. Während *D. c. sativus* sehr anfällig gegen das Pathogen ist, erwies sich *D. c. commutatus* als weitgehend resistent.

Wir verglichen die Entwicklung von *A. dauci* auf der Blattoberfläche von *D. c. sativus* und *D. c. commutatus*, um Unterschiede zu finden, die Grundlage für die Resistenzreaktion sein können. Dazu brachten wir kleine Tropfen einer Konidiensuspension auf Blattstücken der Versuchspflanzen und inkubierten diese für 12 h bei 20-22 °C in einer Feuchtkammer. Anschließend wurde das Material im Rasterelektronenmikroskop mit dem ESEM-Verfahren unter-

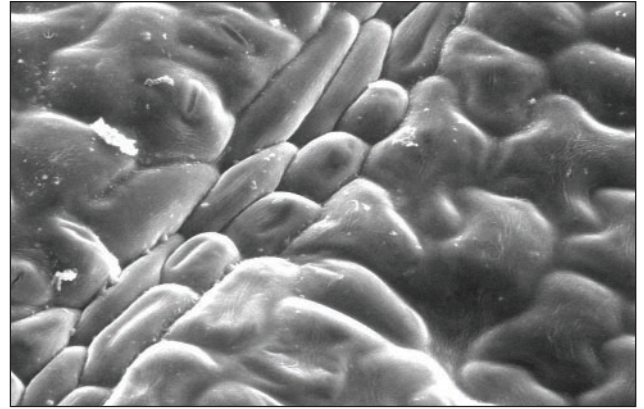


Abb. 1: Oberfläche eines Blattes von *D. c. sativum* mit dünner epikutikulärer Wachsschicht

Fig. 1: Leaf surface of *D. c. sativum* with thin epicuticular wax layer

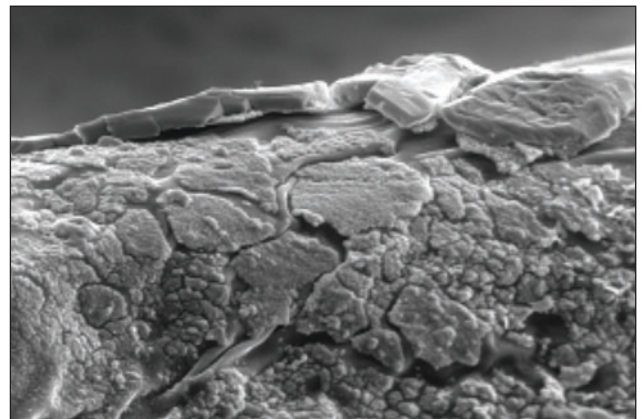


Abb. 2: Oberfläche eines Blattes von *D. c. commutatus* mit dicker epikutikulärer Wachsschicht

Fig. 2: Leaf surface of *D. c. commutatus* with thick epicuticular wax layer

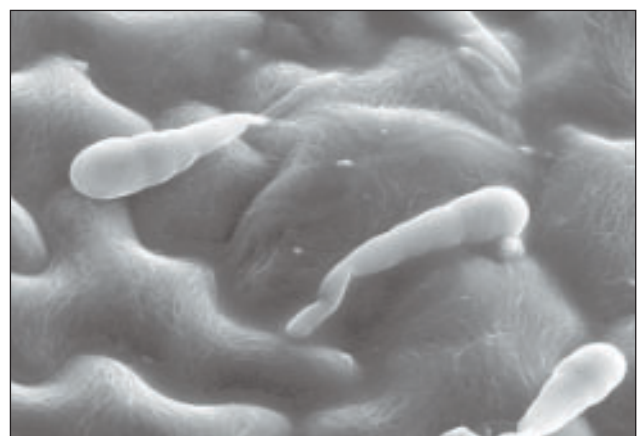


Abb. 3: Konidien von *Alternaria dauci* auf der Oberfläche eines Blattes von *D. c. sativum*, Keimschläuche und Penetration

Fig. 3: Conidia of *Alternaria dauci* on the leaf surface of *D. c. sativum*, germ tubes and penetration

sucht. Die Infektion beginnt mit der Konidienkeimung. Anschließend erfolgt die Penetration der Blattepidermis, bei der auch die epikutikuläre Wachsschicht durchdrungen werden muss. Bei *D. c. sativus* wurden an den Konidien kurze Keimhyphen gefunden, die in unmittelbarer Nähe der Konidien die Epidermis ohne Bildung deutlicher Appressorien penetrierten (Abb. 3). Bei *D. c. commutatus* waren die Keimhyphen wesentlich länger und häufig kollabiert (Abb. 4).

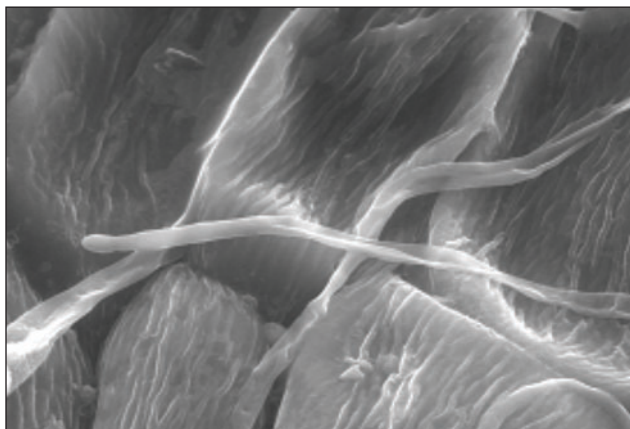


Abb. 4: Konidie von *Alternaria dauci* auf der Oberfläche eines Blattes von *D. c. commutatus*, lange, kollabierende Keimschläuche

Fig. 4: Conidium of *Alternaria dauci* on the leaf surface of *D. c. commutatus*, long, collapsed germ tubes

Hinweise für eine erfolgte Penetration der Epidermis wurden nicht beobachtet. Offenbar kann die Wachsschicht vom Pilz nicht durchdrungen werden und stellt eine wirksame Barriere gegen sein Eindringen in das Blatt dar. Die Keimhyphen wachsen auf der Blattoberfläche, bis die Nährstoffe aus den Konidien verbraucht sind. Anschließend kollabieren die Pilzstrukturen.

Eine dicke Wachsschicht kann demnach als Ursache für die Resistenz von *D. c. commutatus* gegen *Alternaria dauci* angesehen werden. Die Urformen der Kulturmöhre stammen aus dem Mittelmeerraum oder aus Kleinasien. Unter diesen klimatischen Bedingungen ist eine dicke Wachsschicht als Transpirationsschutz essentiell. Während der Züchtung der Möhre ging dieses Merkmal jedoch verloren. Das Merkmal Wachsschicht sollte deshalb zukünftig bei der Möhrenzüchtung berücksichtigt werden.

Abstract:

It was shown in previous investigations, that the epicuticular wax layer of the leaves varies in the species *Daucus* strongly. While the wax layer of the cultivated carrot *D. c. sativus* is very thin, it is considerably thicker in case of *D. c. commutatus*. Clear differences were also observed in both subspecies regarding susceptibility to *Alternaria dauci*. *D. c. sativus* is very sensitive, while *D. c. commutatus* shows a high level of resistance against this fungus. We investigated the development of *A. dauci* on leaves of *D. c.*

sativus and *D. c. commutatus*, in order to find morphological differences related to the different susceptibility of the plants. Conidia on leaf surface of *D. c. sativus* had short germ tubes which penetrated the epidermis without a visible formation of appressoria. In the case of *D. c. commutatus* the germ tubes were considerably longer and often collapsed. In no case penetration of epidermis was observed. Obviously, the thick wax layer represents an effective barrier against a fungus attack. For wild *Daucus* species in hot climates the layer is essential as a transpiration shield but this characteristic feature has been almost lost along the process to breed varieties for cooler environments.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Nothnagel, T.

(BAZ-1157)

1.10 Entwicklung von Winterdurum mit verbesserter Teigqualität und Resistenz gegen pilzliche und virale Krankheitserreger

Development of winter durum with improved pasta quality and resistance to different fungi and viruses

Kastirr, U.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel des Verbundprojektes innerhalb der InnoPlanta-Initiative Nordharz/Börde besteht in der Entwicklung winterfesten Hartweizens mit verbesserten Qualitäts- und Resistenzeigenschaften. In dem hier vorliegenden Teilprojekt werden Wildformen von *Triticum durum* und Zuchtmaterial unter Freiland- und Klimakammerbedingungen auf Resistenz gegen pilzliche Blatt- und Ährenpathogene (*Fusarium*-Arten, *Septoria tritici*, *Stagonospora nodurum*) und bodenbürtige Viren (*Soil-borne cereal mosaic virus* - SBCMV, *Wheat spindle streak mosaic virus* - WSSMV) untersucht.

The aim of the co-operate project is the development of durum with improved winter-hardiness, quality and resistance. In the frame of this project part *Triticum durum* - wild forms and breeding material are evaluated for resistance to fungal leaf and ear pathogens (*Fusarium* - species, *Septoria tritici*, *Stagonospora nodurum*) and to soil-borne viruses (*Soil-borne cereal mosaic virus* - SBCMV, *Wheat spindle streak mosaic virus* - WSSMV) under field and controlled conditions.

Ergebnisse:

Resistenz gegen pilzliche Blatt- und Ährenpathogene

Im Rahmen der Charakterisierung der Widerstandsfähigkeit des Winterdurums gegen pilzliche Pathogene wurden Herkünfte der Genbanken der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen in Braunschweig (GB BAZ) und des Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (GB IPK) und Zuchtmaterial der Firma

Südwestdeutsche Saatzucht (SZ R) auf Resistenz gegen *Fusarium*-Arten, *S. tritici* und *S. nodorum* evaluiert. Im Projektjahr 2002 erfolgte der Anbau von 196 und im Folgejahr 209 *Triticum durum* - Formen im Freiland, um durch Inokulation mit Konidien suspensionen der Pathogene künstlichen Pilzbefall vergleichbarer Intensität zu bewirken. Der strenge Winter zu Beginn des Jahres 2003 führte zu einer starken Auswinterung der Prüfglieder (Tab. 1). Somit erfolgte eine natürliche Auslese auf Winterfestigkeit im ausgewählten Genbankmaterial und es konnten in die Untersuchungen nur 37 von 175 Akzessionen einbezogen werden.

Tab. 1: Ausgewählte Winterdurum-Herkünfte für die Resistenzprüfung gegen *Fusarium* spp., *S. tritici* und *S. nodorum*

Table 1: Winter durum material for the resistance screening to *Fusarium* spp., *S. tritici* and *S. nodorum*

Prüfjahr	Anzahl Herkünfte			
	GB BAZ	GB IPK	SZ R	Sorten
2002	16	150	24	6
2003	105	70	25	9
Überwinterung 2003	34	3	25	9

Die Ergebnisse zur Resistenzbewertung der unterschiedlichen Durum-Wildformen gegen die pilzlichen Pathogene sind in der Tabelle 2 zusammengefasst. Die Befallsstärke wurde als prozentualer Pilzbefall je Parzelle erfasst.

Tab. 2: Resistenzbewertung unterschiedlicher Durum-Genotypen gegen pilzliche Pathogene in den Versuchsjahren 2002 und 2003

Table 2: Assessment of resistance of different Durum genotypes to fungal pathogens in the experimental years 2002 and 2003

Pathogen	Befallsstärke %	Anzahl Herkünfte von					
		Genbank BS		Genbank IPK		SZ R	
		2002	2003	2002	2003	2002	2003
<i>Fusarium culmorum</i>	bis 10	7	3	54	0	3	15
	10 bis 20	5	10	35	3	10	9
	20 bis 30	4	13	38	0	6	1
	> 30	0	8	23	0	5	0
Versuchsmittelwert 2002 = 20 Versuchsmittelwert 2003 = 20							
<i>Stagonospora nodorum</i> *	bis 10	8	32	79	3	18	25
	10 bis 20	5	1	28	0	5	0
	20 bis 30	1	0	20	0	1	0
	> 30	2	1	23	0	0	0
Versuchsmittelwert 2002 = 16							
<i>Septoria tritici</i> *	bis 10	9	34	89	3	17	25
	10 bis 20	4	0	41	0	6	0
	20 bis 30	2	0	14	0	1	0
	> 30	1	0	6	0	0	0
Versuchsmittelwert 2002 = 11 Versuchsmittelwert 2003 = 3							

* im Jahre 2003 waren die Infektionsbedingungen für die Entwicklung dieser Pathogene sehr ungünstig

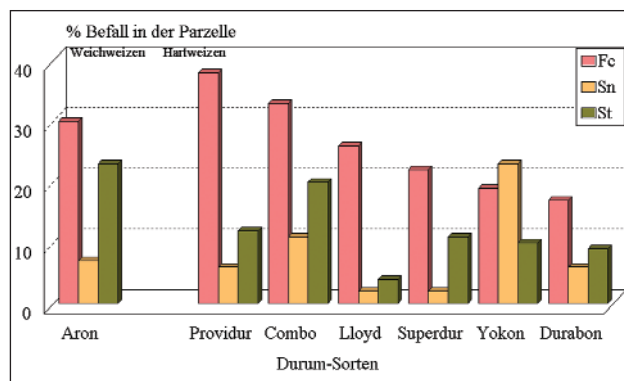


Abb. 1: Reaktion von Durum-Sorten auf die Infektion mit *Fusarium culmorum* (Fc) *Stagonospora nodorum* (Sn) und *Septoria tritici* (St) nach künstlicher Inokulation im Freiland im Jahr 2002

Fig. 1: Reaction of durum cultivars to *Fusarium culmorum* (Fc), *Stagonospora nodorum* (Sn) and *Septoria tritici* (St) after artificial inoculation under field conditions in 2002

Die Versuchsergebnisse für das Jahr 2002 zeigen eine hohe Variabilität in der Pilzanfälligkeit für alle 3 Erreger. Eine große Anzahl von Akzessionen wies ein geringes Befallsniveau auf. Von den 166 getesteten Wildformen wurden in der Befallsklasse unter 10 % 61 Genotypen mit *F. culmorum*-Infektion, 87 Herkünfte mit *S. nodorum*-Infektion und 98 Durum-Formen mit *S. tritici*-Infektionen gruppiert. Die unterschiedlichen Reaktionen der Durum-Sorten auf den Pilzbefall sind in der Abbildung dargestellt. Der *Fusarium*-Befall variierte zwischen 16 % und 38 %. Die Sortenreaktionen differieren zwischen den 3 Pathogenen. Im Versuchsjahr 2003 konnte nur die Infektionsstärke mit

F. culmorum beurteilt werden. Durch den schnellen Wärmeeinbruch im Frühjahr waren die Infektionsbedingungen für *S. nodorum* und *S. tritici* sehr ungünstig. Der Versuchsmittelwert für diese beiden Pathogene lag bei nur 2 % Befall und eine Bewertung der Resistenz der Genotypen war nicht möglich.

Untersuchungen zur Resistenz gegen bodenbürtige Viren

In den beprobten Weizenanbaugebieten Sachsen-Anhalts wurden bodenbürtige Viren bisher nicht nachgewiesen. Aus den an Deutschland angrenzenden Nachbarländern ist jedoch bekannt, dass diese Viren auch im Weizen zu wirtschaftlich bedeutsamen Ertragsausfällen führen. Aus diesem Grund wurden 9 Durum-Sorten, 41 Durum-Zuchtlinien und 35 Genbank-Akzessionen auch hinsichtlich ihrer Resistenz gegen bodenbürtige Viren unter Klimakammerbedingungen (Tab. 3) bewertet.

Tab. 3: Untersuchungen zur Resistenz von Durum-Zuchtlinien und -Wildformen gegen das SBCMV unter Klimakammerbedingungen

Table 3: Investigation of resistance of Durum breeding lines and wild forms to SBCMV under climatic conditions

Material	Anzahl geprüfter <i>Triticum durum</i> - Formen			
	gesamt	virusfrei < 0,10	mit SBCMV - Befall (E ₄₀₅) 0,11 bis 0,40	0,41 bis 1,00
Sorten	9	0	3	6
Zuchtlinien				
SZ R	41	0	8	33
Wildformen				
Genbank BS	18	0	3	15
Genbank IPK	17	0	7	10

Virusresistenz wurde in dem bisher getesteten Material nicht nachgewiesen. Einige Genotypen wiesen jedoch eine sehr geringe Viruskonzentration auf.

Unter Feldbedingungen wurden die 17 Akzessionen aus der Genbank des IPK und 25 ausgewählte Zuchtlinien durch das SBCMV und das WSSMV infiziert. Zwei der Genbankherkünfte zeigten sowohl im Klimakammertest als auch im Feldtest ein geringes Befallsniveau.

Abstract:

Durum accessions (233), durum breeding lines (25) and cultivars (9) were screened for resistance to fungal pathogens (*Fusarium culmorum*, *Stagonospora nodorum* and *Septoria tritici*) and showed a wide variability of susceptibility to the funguses with infection rates between 1% and 88 % per plot. The durum material (35 accessions, 41 breeding lines, 9 cultivars) tested for resistance to soil-borne viruses showed no resistance. Two accessions with a low level of virus concentration were selected under field and climatic conditions.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, Genbank; Graner, A., Grau, M.; Südwestdeutsche Saatzeit, Rastatt, Römer, P. (BAZ-2168, gefördert durch BMBF)

1.11 Evaluierung von Triticale auf Resistenz gegen bodenbürtige Viren

Evaluation of triticale for resistance to soil-borne viruses

Kastirr, U.; Herrmann, M.

Zielsetzung/Aim:

Die weit verbreiteten bodenbürtigen Viren, *Soil-borne cereal mosaic virus* (SBCMV) und *Wheat spindle streak mosaic virus* (WSSMV) stellen auch für den Triticale-Anbau in Deutschland eine Gefahr dar. Deshalb besteht das Ziel des Projektes in der Erschließung von neuen Resistenzquellen für die Züchtung von Triticale-Sorten mit Resistenz gegen bodenbürtige Viren.

Because production of triticale is increasing by becoming threatened by the economically important SBCMV and WSSMV new sources of resistance are to identify and to make available for breeders.

Ergebnisse:

In einjähriger Laufzeit sollte in Form von Vorversuchen das Resistenzniveau von Triticale-Sorten und vorhandenem Zuchtmaterial eingeschätzt werden. Die Resistenzuntersuchungen wurden an 3 unterschiedlichen Befallstandorten mit Verseuchung durch das SBCMV und das WSSMV durchgeführt. Zusätzlich erfolgte die Testung dieses Materials und weiterer 44 Halbgeschwister- und Geschwisterformen von Kreuzungspopulationen und BC1-Pflanzen auf Resistenz gegen das SBCMV in der Klimakammer.

Alle bisher unter Klimakammerbedingungen geprüften Triticale-Herkünfte sind für das SBCMV anfällig. Lediglich bei einer Abstammung waren nur 33 % der Pflanzen infiziert, wobei die Viruskonzentrationen sehr gering sind.

Das Sortiment der ersten Klimakammerprüfung sowie des Freilandexperimentes bestand aus 12 Triticale-Sorten des EUCARPIA - Sortimentes und 13 Zuchtstämmen bzw. Sorten der Pflanzenzucht SaKa-GbR. Nur 3 Herkünfte zeigten im Klimakammerversuch einen Teilbefall, die restlichen eine weitgehende Anfälligkeit. Neun Prüfglieder aus dem ersten Klimakammerexperiment wurden im zweiten Versuch erneut geprüft, wobei sich alle als anfällig erwiesen. Im Freilandversuch zeigten 3 Stämme der Pflanzenzucht SaKa - GbR eine Resistenz, die im Klimakammerversuch jedoch nicht festgestellt wurde.

Im zweiten Klimakammertest wurden desweiteren 10 Zuchtstämme aus Groß Lüsewitz geprüft. 77 % der Pflanzen eines F5-Stammes blieben befallsfrei. Zur Bestätigung der Teilresistenz wurden dieser Stamm sowie dessen Geschwisterlinien, die alle aus der Einzelpflanzenselektion in der F3-Population kommen, gemeinsam im 3. Klimakammertest geprüft, wobei in diesem Versuch von einigen Geschwisterstämmen die F4- und F5-Generation untersucht wurden.

Die 3. Resistenzprüfung bestätigte die Teilresistenz des Zuchtstammes. Von den Geschwisterlinien waren 6 anfällig und 7 teilresistent, wobei sich die Teilresistenz sowohl in der F4 als auch F5 zeigte. Auch die Anfälligkeit eines weiteren Zuchtstammes bestätigte sich sowohl in der F4 als auch F5. Dieses weist auf einen genetischen Hintergrund der Teilresistenz hin, die im Familienmittel bei 39,6 % resistenter Pflanzen im 3. Klimakammerversuch liegt. Aus der spaltenden F3-Population wurden resistente und anfällige Einzelpflanzen selektiert.

Abstract:

The resistance of 12 triticale cultivars and 67 breeding lines to soil-borne viruses was investigated in the course of one-year experiment. One of the breeding lines shows partial resistance.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Herrmann, M.; Pflanzenzucht SaKa GbR, Grabau, Wahle, J.

(BAZ-2174)

1.12 Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Bewertung der Virusresistenz bzw. -toleranz bei Getreidearten

Development and application of methods for assessment of virus resistance/-tolerance in cereal species

Kastirr, U.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel des Projektes besteht darin, die Virusresistenz unterschiedlicher Getreidearten gegen pilzübertragbare Viren (*Soil-borne cereal mosaic virus* - SBCMV, *Soil-borne wheat mosaic virus* - SBWMV, *Wheat spindle streak mosaic virus* - WSSMV) zu verbessern. Im Rahmen dieses Vorhabens werden Untersuchungen zur Epidemiologie und Virusdifferenzierung durchgeführt, Methoden zur Resistenzprüfung erarbeitet und Weizen und Triticale hinsichtlich ihrer Virusresistenz evaluiert.

The aim of this project is to improve the resistance of different cereal species to fungus transmitted viruses (*Soil-borne cereal mosaic virus* - SBCMV, *Soil-borne wheat mosaic virus* - SBWMV, *Wheat spindle streak mosaic virus* - WSSMV). The investigation of epidemiology and

virus differentiation, the development of methods for resistance screening and the evaluation of virus resistance in wheat are the main topics of this project.

Ergebnisse:

Entwicklung von Resistenzprüfmethoden unter kontrollierten und Freilandbedingungen

Mit der Etablierung einer Methode zur Resistenzprüfung gegen die Furoviren unter kontrollierten Bedingungen besteht die Möglichkeit zur kontinuierlichen Testung von Sorten, Zuchtlinien und Genbank - Akzessionen von Weizen und Triticale unabhängig von der Vegetation und vergleichbar mit definierten Standards.

Mit dem Ziel der Charakterisierung der Resistenzsituation gegen bodenbürtige Furoviren im Weizensortiment wurden im Klimakammertest 103 Weizensorten untersucht. Für 102 Weizensorten erfolgte die Einschätzung der Resistenz gegen das SBCMV in infektiöser Erde des Befallsstandortes Eickeloh und für 53 Sorten gegen das SBWMV in infektiöser Erde des Standortes Heddesheim. Mehrfache Testungen der Erdproben auf das Vorkommen beider Furoviren bewiesen, dass in jeder dieser Erdproben nur eines der beiden Furoviren präsent ist. Wie aus der Abbildung deutlich wird, sind über 80% der geprüften Sorten für beide Viren hoch anfällig. 7 Sorten (*Autan*, *Caesar*, *Claire*, *Hereward*, *Ökostar*, *Pernel*, *Tremie*) zeigten Resistenz gegen beide Viren.

Für die Überprüfung dieser Ergebnisse unter Freilandbedingungen wurden in den Jahren 2002/2003 und 2003/2004 randomisierte Feldversuchen in beiden Befallsflächen angelegt.

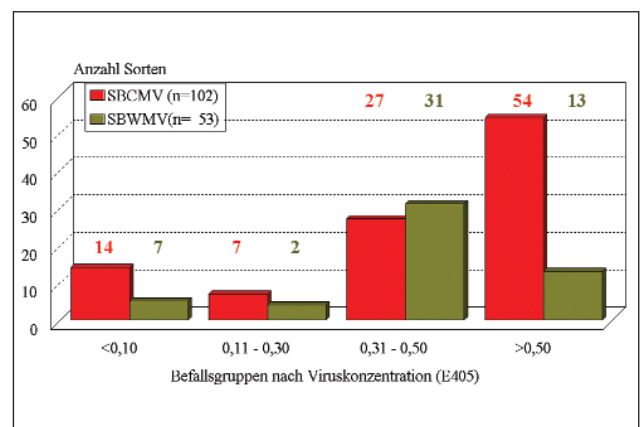


Abb. 1: Resistenzreaktionen von Weizensorten gegen Furoviren nach Testung in infektiöser Erde der Befallsstandorte Eickeloh (SBCMV) und Heddesheim (SBWMV) in der Klimakammer

Fig. 1: Resistance reaction of wheat cultivars to furoviruses tested in soils from the infested locations Eickeloh (SBCMV) and Heddesheim (SBWMV) under climatic conditions

Abstract:

The resistance situation in wheat cultivars was tested under climatic conditions. The reactions of 102 cultivars to inoculation with SBCMV and of 53 cultivars to SBWMV inoculation showed, that 80 % of the investigated wheat cultivars are high susceptible to both viruses. The 7 cultivars *Autan*, *Caesar*, *Claire*, *Hereward*, *Ökostar*, *Pernel*, *Tremie* have to be classified as resistant to both viruses.

In Zusammenarbeit mit: Nordsaat Saatzucht GmbH, Kuntze, L.; Saatzucht Hadmersleben GmbH, Hammann, T.; Pflanzenzucht Oberlimpurg, Frank, P.; Fr. Strube Saatzucht KG, Söllingen, Spanakakis, A.; Dr. J. Ackermann & Co., Saatzucht, Irlbach, Lein, V.; Saatzucht Hans Schweiger & Co. OHG, Moosburg, Kempf, H.; Limagrain-Nickerson GmbH, Edemissen; Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, Graner, A. Grau, M.

(BAZ-2169, gefördert durch BMBF)

1.13 Abwehrproteine der Gerste: Identifizierung von Isoformen der PR-5 Proteine Defence proteins of barley: Identification of isoforms of PR-5 proteins

Reiss, E.

Zielsetzung/Aim:

Beim Typ der polygenen Krankheitsresistenz, die von quantitativem Charakter, aber von dauerhafter Natur ist, scheint auch die Synthese von PR (pathogenesis-related)-Proteinen eine wesentliche Rolle zu spielen. Unter ihnen bilden die Thaumatin-ähnlichen Proteine (TLPs) eine eigene Gruppe, die PR-5 Proteine. Bei der Gerste konnten wir von Extrakten *Drechslera teres*-infizierter Gerstenblätter der Sorte 'Karat' im zweidimensionalen Elektrophoresegel acht Spots durch N-terminale Sequenzierung und durch Western Blot-Analyse den TLPs zuordnen. In den letzten Jahren wurden die cDNAs von vier dieser TLPs kloniert und sequenziert. Im Berichtsjahr wurde begonnen, die noch nicht vollständig sequenzierten TLPs im Polyacrylamidgel mit Hilfe von MALDI-TOF-MS über Fragmentierung und das Peptidmassenspektrum zu analysieren. Dadurch gewonnene Sequenzinformationen und bereits vorhandene Informationen wurden zur Suche nach relevanten ESTs in entsprechenden Datenbanken eingesetzt.

The polygenic resistance is still poorly understood, but is expected to provide more durable protection. It has been demonstrated that synthesis of PR (pathogenesis-related) proteins contributes to this type of defence. Among them the PR-5 proteins include a group of thaumatin-like proteins (TLPs) expressed in leaves in response to infection and stress or deposited in fruits and storage organs during development. In *Drechslera teres* f. *teres*-infected barley (cv. 'Karat') we have detected eight isoforms of TLPs following 2D-electrophoresis and Western blotting. Now we started to analyse the unknown TLP sequences by MAL-

DI-TOF-MS using peptide mass fragmentation. Besides this all available sequence information were used for searching in EST databanks.

Ergebnisse:

Saure TLPs: Das Screening der cDNA-Bank von infizierten Gerstenblättern mit Sonden, die für saure TLPs spezifisch sind, erbrachte 192 Klone, die sequenziert wurden. Die Sequenzen bilden zwei Gruppen, die letztendlich durch die beiden Klone 253 und 31a repräsentiert werden können. Ein wichtiges Unterscheidungsmerkmal stellt hierbei der errechnete isoelektrische Punkt der abgeleiteten Proteine dar. Der Typ 253 wird charakterisiert durch einen pI von 3,94 und Typ 31a durch einen pI von 4,15. Diese Unterscheidung resultiert ausschließlich von einem Austausch der Aminosäure in Position 96, Glutamin (253) gegen Arginin (31a), und korreliert gut mit den horizontalen Positionen der sauren TLPs im 2-D Gel. Auch eine Suche in EST (expressed sequence tags) -Datenbanken mit Hilfe einer für 253 und 31a spezifischen Sequenz brachte zwar mehr als 40 relevante ESTs, die aber keine neuen Sequenzinformationen liefern konnten. Es mußte letztlich festgestellt werden, dass sich für den bekannten, den sauren TLPs gemeinsamen N-Terminus a) nur Sequenzen finden lassen (experimentell oder aus Datenbanken), die für ein Protein mit 173 Aminosäuren kodieren und b) dass sich alle Sequenzen nur wenig hinsichtlich der Zusammensetzung des primären Proteinproduktes unterscheiden. Ein tryptischer Verdau von Proben dieser sauren TLPs bringt in der MS zu wenig aussagefähige Peptidfragmente.

Bei einer weiteren Abfrage mit einer für die niedermolekularen TLPs typischen Sequenz in der EST-Datenbank des IPK Gatersleben fand sich jedoch eine neue Sequenz, die für ein drittes saures TLP kodiert mit einem isoelektrischen Punkt von 4.85 und einem Molgewicht von 16071 Da. Die Sequenz ähnelt mehr der bekannten Sequenz von TLP4 als den Sequenzen von TLP1 und TLP2. Dieser Treffer soll durch weitere elektrophoretische und MS-Untersuchungen verifiziert werden.

TLP5: Es war bisher nicht gelungen, aus der cDNA infizierter Gerstenblätter über die PCR mit degenerierten Primern die dem bekannten N-terminalen Ende von TLP5 entsprechende volle Gensequenz zu amplifizieren. Über ein Peptidmassen-Fingerprinting des entsprechenden 2-D Elektrophoresespots aber erhielt man nicht nur TLP-spezifische Peptidfragmente, sondern darunter auch Massen, die für ein PSD (post source decay)-Spektrum geeignet waren. Eine so gewonnene Sequenz einer Masse aus 9 Aminosäureresten wurde für die Abfrage der Gersten-EST-Datenbank in Gatersleben eingesetzt. Unter den Treffern fanden wir eine Sequenz deren Translation ein Protein lieferte, das den gesuchten N-Terminus von TLP5 aufwies. Das Protein setzt sich damit theoretisch zusammen aus 204 Aminosäureresten, hat ein Molgewicht von 21642 Da und einen pI von 6.61. Die MS-Fragmentierung liefert Signale bei den zu erwartenden Peptidmassen.

Tatsächlich macht man aber im 2-D Gel an dieser Stelle vier geometrisch streng untereinander angeordnete Spots aus (Abb. 1), die eventuell auch auf eine posttranslationale Veränderung des Präkursorproteins zurückzuführen sind. Diese Modifizierungen lassen sich unter Umständen auch über die MS aufklären. Untersuchungen dazu stehen noch aus.

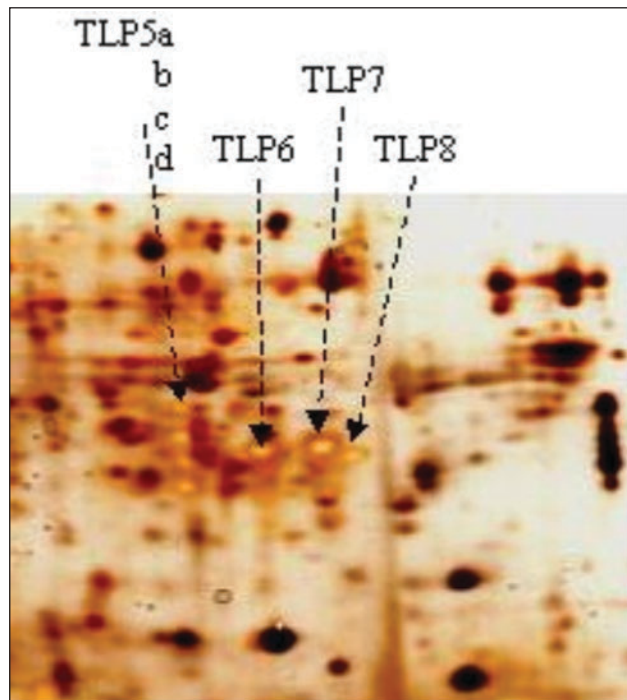


Abb. 1: Ausschnitt aus einer 2D-Elektrophoresegel-Auftrennung der Blattproteine infizierter Gerste mit den Spots für TLP5, TLP6, TLP7 und TLP8

Fig. 1: Part of a 2D-electrophoresis protein pattern produced from infected barley leaves showing the spots of TLP5, TLP6, TLP7, and TLP8

Abstract:

The screening of a cDNA library produced from *Drechslera teres f. teres* infected barley leaves for cDNAs encoding acidic TLPs yielded two representative clones, type 253 and type 31a - corresponding to TLP1 and TLP2. A main feature of these two types is the calculated isoelectric point of the deduced proteins after removing the N-terminal signal peptide from the precursors. It follows that clone 253 represent a peptide characterized by a pI of 3.94, on the other hand type 31a the peptide with a pI of 4.15. It depends exclusively on the amino acid residues in position 96: the polar, uncharged amino acid glutamine for 253 resp. the basic amino acid arginine for 31a. Obviously, this difference correlates very well with the observed horizontal locations of the shown proteins in the 2D-gel. No other types of acidic TLPs with the same N-terminus than TLP1 and TLP2 were found in the EST data banks. But, using a sequence query specific for the low molecular TLP1, TLP2 and TLP4 we hit in the CR-EST data bank of Gatersleben a further TLP sequence encoding for a protein char-

acterized by MW of 16071 Da and pI of 4.85. The sequence resembles something to TLP4.

Resulting from two-dimensional electrophoresis, peptide mass fingerprinting of TLP5-spots, PSD spectra, in combination with searching in the EST data bank we found the sequence having the known N-terminus of TLP5. This deduced protein is characterized by MW of 21642 Da and pI of 6.61. It seems that the protein exists as a result of post-translational modifications at least in four forms showing the same pI (Fig. 1).

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Schlesier, B.

(BAZ-2164)

1.14 Abwehrproteine der Gerste: Resistenzbewertung von transgenen Rapspflanzen, die ein basische PR-5 Protein überexprimieren

Defense proteins of barley: Evaluation for resistance of transgenic rape plants, overexpressing a basic PR-5 protein

Reiss, E.

Zielsetzung/Aim:

Die Bedeutung der PR-5 Proteine (Thaumatin-ähnliche Proteine, TLPs) in der pflanzlichen Abwehr soll durch genetische Transformation von Kartoffel- und Rapspflanzen mit dem Gen für die Expression des basischen TLP8 zunächst untermauert werden. Sollte ein positiver Effekt dieser Expression in bestimmten Linien nachweisbar werden, wollen wir solche Linien mit dem Gen für ein weiteres PR-Protein nochmals transformieren in der Absicht einen Synergieeffekt aufzubauen. Aus dem Berichtszeitraum werden Ergebnisse mitgeteilt von Resistenzbewertungen an Rapspflanzen, die das TLP8 überexprimieren und mit verschiedenen Schadpilzen inokuliert wurden.

There are some hints that PR-5 proteins may function as plant defense proteins, i. g. some PR-5 proteins have been demonstrated to have antifungal properties in *in-vitro* assays and the accumulation of PR-5 proteins during ripening of fruits or seeds correlates with an increase of resistance. To test the plant defense hypothesis further we produced transgenic rape and potato plants which overexpress the barley TLP8 gene in a constitutive manner.

From known data it should be stressed, that overexpression of one PR protein is not sufficient to confer the plants with a high level of resistance. For this reason other defense factors should be added to cause strong resistance. Here we report the assessment of transformed rape plants for resistance against different fungal pathogens.

Ergebnisse:

Von Rapspflanzen, die bei einer Überprüfung im Westernblot eine starke Überexpression des TLP8 Proteins aufwie-

sen, wurden Samen gewonnen, diese ausgesät und die erhaltenen Jungpflanzen einer Resistenzprüfung gegen verschiedene pilzliche Schaderreger unterzogen (Tab. 1). Während sich im Falle von *Alternaria brassicicola* und von *Phoma* keine Veränderung der Anfälligkeit im Vergleich zum Wildtyp 'Ceres' nachweisen ließ, zeigten sich einige Linien transgener Rapspflanzen nach Infektion mit einer Mischung verschiedener Kohlrassen von *Plasmodiophora brassicae* deutlich resistenter als die Kontrolle. Diese Linien wurden zusammen mit dem Wildtyp und zwei anfälligen Linien ausgewählt für eine zweite Prüfung, diesmal mit einer von Raps gewonnenen Rasse von *Plasmodiophora brassicae* bei einer moderaten Inokulumdichte von 10^4 Sporen pro ml. Die aus der ersten Prüfung offensichtlich gewordene Resistenzhöhung im Vergleich zur Kontrolle konnte sich damit bestätigen lassen. Die Linien stehen für weitere Untersuchungen zur Verfügung.

Tab. 1: Resistenzprüfung TLP8-transformierter Rapspflanzen

Table 1: Assessment of TLP8-transformed rape plants for resistance

	<i>Alternaria brassicicola</i>	Phoma-Stängelvermorschung	<i>Plasmodiophora brassicae</i>	
Sporen/ml	10^5	10^5	10^3*	10^4**
62/1	7,0	7,0	7,1	1,07
438b	6,9	7,0	7,1	2,08
19c	7,0	7,0	6,9	
246a	7,0	7,0	6,4	
212f	7,0	7,0	6,3	
1/15-9/1	7,0	6,8	5,9	
189a2	7,0	7,0	5,3	
Wildtyp, 'Ceres'	6,9	7,0	5,2	3,29
194b	7,0	7,0	5,2	
30/1	6,9	6,8	5,1	
1/15-6/1	7,0	7,0	4,7	
90a	6,9	7,0	4,7	
187a	7,0	6,7	4,7	
212d2	7,0	7,0	4,2	
323a	7,0	7,0	4,1	
34/1	7,0	7,0	3,5	0,77
142a	5,2	6,8	3,4	0,41
183a	6,9	7,0	3,3	0,78
189a1	7,0	7,0	3,3	0,18
231b	6,8	7,0	3,1	0,55

Durchschnittliche Boniturwerte (0 - befallsfrei, 9 - hochanfällig)

* Mischung von 10 Kohlrassen ** Rapsrasse

Abstract:

From those transgenic rape plants showing strong overexpression of the basic TLP8 of barley, seeds were harvested and used to produce young seedlings for assessment of these lines for resistance against three fungal pathogens

(Table 1). No changes in the susceptibility to *Alternaria brassicicola* and *Phoma* in comparison to the wild type have been observed. But, the resistance against *Plasmodiophora brassicae*, using a mixture of cabbage races, was enhanced in some lines. This was confirmed by a second assessment using a rape specific race only.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Scholze, P.; BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U. und Sonntag, K.

(BAZ-2164)

1.15 Molekulargenetische Analyse der Resistenz von Kreuzungspopulationen bei Gerste gegen pilzliche Schaderreger

Molecular genetic analysis of crossing populations of barley for resistance to fungal pathogens
Nachtigall, M.

Zielsetzung/Aim:

Der Zwergrost (*Puccinia hordei* Oth.) gehört neben dem Mehltau und der Netzfleckenkrankheit zu den wirtschaftlich bedeutenden Blatterkrankungen der Gerste in Mitteleuropa. Durch das Auftreten neuer Pathogenvirulenzen bzw. Virulenzgenkombinationen ist zur Zeit in Europa nur noch die, durch das Resistenzgen *Rph 7* vermittelte Zwergrostresistenz wirksam. Eine dauerhafte und somit stabile Resistenz kann aber nur durch eine Kombination (Pyramidisierung) verschiedener Resistenzgene in der Gerste erreicht werden. Ziel dieses Forschungsprojektes ist es daher, in ausgewählten Kreuzungspopulationen der Kulturgerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) mit Wildformen (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) mittels molekularer Marker neue Resistenzloci gegen pilzliche Schaderreger zu identifizieren und für die Züchtung nutzbar zu machen.

Leaf rust, caused by *Puccinia hordei* Oth., powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) and net blotch disease (*Pyrenophora teres*) represent the important leaf diseases of barley in Central Europe. New appearing virulent races and virulent gene combinations of the pathogen have overcome the resistance and only the leaf rust resistance gene *Rph 7* is still effective in Europe. Using different resistance gene combinations on barley it is necessary to reach durable and robust leaf rust resistance. The aim of this project is to develop reliable molecular markers for plant breeding, that are tightly linked to novel resistance genes against fungal pathogens in wild types of barley by using different techniques. These genes should be located and mapped in selected segregating populations.

Ergebnisse:

Für die molekularen Analysen wurden spaltende Nachkommenschaften bestehend aus 83 DH-Linien der Kreuzung *H. spontaneum* 677 x 'Krona' bzw. 75 DH-Linien aus

der Kreuzung *H. spontaneum* 650 x 'Femina' verwendet. Das Resistenzverhalten der Nachkommenschaften wurde an Keimpflanzen bzw. abgetrennten Gerstenblättern nach künstlicher Inokulation mit definierten Pilzisolaten unter klimatisierten Bedingungen bewertet. Spaltungsanalysen einer F₂-Population aus der Kreuzung *H. spontaneum* 677 mit der zwergrostanfälligen Gerstensorte 'Krona' lassen die Wirkung von einem dominanten Resistenzgen erwarten. Für die molekulare Charakterisierung wurden vorrangig AFLP fingerprints und SSR-Analysen durchgeführt. Basierend auf einer bulked segregant analysis wurden bei den Mikrosatelliten Bmag 0518, EBmac 0558, EBmac 0521, Bmag 0378, Bmag 0140, Bmac 0093 polymorphe Amplifikationsprodukte zwischen den Kreuzungseltern und den bulks nachgewiesen (Abb. 1).

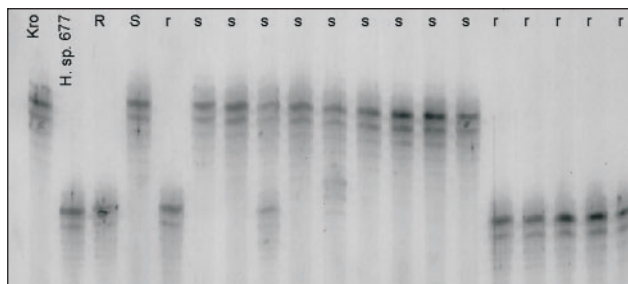


Abb. 1: PCR-Amplifikation mit dem SSR-Primer Bmag 0518 in einer DH-Linienpopulation der Kreuzung *H. spontaneum* 677 x 'Krona' (Kro - anfälliger Elter, *H. sp.* 677 - resistenter Elter, R - resistenter bulk, S - anfälliger bulk)

Fig. 1: SSR-profiles of different doubled haploid barley lines from a cross *H. spontaneum* 677 x 'Krona' using the primer Bmag 0518 (Kro - susceptible parent, *H. spontaneum* 677 - resistant parent, R - resistant bulk, S - susceptible bulk)

Mit den AFLP-Primern E37M33, E36M54, E39M58, E42M48 wurden polymorphe DNA-Fragmente amplifiziert, die auf einen Resistenzmarker hinweisen. Die Ergebnisse der Einzelpflanzenanalysen in der jeweiligen Kartierungspopulation wurden mit dem Kartierungsprogramm Mapmaker 3.0 ausgewertet. Dabei war zu erkennen, dass 17 Marker eine Kopplungsgruppe bilden und mit dem Resistenzlocus gekoppelt sind. Jedoch ist der Abstand der Marker zum Resistenzgen auf der Kopplungskarte noch zu groß. Auch die bisher selektierten AFLP Marker tragen nicht dazu bei, die Markerabstände weiter zu verringern. Die vorliegenden Ergebnisse lassen vermuten, dass das gesuchte Zwergrostresistenzgen auf Chromosom 2H lokalisiert ist.

Abstract:

The investigations for developing markers associated with leaf rust resistance genes on barley were continued. Doubled haploid barley lines from crossing between cultivated barley (susceptible) and wild progenitor *H. spontaneum* (resistant) were investigated. Segregation analysis in the F₂ population revealed that a dominant gene confers resis-

tance to *Puccinia hordei*. AFLP fingerprints and SSR analysis were used for molecular analysis. Based on bulked segregant analysis polymorphic DNA fragments between the crossing parents and the bulks were amplified by using the SSR primers Bmag 0518, EBmac 0558, EBmac 0521, Bmag 0378, Bmag 0140 and Bmac 0093 (Fig. 1). Applying AFLP primers E37M33, E36M54, E39M58, E42M48 markers were identified possibly linked to the resistance locus. Linkage analysis was performed using the program Mapmaker 3.0. 17 markers were found in the same linkage group and it appears they are linked to the resistance gene. The genetical distance in the linkage map between markers and the resistance locus is very large. Selected AFLP markers did not contribute to reduce this distance. It is assumed that the resistance gene is located on barley chromosome 2H.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben, Kopahnke, D.

(BAZ-2143)

2. Pathogendiagnostik Pathogen Diagnostics

2.1 Verbesserung der Getreidequalität durch Reduzierung des Mykotoxingehaltes Improvement of the grain quality of cereals by reduction of mycotoxin content

Rohde, S.*; Rabenstein, F.

Zielsetzung/Aim:

Für die Resistenzbewertung von Getreidegenotypen im Rahmen von Zuchtprogrammen stellen pilzdiagnostische Nachweismethoden eine wichtige Voraussetzung für die Schaffung und Selektion resistenter Getreidesorten mit reduziertem Mykotoxingehalt dar. Es sollen verbesserte immunologische Nachweisverfahren für Pilze der Gattung *Fusarium* entwickelt werden, die zunächst auf polyklonalen Antisera und später auf monoklonalen Antikörpern basieren und einen Nachweis der Pilzmenge in Ähren und Getreidekörnern routinemäßig ermöglichen.

For resistance evaluation of cereal genotypes in the frame of breeding programs, sensitive and specific detection methods are required that allow to estimate the fungus amount in grain samples. To this aim improved serological detection methods for the genus of *Fusarium* have to be developed which first base on polyclonal antisera and later on monoclonal antibodies and which permit the routine determination of *Fusarium* content in cereal samples originating from resistance evaluation programs.

Ergebnisse:

Polyklonale Antisera gegen zwei *Fusarium*-Arten (*F. culmorum*, *F. graminearum*) wurden auf ihre Eignung zum Antigen-Nachweis in ELISA-Varianten geprüft. Die Er-

gebnisse zeigen, dass das Antiserum Fc2/7 zum Nachweis in Getreidekörnern mittels PTA-ELISA gut geeignet war, wobei eine Differenzierung zwischen *Fusarium*-Arten nicht vorgenommen werden konnte. Der Test wurde hinsichtlich verschiedener Einflussfaktoren wie, Probengröße, Probenaufschluss, Probenhomogenität, Füllhöhe, Reproduzierbarkeit innerhalb und zwischen den Experimenten sowie der Konzentration des primären und sekundären Antikörpers standardisiert. Eine Verbesserung des PTA-ELISA wurde insbesondere durch eine Veränderung der Zusammensetzung des Extraktionspuffers, die Veränderung des Arbeitsvolumens auf 200 µl und ein Abzentrifugieren der extrahierten Proben erreicht. Die Arbeitsverdünnung des sekundären Antikörpers wurde optimiert. Während die Ergebnisse innerhalb eines Experimentes relativ gut reproduzierbar waren, konnte dies zwischen verschiedenen Experimenten nicht in jedem Fall bestätigt werden. Probleme bereiteten hier besonders Proben mit sehr hohen Pilzgehalten. Es wurden jeweils einhundert geschrotete Weizenproben, welche aus Infektionsversuchen (Sprühinokulation) der beteiligten Projektpartner stammten, mittels standardisiertem PTA-ELISA untersucht und Korrelationen zwischen den visuellen Bonituren und den im ELISA gemessenen Exo-Antigengehalten (ExoAg) erstellt. Während bei den Proben aus der Saatzucht Hadmersleben nur eine geringe Korrelation mit $r = 0,24$ zwischen visueller Bonitur und ExoAg bestand, konnte für die Proben der Fa Nordsaat eine hohe Korrelation mit $r = 0,94$ (Abb. 1) ermittelt werden.

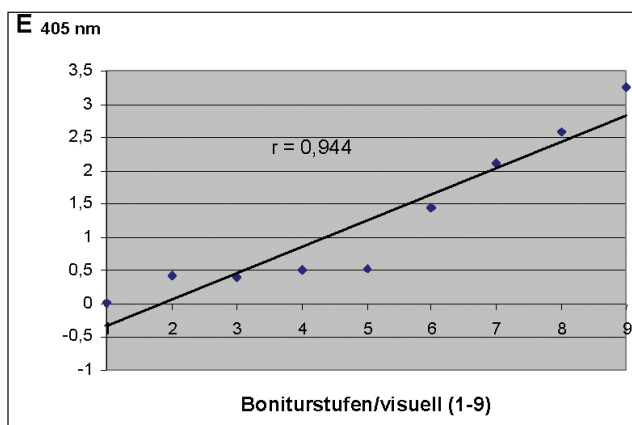


Abb. 1: Beziehung zwischen den visuellen Boniturstufen (1 - kein Befall, 9 - Totalbefall) der Ähren und der mittels *Fusarium* spezifischem PTA-ELISA ermittelten relativen Myzelmenge (ExoAg) in infizierten Weizenkörnern. Jeder Punkt repräsentiert einen Mittelwert aus ca. 10 Proben/Boniturstufe

Fig. 1: Relationship between *Fusarium* head blight rating (1 - no infection, 9 - total infection) of infected ears and the mycelium exoantigen amount (ExoAg) analyzed by *Fusarium*-specific PTA-ELISA in infected grain samples. Every point represents a medium range from 10 tested samples per head blight rating

Von den 100 Proben der NORDSAAT wurden 26 ausgewählt und parallel zum PTA-ELISA (ExoAg) zusätzlich auf ihre DON-Gehalte mittels DON-ELISA und HPLC an der LUFA Augustenberg untersucht. Die Korrelationskoeffizienten der beiden DON-Bestimmungen zum *Fusarium* spezifischen PTA-ELISA betragen 0,93 bzw. 0,86 (Abb. 2).

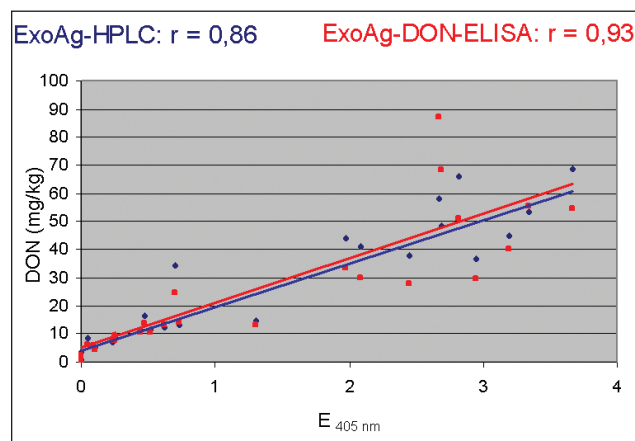


Abb. 2: Beziehung zwischen den DON-Gehalten im infizierten Kornmaterial, die durch DON-ELISA und HPLC bestimmt wurden, und der mittels PTA-ELISA gemessenen ExoAg Menge ($E_{405\text{ nm}}$) für 26 zufällig ausgewählte Prüfglieder

Fig. 2: Relationship between the accumulated DON contents in infected grain samples, which were analyzed by DON-ELISA and HPLC, and the mycelium exoantigen amount (ExoAg) analyzed by *Fusarium*-specific PTA-ELISA ($E_{405\text{ nm}}$) for 26 randomly selected samples

Aufgrund der hohen Korrelationen kann aus diesen Ergebnissen geschlossen werden, dass ein geringer Pilzbefall der Ähre einen geringen ExoAg- und Mykotoxin-Gehalt im Korn zur Folge hat. Somit ist der preiswerte PTA-ELISA in der Lage, im Screening von Genotypen die wesentlich teureren DON-Analysen mittels HPLC und ELISA zu ersetzen. Weitere Untersuchungen müssen zeigen, ob dies nur für Sprühinokulationen mit aggressiven *Fusarium*-Isolaten zutrifft oder auch unter natürlichen Befallsbedingungen möglich ist. Beim Vergleich der visuellen Bonitur mit den Gehalten an DON (DON-ELISA bzw. HPLC) lagen die Korrelationskoeffizienten bei $r = 0,85$ bzw. $0,81$. Dies ist offensichtlich in der Subjektivität der visuellen Bonitur begründet. Neben der Standardisierung und Evaluierung des polyklonalen PTA-ELISA wurde mit den Vorbereitungen zur Herstellung von monoklonalen Antikörpern begonnen. BALB/c Mäuse wurden mit verschiedenen Antigenpräparationen der Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* immunisiert. Dabei handelte es sich um Myzelschwemmungen von Kulturplatten sowie um die lösliche Gesamtproteinfraktion im Größenbereich von 100 kDa, die aus dem Überstand einer Flüssigkultur der jeweiligen Art isoliert worden war.

Abstract:

For quantification of the severity of *Fusarium* head blight (FHB) in cereals a fast, economical and reliable method is essential for resistance evaluation and selection, because the resistance is inherited quantitatively and a large number of samples have to be evaluated. Several polyclonal antisera prepared to *Fusarium* species were tested in various immunological detection systems. The results indicate that one antiserum was suitable for the detection of *Fusarium* exoantigens (ExoAg) in cereal grains by an indirect ELISA format, though a discrimination between various *Fusarium* species was not possible. The polyclonal antibody detection system was optimized for different parameters (e.g. sample extraction, sample volume, reproduction etc.) and a standard test protocol was elaborated. The examination of 100 grain samples originating from field plot experiments revealed a high coefficient of correlation ($r = 0,94$) between visual FHB rating and mycelium ExoAg amount ($E_{405\text{ nm}}$). As well a tight correlation between DON contents, analyzed by means of DON-ELISA and HPLC, and the amount of ExoAg was found with coefficients of correlation of $r = 0,93$ and $r = 0,86$, respectively. It has been shown, that an increase of FHB disease severity is associated with an increase in fungus colonization expressed as higher amounts of ExoAg and higher DON contents in artificially infected cereals. In summary, the breeder can apply the *Fusarium*-specific PTA-ELISA, and at least for wheat, a screening for reduced FHB symptoms will result in a correlated selection response to low mycelium colonization and low DON content in the grain. In order to improve test specificity the production of monoclonal antibodies to several *Fusarium* antigens has been started.

In Zusammenarbeit mit: Nordsaat Saatzeit GmbH Böhnschhausen, Unger, O., Schachschneider, R., Heinze, M.; Saatzeit Hadmersleben GmbH, Hammann, T., Richter, K.; LUFA Augustenberg, Michels, K.

*gefördert mit Mitteln des BMBF (InnoRegio), FKZ 03i06 06A

(BAZ-2179)

2.2 Serologische Untersuchungen auf Befall mit *Fusarium* sp. an Saatgut aus dem ökologischen Landbau*

Serological investigations on *Fusarium* infestation of cereal seeds from organic farming

Rabenstein, F.

Zielsetzung/Aim:

Im Rahmen einer Kooperation mit der Universität Kassel (Witzenhausen) wird ein im IRP Aschersleben neu entwickelter immunologischer Nachweis für *Fusarium*-Antigene in Getreidekörnern an Weizenproben aus dem Ökolandbau erprobt. Weiterhin sollen die im Weizenkorn reagierenden Antigene mittels Elektrophorese und Western blotting mit dem Ziel charakterisiert werden, aus den vorhan-

denen polyklonalen Antiseren monospezifische *Fusarium*-Antikörper zu isolieren. Die isolierten Antikörper sind im Western blot auf Spezifität zu prüfen. Weizensaatgutproben aus dem Ökolandbau werden zusätzlich auf Mykotoxingehalt (DON und ZEA) untersucht, um die Korrelationen zwischen serologisch nachweisbarer Myzelmenge und Mykotoxinkontamination in diesen Proben zu ermitteln. Außerdem sollen vergleichende Untersuchungen zum Nachweis des wichtigsten Mykotoxins DON unter Verwendung unterschiedlicher, kommerziell verfügbarer Testsysteme erprobt werden, um Aussagen zur Eignung (Leistungsfähigkeit, Preisvergleich) der Testvarianten unterschiedlicher Anbieter (z. B. R-Biopharm, BAG) treffen zu können.

In the frame of co-operation with the University of Kassel (Witzenhausen) an immunoassay for the detection of *Fusarium* antigens in grain samples, presently developed at the IRP in Aschersleben, will be checked on wheat and other cereal seeds from organic farming. Furthermore, the antigens reacting in wheat grains have to be characterised by electrophoresis and Western blotting with the aim to produce monospecific antibodies. The isolated antibodies have to be tested in Western blotting variants for their specificity and assay sensitivity. Additionally, in wheat grain samples from organic farming the fungal mycelium content (measured by indirect ELISA), and the mycotoxin content (detected by test kits of the companies R-Biopharm, BAG etc.) have to be estimated and the practicability of these immuno-kits should be compared.

Ergebnisse:

Mit dem PTA (plate trapped antigen)-ELISA wurden 164 gemahlene Weizenproben aus dem Ökolandbau auf Exoantigen (ExoAg)-Gehalt untersucht. Als Positivkontrollen für den Test dienten Weizenproben, die aus Infektionsversuchen mit aggressiven *Fusarium culmorum* Isolaten stammten sowie eine Probe aus einem sehr stark befallenen Feldbestand bei Witzenhausen. Die Negativkontrollen bestanden aus gesunden, gemahlene Körner der Winterweizensorten 'Toronto' und 'Greif'. Im Ergebnis der Prüfungen konnte kein natürlicher *Fusarium*-Befall mittels PTA-ELISA in den Kornproben aus dem Ökolandbau festgestellt werden. Lediglich eine Probe (Nr. 248) lag über dem Schwellenwert des Testes. Auch bei Verwendung der ca. 10-fach sensitiveren Enzymamplifikations-Technik stieg die Anzahl der positiven Proben (7 von 164) nicht wesentlich an. Bei einer Prüfung dieser Proben im Western blot (WB) zeigten sich mit Ausnahme von Probe Nr. 248 keine eindeutig reproduzierbaren, für *Fusarium* spezifische Banden. Die ausgewählten Proben enthielten auch keine sicher nachweisbaren Mengen der beiden Mykotoxine Deoxynivalenol (DON) und Zeralenon (ZEA). Demzufolge konnten bei den Weizenproben aus dem Ökolandbau keine Korrelationen zwischen Mykotoxingehalten und immunologisch nachweisbarer ExoAg-Menge erstellt werden. Die Weizenprobe aus dem natürlich befallenen Bestand bei Witzenhausen hatte im PTA-ELISA einen

$E_{405\text{ nm}}$ -Wert von 2,98 und wies mit 525 mg/kg einen extrem hohen DON-Gehalt auf. Es wurde bereits früher berichtet (Rabenstein, Jahresbericht BAZ für 2001, S. 69), dass mit *Fusarium* befallene Weizenkörner im WB spezifische Bande im Bereich von 62 bis 83 kDa aufweisen. Monospezifische Antikörper wurden hergestellt, indem von den beiden Hauptbanden die gebundenen Immunglobuline von der Nitrocellulosemembran wieder abgelöst wurden. Diese spezifischen Antikörper wurden erneut für WB Analysen eingesetzt. Dabei zeigte sich, dass die monospezifischen Antikörperpräparationen nicht differenzieren und erneut mit beiden Banden reagierten. Im Ergebnis der Analysen kann geschlussfolgert werden, dass die beiden Hauptbanden sehr ähnliche Antigen determinanten besitzen, die offensichtlich Kohlenhydratanteile enthalten. Gestützt wird diese Schlussfolgerung dadurch, dass nach Behandlung der Membranen mit Natriummetaperiodat keine Bindung der eluierten Antikörper mehr erfolgte. Polyklonale Antiseren und monoklonale Antikörper sollen gegen diese spezifischen Glykopeptide hergestellt werden. Der Vergleich von kommerziellen Testkits für den Mykotoxinnachweis ergab, dass für eine ausreichend genaue Bestimmung nur der kompetitive ELISA „Ridascreen DON“ von der Firma R-Biopharm empfohlen werden kann. Obwohl mit ca. 500 € je Testkit (96 wells, ausreichend für ca. 30 Bestimmungen mit Wiederholungen) die Kosten im Vergleich zu den anderen Kits hier am höchsten sind, besitzt der Test mit 1,25 µg/kg die niedrigste Nachweisgrenze bei einer relativ guten Reproduzierbarkeit. Ein weiterer Vorteil des Testsystems ist die einfache Probenaufbereitung und eine brauchbare Auswertesoftware für die Verarbeitung der ELISA-Messwerte und die Berechnung der DON-Konzentration.

Abstract:

The prerequisite for the project were managed by serological test methods developed at the IRP for the detection of *Fusarium* antigens in cereal grains. In total 164 wheat grain samples originating from ecological farming have been tested by plate trapped antigen ELISA and other immunological methods. The ELISA results confirmed the very low infestation rate of wheat ears with *Fusarium* head blight that was previously observed visually in the field. The content of detectable *Fusarium* antigens and the contamination with mycotoxins in the wheat samples was in general below the detection limit of the applied assays. Monospecific antisera to the main antigen fractions in infested wheat grains were prepared and used in blotting experiments and biochemical investigations which indicated that the most important antigens in *Fusarium* infested wheat grains are glycoproteins with molecular weights between 62 to 83 kDa. For the estimation of the mycotoxin (DON) content in wheat grain samples the „Ridascreen DON“ kit recently developed by the company R-Biopharm can be recommended.

In Zusammenarbeit mit: Universität Kassel, Fachgebiet Ökologischer Pflanzenschutz in Witzenhausen, Finckh, R., Schulze-Schilddorf, G.

*gefördert mit Mitteln der BLE, FKZ 02OE181

(BAZ-2180)

2.3 Untersuchungen zur Biologie von Bymoviren in Getreidearten

Investigations on biology of bymoviruses in cereal crops

Kühne, T.

Zielsetzung/Aim:

Identifizierung von Unterschieden im Genom der Pathotypen 1 und 2 des *Barley yellow mosaic virus*, die ihre unterschiedliche Reaktion gegenüber der *rym4*-vermittelten Resistenz in Gerste determinieren.

Identification of genome differences between the pathotypes 1 and 2 of *Barley yellow mosaic virus* that determine the different behaviour towards barley plants with *rym4*-mediated resistance

Vor mehr als 15 Jahren wurde erstmals nachgewiesen, dass der Pathotyp 2 des *Barley yellow mosaic virus* (BaYMV-2) die durch das rezessive Gen *rym4* vermittelte und auch heute noch in breitem Umfang in der Praxis genutzte Resistenz der Gerste gegen BaYMV-1 überwindet. Lange Zeit konnten die beiden Pathotypen nur anhand dieser biologischen Reaktion differenziert werden; alle serologischen und molekularbiologischen Ansätze zur Unterscheidung blieben erfolglos. Im letzten Jahr wurde berichtet (Kühne, Jahresbericht BAZ für 2002, S. 80), dass die Fähigkeit zur Resistenzbrechung durch die RNA1 des BaYMV-2 bestimmt wird. Die vergleichende partielle Sequenzierung von 7 Isolaten des BaYMV-1 und 8 Isolaten des BaYMV-2 aus Deutschland und England offenbarte wenige Unterschiede auf der Nukleotidebene und nur einzelne Austausche auf der Aminosäureebene. Differenzen waren sowohl zwischen den Pathotypen als auch zwischen verschiedenen Isolaten des jeweiligen Pathotyps zu beobachten. Auffallend war jedoch, dass die Fähigkeit zur Resistenzbrechung mit einem Basenaustausch in der Position 4094 der RNA1 korrelierte. Dieser hat den Ersatz der basischen Aminosäure Lysin (pI-Wert 9,7) in den BaYMV-1-Isolaten durch die schwach saure Aminosäure Asparagin (pI 5,4) bzw. das schwach basische Histidin (pI 7,6) in den BaYMV-2-Isolaten zur Folge (Tab. 1).

Tab. 1: Sequenzunterschiede in der VPg codierenden Region der RNA1 von BaYMV-1 und BaYMV-2 mit Korrelation zur Pathogenität

Table 1: Sequence differences in the VPg coding region of RNA1 of BaYMV-1 and BaYMV-2 with correlation to pathogenici

Codon	Aminosäure (Pos. 1307)	BaYMV-Isolate	
		Y1	Y2
AAG	Lysin	ASL, HKL QLB, SLA WST, EST* ROT*	
AAT	Asparagin		SLA, BRZ* CRW*, HAT*
AAC	Asparagin		GB, QLB, VIR
CAC	Histidin		ASL

*englische Isolate

Die Nukleotidposition 4094 befindet sich in dem für das sogenannte VPg codierenden Bereich der RNA1 des zur Familie der Potyviridae gehörenden BaYMV. Das VPg ist ein multifunktionelles Nichtstrukturprotein, welches für die Vermehrung und Ausbreitung der Viren in ihren Wirtspflanzen notwendig ist. Jüngste Untersuchungen an einigen Potyviren haben gezeigt, dass durch Modifizierung des VPg vorhandene Resistenzen überwunden werden können. Da bei Potyviren diese Resistenzen sehr häufig auf rezessive Gene zurückgehen, wurde die Hypothese entwickelt, wonach das VPg bei einer kompatiblen Reaktion (Anfälligkeit) in der Lage ist, mittelbar oder unmittelbar mit dem Produkt des jeweiligen dominanten Allels („Anfälligkeitsgen“) zu interagieren und so die Infektion zu ermöglichen. In einer bezüglich des rezessiven Resistenzgens homozygoten Pflanze (z.B. Gerstensorten mit *rym4*-Resistenz) kann nur das modifizierte VPg der resistenzbrechenden Isolate (BaYMV-2) mit dem Genprodukt reagieren und damit die Infektion auslösen.

Durch die Untersuchungen wurde erstmals auch der experimentelle Nachweis erbracht, dass beide Pathotypen des BaYMV gleichzeitig in einer Gerstenpflanze vorkommen können und am langjährig für die Evaluierung genutzten Befallsstandort Schladen neben dem BaYMV-2 auch das BaYMV-1 vorhanden ist.

Abstract:

It has long been known that the pathotype BaYMV-2 is able to overcome the *rym4* mediated resistance in barley plants whilst BaYMV-1 cannot do it. The RNA1 of 5 isolates of BaYMV-1 and 4 isolates of BaYMV-2 all from Germany were partially sequenced and data were compared with corresponding sequences of 2 and 3 isolates of the pathotypes, respectively from UK. All sequences were very similar to one another. The only consistent amino acid (aa) difference between BaYMV-1 and BaYMV-2 isolates was in the central region of VPg. All BaYMV-1 isolates had lysine at aa position 1307 of the polyprotein, whereas

BaYMV-2 isolates had asparagine (or, in one isolate, histidine). The VPg has been shown to be required for pathogenicity on genotypes carrying recessive resistance genes in several potyvirus/dicotyledonous plant pathosystems.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Habekuß, A.; IACR Rothamsted, UK, Kanyuka, K.

(BAZ-2167)

2.4 Molekulare Analyse von Isolaten des *Wheat dwarf virus*

Molecular analysis of isolates of *Wheat dwarf virus*

Schubert, J., Habekuß, A.

Zielsetzung/Aim:

In Fortführung der molekularen Charakterisierung von Isolaten des *Wheat dwarf virus* (WDV) sollte das Genom dieses Virus aus einem weiteren Wirt analysiert werden. Die Arbeiten bilden die Grundlage für die Entwicklung differenzierender PCR-Primer, die in epidemiologischen Analysen eingesetzt werden sollen.

Continuing molecular characterisation of *Wheat dwarf virus* (WDV) isolates the viral DNA of another host should be cloned and analysed. This work enables us to develop differentiating PCR-primers, which can be used in epidemiological studies.

Ergebnisse:

Die DNA eines WDV-Isolates aus Roggen wurden kloniert und sequenziert. Die Analysen ergaben, dass es zum Weizentyp gehörig ist. Es wies in keinem der Gene bzw. Regionen deutliche Unterschiede zu den herkömmlichen Isolaten aus Weizen auf, auch wenn es in der Bootstrap-Analyse separat clusterte.

Es wurden insgesamt 28 Primerpaare, die spezifisch für die Weizen- bzw. Gerstenformen sein sollen, auf ihre Eignung für die Differenzierung beider Formen getestet. Es erwies sich als äußerst wichtig, geeignete PCR-Bedingungen zu ermitteln, die die extreme Sekundärstruktur der viralen DNA auflösen können. Nicht alle der getesteten Primerpaare waren unter den optimierten PCR-Bedingungen für den Nachweis und die Differenzierung der WDV-Formen geeignet (Abb. 1). So wiesen nur die für die Weizenform spezifischen Primerpaare 1 und 8 in einer Mischprobe die Weizenform nach (Bild A in Abb. 1) bzw. die für die Gerstenform spezifischen Primerpaare 5 und 12 die Gerstenform (Bild B in Abb. 1).

Die mit den genannten Primerpaaren amplifizierten DNA-Moleküle wurden kloniert und sequenziert. Die Sequenzdaten bestätigten die Spezifität der Reaktion. Die geringe Sensitivität der meisten Primerpaare, die die für den Wirt

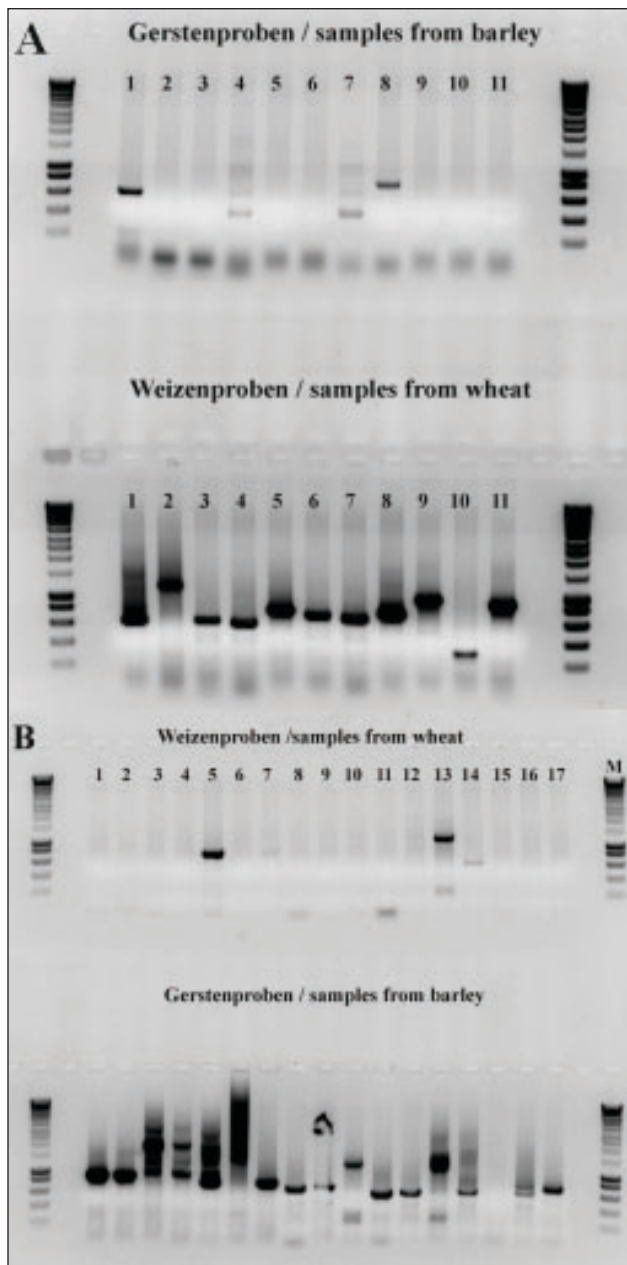


Abb. 1: PCR-Nachweis der Weizen- und Gerstenformen des WDV mit spezifischen Primerkombinationen A - Weizenform-spezifische Primerpaare, B - Gerstenform-spezifische Primerpaare

Fig. 1: PCR based detection of wheat and barley forms of WDV by means of specific primer combinations A - Wheat form specific primer pairs, B - barley form specific primer pairs

heterologen Formen nachweisen sollen (Weizenform in Gerste, Gerstenform in Weizen) könnte erklären, warum man zunächst nur von einem separaten Auftreten beider Formen ausging. Jeweils zwei für die Weizen- und Gerstenform spezifische Paare wurden für epidemiologische Analysen ausgewählt (vgl. Habekuß und Schubert, BAZ-2349).

Abstract:

Genomic DNA of a WDV-isolate from rye was cloned and sequenced. It was shown that it was a typical wheat form. Based on DNA sequences 28 primer pairs were deduced and tested for their ability to distinguish wheat and barley forms of WDV. Not all of the tested primer pairs worked properly. Two pairs of primers, specific for either form, were chosen for epidemiological analyses (see Habekuß and Schubert, BAZ-2349).

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Rabenstein, Frank; Shemjakin-Institut für Bioorganische Chemie Moskau, Sukhacheva, E.

(BAZ-2163)

2.5 Gewinnung polyklonaler Antiseren gegen Nichtstrukturproteine des *Barley yellow dwarf virus*

Development of polyclonal antisera against non-structural proteins of *Barley yellow dwarf virus*

V.W. Fomitcheva*, J. Schubert, A. Habekuß, F. Rabenstein

Zielsetzung/Aim:

Das *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) ist eines der ökonomisch bedeutsamsten Viren der Familie *Luteoviridae*. Seine einzelsträngige RNA weist 6 offene Leserahmen (ORF) auf, die über verschiedene Mechanismen translatiert werden. Die ORF1a und 1b befinden sich am 5'-Ende der viralen RNA und sind an der Replikation des Virus beteiligt. Auf der Basis der Sequenzdaten vermutet man, dass der ORF1a sowohl selbst als auch über eine (-1)-Leserahmenverschiebung in Fusion mit dem ORF1b translatiert wird. Dieses Polyprotein weist am N-Terminus Protease-Motive auf, am C-Terminus die konservierte GDD-Domäne der RNA-abhängigen RNA-Polymerase (RdRp). Obwohl virale RdRp eine wichtige Rolle im Vermehrungszyklus der Viren spielen, ist über sie nur wenig bekannt. Um den replikativen Komplex des BYDV besser untersuchen zu können, sollten polyklonale Antiseren gegen die ORF 1a und 1b gewonnen werden. Mit ihrer Hilfe können das Auftreten der viralen Nichtstrukturproteine während der Pathogenese sowie das Molekulargewicht möglicher Prozessierungsprodukte bestimmt werden. Diese Untersuchungen bilden die Grundlage für eine gezielte Verbesserung der Resistenz von Getreiden gegen dieses Virus.

Barley yellow dwarf virus (BYDV) is one of the economically most important plant viruses within family *Luteoviridae*. Single stranded genomic RNA contains six open reading frames (ORFs), which are expressed by different translational mechanisms. ORF1a and ORF1b located on the 5'-end of the genome are assumed to be involved in the replication of the virus. Considering the sequence data of these ORFs, ORF1a is assumed to be expressed by itself, and as a fusion to ORF1b via (-1) ribosomal frameshifting. In this

case the polyprotein contains the putative protease domain (1a, protease) on its N-terminus, and the conserved GDD-motif of the RNA-dependent RNA-polymerase (1b, RdRp) on its C-terminus. In spite of viral RdRp's play a crucial role in the replication of viruses, up to date there is little information available on them. In order to be able to study the expression strategy and function of the replicative complex of BYDV polyclonal antisera against ORF 1a and 1b should be produced. They would enable us to identify the time point of appearance of the corresponding proteins in plants as well as to establish their molecular sizes. Better understanding of molecular mechanisms of BYDV replication forms the basis for improvement of resistance of cereal to this virus.

Ergebnisse/ Results:

Ausgangspunkt der Arbeiten war die gereinigte RNA eines BYDV PAV Isolates (ASL-1), die für die RT-PCR Amplifikation der Fragmente von ORF1a und 1b bzw. entsprechender Subfragmente eingesetzt wurde. Die Integrität der erhaltenen cDNA-Klone wurde durch Sequenzierung überprüft. Vom ORF1b wurden zwei Subklone gewonnen, die entweder am 3'-(AC-3) oder 5'-Terminus (AC-5) die Sequenz für das aktive Zentrum der RdRp (GDD) aufwiesen und in diesem Bereich mit 126 nt überlappten (Abb. 1).

Sie wurden entsprechend in pET30a (Novagen) bzw. pThioHisB (Invitrogen) exprimiert. Der gesamte ORF1a wurde in pET30a kloniert. Von den drei Expressionsklonen wurden rekombinante Proteine in *E. coli* Stamm

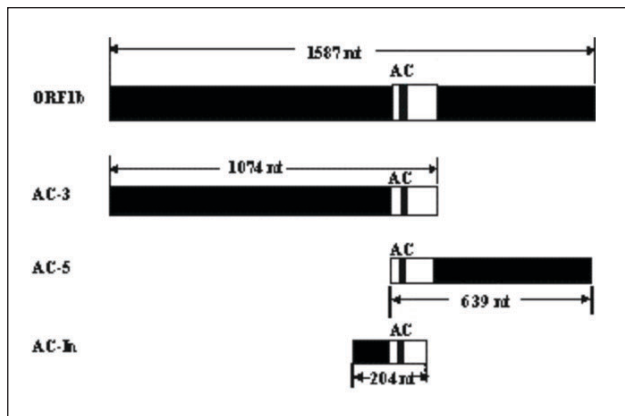


Abb. 1: Grafische Darstellung der für die Gewinnung der rekombinanten Proteine genutzten Konstrukte des ORF1b

Fig. 1: Schematic presentation of constructs of ORF1b used for production of recombinant proteins

BL21SI gewonnen. Ihre Größen wurden im Western Blot über ihre His-Tags mit einem entsprechenden His₆-spezifischen MAbs überprüft.

Die Abb. 2 demonstriert, dass die Größen korrekt sind. Die Proteine wurden über Affinitätschromatographie gereinigt und für die Immunisierung von Kaninchen genutzt. Die

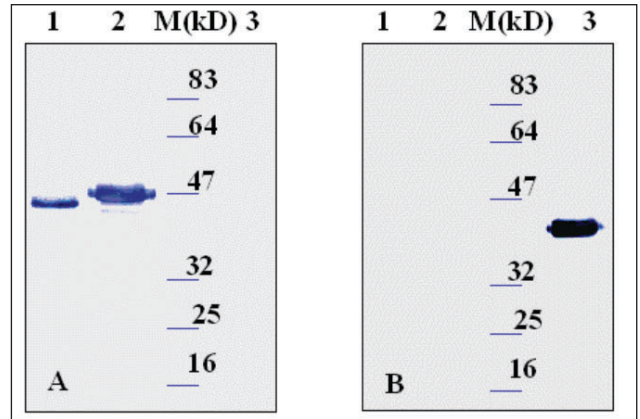


Abb. 2: Western Blot-Analyse von bakteriellen Extrakten der Klone AC-3, AC-5 mit einem His₆-MAb (A) und einem Thio-MAb (B)

1- pet30a-ORF1a, 2 -AC-3, 3 - AC-5, M- Molekulargewichtsmarker (kD)

Fig. 2: Western blot analysis of bacterial extracts from clones AC-3 and AC -5 with His₆-MAb (A) and Thio-MAb (B)

1 - pET30a-ORF1a, 2 - AC-3, 3 - AC-5, M - Protein molecular weight marker (kD)

gegen die beiden Teile der RdRp gewonnenen IgGs (IgG-11 gegen AC-5 und IgG-50 gegen AC-3) reagierten im Western Blot spezifisch mit beiden Antigenen (Abb. 3).

Das bedeutet, dass der überlappende Bereich antigene Determinanten aufweist und gegen diese 42 Aminosäuren umfassende Region gezielt Antikörper gewonnen werden

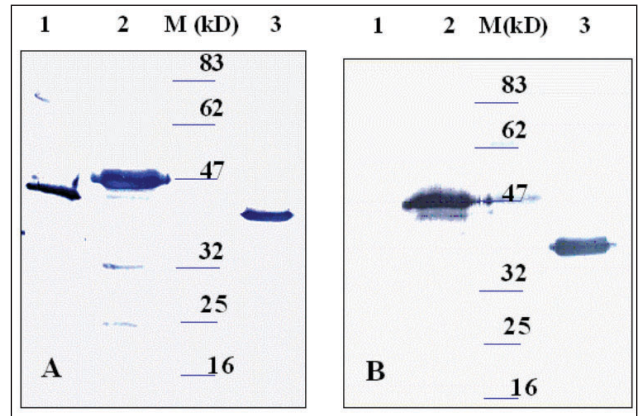


Abb. 3: Western Blot Analyse bakterieller Extrakten mit dem IgG-50, gewonnen gegen das Protein AC-3 (A), und dem IgG-11, gewonnen gegen das Protein AC-5 (B)

1 - pET30a-ORF1a, 2 - AC-3, 3 - AC-5, M - Molekulargewichtsmarker (kD)

Fig. 3: Western blot analysis of bacterial extracts with IgG-50 raised against AC-3 (A) and IgG-11 raised against AC-5 (B)

1 - pET30a-ORF1a, 2 - AC-3, 3 - AC-5, M - Protein molecular weight marker (kD)

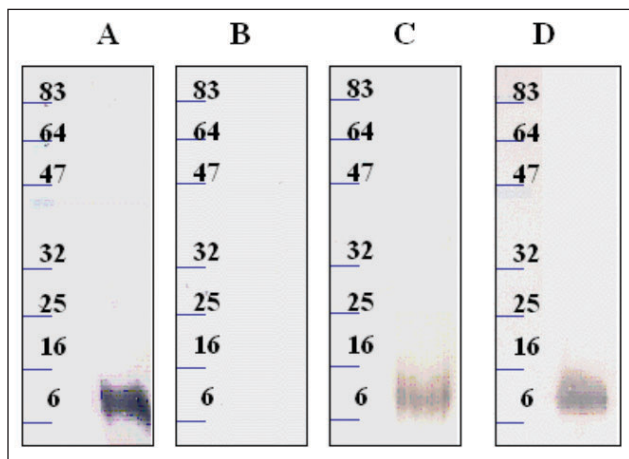


Abb. 4: Western Blot Analyse bakterieller Extrakte des Klones AC-In mit verschiedenen Antikörpern A - His6-MAb, B -Thio-MAb , C - IgG-50, D - IgG-11. Linke Spur jeweils Molekulargewichtsmarker (kD)

Fig. 4: Western blot analysis of bacterial extract from clone AC-In probed with different antibodies A - His6-MAb, B -Thio-MAb , C - IgG-50, D - IgG-11. Each left lane - protein molecular weight marker (kD)

können. Um abzusichern, dass beide polyklonale Antisera auch Antikörper gegen diesen Abschnitt enthalten, wurde ein Western Blot mit dem Protein AC-In (exprimiert in pET23a, Novagen) durchgeführt. Dieses Protein umfasst auch die überlappende Region der Klone AC-5 und AC-3 und weist ein Molekulargewicht von 8 kD auf. Es enthält somit ebenfalls die GDD-Domäne (Abb. 4).

Eine spezifische Bande mit dem erwarteten Molekulargewicht von 11 kD (8 kD + 3 kD für His-Tag) konnte im Western Blot sowohl mit den beiden IgGs als auch einem His₆-MAB nachgewiesen werden (Abb. 4 A, C, D). Auch gegen den ORF1a konnte ein spezifisch reagierendes Antiserum gewonnen werden (IgG-39). Der Nachweis der nativen viralen RdRp wurde im ELISA und Western Blot an BYDV-infizierten Pflanzen geführt. Beginnend mit 5 dpi wurden Proben analysiert. Ab 10 dpi war im Western Blot mit allen drei IgG eine Bande von ca. 100 kD zu identifizieren (Abb. 5).

Diese Größe entspricht dem Fusionsprotein aus ORF1a +1b (39 kD + 60 kD). Erwartungsgemäß ließ sich im PTA-ELISA bereits ab 7 dpi ein Signal feststellen, da diese Methode sensitiver als der Western Blot ist. 14 dpi konnte im Western Blot mit den RdRp-IgGs eine Bande von 60 kD, mit dem Protease-IgG eine Bande von 39 kD nachgewiesen werden. Dies ist als Hinweis auf die jetzt einsetzende proteolytische Spaltung des Polyproteins zu sehen. Dabei befindet sich die Spaltstelle in unmittelbarer Nachbarschaft der Frameshift-Region. Für beide Proteine konnten keine kleineren Banden nachgewiesen werden. Das ist als Hinweis zu werten, dass kein weiteres Processing der Pro-

teine stattfindet. Nicht auszuschließen ist jedoch, dass die Sensitivität der Methode nicht ausreicht, prozessierte Produkte nachzuweisen. Ab 20 dpi konnten keine Proteine des replikativen Komplexes mehr nachgewiesen werden.

Abstract:

Specifically reacting polyclonal antibodies have been produced in rabbits based on BYDV recombinant proteins of the protease (ORF1a) as well as the N- and C-terminal parts of the RdRp (ORF1b). It was shown, that the polyprotein ORF1a+1b can be detected in infected plants 7 dpi, first autocatalytical cleavage products appeared 10

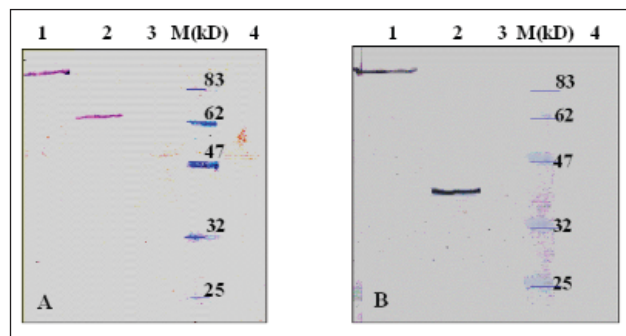


Abb. 5: Nachweis der nativen viralen Proteine des RdRp-Komplexes in BYDV-infizierten Gerstenpflanzen (Isolat PAV ASL-1) mit dem IgG-11 (A) bzw. IgG-39 (B)

Phenolische Proteinextrakte aus BYDV-infizierten Blättern: 1 - 10 dpi, 2 - 14 dpi, 3 - 20 dpi. 4 - nicht infiziert. M - Molekulargewichtsmarker (kD)

Fig. 5: Detection of native viral proteins of RdRp-complex from plants infected with BYDV (isolate PAV ASL-1) with IgG-11 (A) and IgG-39 (B) Phenolic protein extracts from BYDV-infected leaves: 1 - 10 dpi, 2 - 14 dpi, 3 - 20 dpi. 4 - not infected. M - Molecular weight marker (kD)

dpi. 20 dpi proteins of ORF1a and 1b disappeared. Data indicate that ORF1b, the viral RNA-dependent RNA-polymerase, is cleaved from the polyprotein immediately downstream from the frameshift site and is not further processed.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Conrad, U., Kumlehn, J., Münnich, C.; Inst. für Bioorganische Chemie, Moskau, Sukhacheva, E.;

*gefördert mit Mitteln des BMBF, FKZ 0301604

(BAZ-2163)

2.6 Untersuchungen zur Epidemiologie des *Soil-borne cereal mosaic virus (SBCMV)* an Roggen und Entwicklung von Infektions- und Selektionsmethoden

Investigation of the epidemiology of the *Soil-borne cereal mosaic virus (SBCMV)* in rye and development of infection and selection methods

Kastirr, U.

Zielsetzung/Aim:

Die Ziele des Projektes bestehen in der Untersuchung der Epidemiologie des SBCMV und seiner Pathogenstämme in Roggenanbaugebieten, in der Entwicklung und Standardisierung von Infektions- und Nachweistechiken und Selektionsmethoden sowie in der Evaluierung von Zuchtmaterial und genetischen Ressourcen des Roggens.

The aim of this project includes the investigation of SBCMV epidemiology and its pathotypes in rye growing areas, the development and standardisation of infection and detection techniques and methods for selection as well as the evaluation of breeding material and genetic resources.

Ergebnisse:

Standardisierung von Infektions- und Nachweistechiken
Bedeutung von unterschiedlichen Aussaatzeiten für den Infektionserfolg

Es sollte die Bedeutung der Aussaatzeit auf die Herbstinfektion von Roggenpflanzen mit bodenbürtigen Viren untersucht werden. Anfällige Standards und Prüfglieder wurden am 17. und 30. September und am 17. Oktober in einem Feld ausgesät, welches mit dem SBCMV und WSSMV kontaminiert ist. Nach Ablauf von 2 Monaten wurden je Saattermin 200 Einzelpflanzen auf Virusbefall untersucht. Wurzel- und Stängelinfektionen wurden mittels Direct tissue print immuno assay (DTPIA) und der Blattbefall mittels DAS-ELISA erfasst.

Die Anzahl infizierter Pflanzen war zum Aussaattermin Mitte September geringer als zu den späteren Terminen und der Virusbefall durch das WSSMV stärker (bis 90 %) als durch das SBCMV (bis 56 %) (Abb. 1). Die Virusausbreitung in die oberirdischen Pflanzenteile konnte 2 Monate nach Aussaat nachgewiesen werden. Über 58% der Stängel und bis zu 14 % der Blätter waren virusinfiziert (Abb. 2).

Weiterhin wurde untersucht, ob die in diesem Entwicklungsstadium mit dem SBCMV und WSSMV infizierten Feldpflanzen schon zur aktiven Weitergabe der Virusinfektion in der Lage sind. Sie wurden als Spenderpflanzen unter Klimakammerbedingungen in Hydroponikkultur eingesetzt und die Virusübertragung auf Roggen-, Triticale- und Weizensämlinge bei unterschiedlichen

Temperaturen (12 °C, 18 °C) getestet. Die Virusinfektion wurde 9 Tage nach Inokulationsbeginn (dpi) durch eine Boniturnote erfasst, die den Befall im geboteten Wurzelballen einschätzt (1 = bis 25 % Befall, 2 = > 25 bis 75 % Befall, 3 = > 75 % Befall). Aus der Tabelle ist zu erkennen, dass die infizierten Feldpflanzen dieses Entwicklungsstadiums beide Viren bereits aktiv übertragen und damit zur Infektionsausbreitung im Feld beitragen können. Die Pathogenpopulation dieses Standortes war in der Lage, Sämlinge der 3 Getreidekulturen zu infizieren. Die höchste Infektionsrate zeigten Roggenpflanzen bei 12 °C.

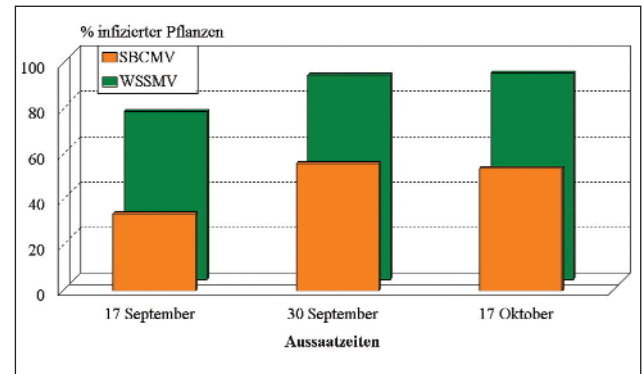


Abb. 1: Vergleich der Virusinfektion in Pflanzenwurzeln 2 Monate nach unterschiedlichen Aussaatterminen

Fig. 1: Comparison of virus infection in plant roots 2 months after different sowing dates

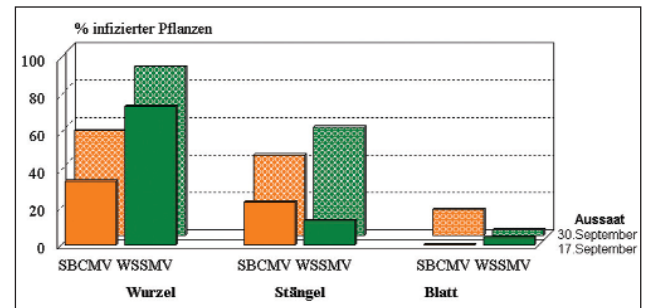


Abb. 2: Virusausbreitung in der Pflanze 2 Monate nach unterschiedlichen Aussaatterminen

Fig. 2: Virus transmission in the plant 2 months after different sowing dates

Tab. 1: Virusübertragung von 2 Monate nach Aussaat infizierten Feldpflanzen auf verschiedene Getreidearten

Table 1: Virus transmission from 2 months old infested field plants to different cereal species

Kultur	Sorte	Virusnachweis 9 dpi (Boniturnote)			
		Inkubation bei 12°C		Inkubation bei 18°C	
		SBCMV	WSSMV	SBCMV	WSSMV
Winterroggen	<i>Nikita</i>	1,6	2,0	0,6	1,0
Wintertriticale	<i>Ticino</i>	1,0	1,8	1,0	1,8
Winterweizen	<i>Tataros</i>	0,8	1,0	0,8	1,0

Diese Untersuchungen zeigen, dass in den Befallsstandorten je nach Aussaattermin von Mitte September bis Mitte Oktober eine breite Virusinfektion etabliert wird, die sich aktiv ausbreitet und bereits im Frühjahr deutliche Schädigung der Bestände verursacht.

Untersuchungen zur Effizienz der Virusübertragung an verschiedenen Standorten

Die Auswahl von geeigneten Standorten ist für die Resistenzprüfung ein wichtiger Aspekt. Neben der Bestimmung der in den Versuchsflächen vorkommenden Viren ist die Charakterisierung der Effizienz der Virusübertragung für den Infektionserfolg von großer Bedeutung. Es wurden Erdproben von 4 Befallsflächen mittels Fangpflanzentest unter Klimakammerbedingungen vergleichend untersucht. Die Standorte Eickeloh, Walternienburg und Gödnitz sind mit dem SBCMV und der Standort Heddesheim ist mit dem SBWMV verseucht. In die Erdproben wurden Sämlinge der anfälligen Roggensorten ‘Locarno’ und ‘Nikita’ gepflanzt. Im Abstand von 7 und 17 Tagen nach Inokulationsbeginn erfolgte die Erfassung der Virusinfektion in den Pflanzenwurzeln durch DTPIA. Die Abbildung 3 zeigt deutliche Unterschiede in der Intensität der Virusinfektion zwischen den 4 Standorten. Am höchsten ist die Infektionsrate in Erdproben der Befallsfläche Heddesheim, in der Roggen ebenfalls stark mit dem SBWMV infiziert wurde.

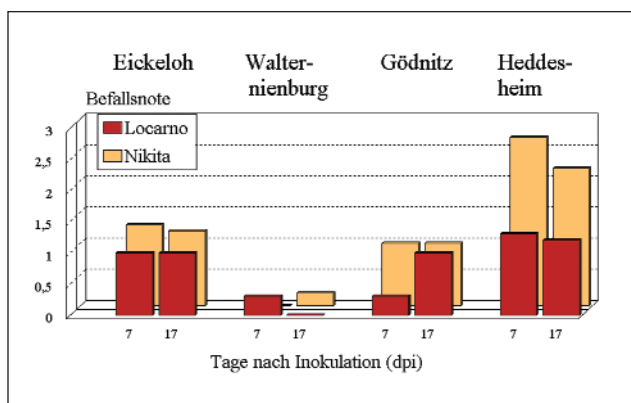


Abb. 3: Untersuchungen zur Effizienz der Virusübertragung an verschiedenen Standorten

Fig. 3: Investigation of efficiency of virus transmission in different infested locations

Abstract:

The soil-borne virus infection was established in roots, shoots and leaves of rye field plants 2 months after sowing. The infection rate reached in roots up to 90 %, in shoots to 58 % and in leaves to 14 %. The infected field plants are able to transfer the virus infection to rye, triticale and wheat seedlings at this stage of development. The efficiency of virus transmission distinguished between the different soil samples from infested locations. The pathogen population from the location Heddesheim with SBWMV occurrence is especially high efficiently and able to infect rye too.

In Zusammenarbeit mit: HYBRO GmbH & Co. KG, Saat-zucht Langenbrücken, Wortmann, H.; Lochow-Petkus GmbH, Bergen-Wohlde, Wilde, P.; Pflanzenzucht Oberlimpurg, Frank, P.; Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, Graner, A., Grau, M.

(BAZ-2173, gefördert durch AiF)

2.7 Entwicklung und Optimierung von serologischen und molekulargenetischen Methoden zur Erfassung der Resistenz gegen Poaceae (Getreide und Gräser) infizierende Viren in Zucht- und Genbankmaterial

Development and optimisation of serological and molecular biological methods to detect resistance to viruses infecting Poaceae (cereals and grasses) in breeding and gene bank material.

Rabenstein, F.

Zielsetzung/Aim:

Getreide- und Gräser-Arten aus der Familie der *Poaceae* können potenziell durch eine Vielzahl von Viren infiziert werden. Hierzu gehören Viren, die durch Blattläuse, Zikaden, Milben und Pilze übertragen werden, wobei sowohl in Deutschland als auch in anderen europäischen Ländern ein vermehrtes Auftreten bisher unbekannter Viren zu beobachten ist. Voraussetzung für eine Resistenzbewertung von Pflanzenmaterial sind spezifische und empfindliche Nachweismethoden und eine genaue Kenntnis der vorkommenden Virus-Arten bzw. -isolate. Hierfür sollen kontinuierlich serologische und molekulargenetische Nachweismethoden entwickelt und optimiert werden, die eine schnelle Erfassung der Resistenz von Zucht- und Genbank-Material gegen Gramineen infizierende Viren erlauben.

Cereal and grass species of the family *Poaceae* are potentially infected by a great number of viruses. This includes viruses which are transmitted by aphids, leafhoppers, mites and fungi. Recently an increasing number of hitherto unknown viruses were observed for Germany as well as other European countries. Sensitive and specific detection methods are an important requirement for the evaluation of breeding material. They are necessary for the discrimination of virus species and for a better characterisation of isolates occurring naturally on cereals and grasses. For this aim, sensitive detection techniques for viruses infecting cereals and grasses based on serological and molecular biological methods have to be continuously developed for rapid detection and assessment of virus resistance in breeding and gene bank material.

Ergebnisse:

Es wurden Antiseren gegen wirtschaftlich wichtige Gramineenviren aus den taxonomischen Gruppen *Bymo-*, *Rymo-* und *Tritimovirus* sowie gegen zwei Furoviren hergestellt und serologische Nachweismethoden für Züchtungsaufgaben zur Verfügung gestellt. Über neue Viren, die aus Gen-

bankmaterial von *Lolium*-, *Poa*- bzw. *Festuca*-Arten isoliert und teilweise charakterisiert werden konnten, wurde bereits im letzten Jahr berichtet (Rabenstein, Jahresbericht BAZ für 2002, S. 76-78). Ein weiteres, neues Virus aus Knäulgrass (*Dactylis glomerata*) konnte erstmalig näher charakterisiert werden. Serologisch ist es mit zwei Viren des Genus *Tritimovirus* verwandt. Ein Antiserum gegen dieses neue Virus zeigte im Western blot Kreuzreaktionen mit *Oat necrotic mottle virus* (ONMV) und *Wheat streak mosaic virus* (WSMV), jedoch nicht mit *Brome streak mosaic virus* (BrSMV). Sequenzanalysen der für das CP- und NIb-Gen codierenden Bereiche ergaben eine enge verwandtschaftliche Beziehung zum ONMV und WSMV. Erste phylogenetische Analysen (Abb. 1) lassen jedoch erkennen, dass das Virus aus *Dactylis* ein eigenständiges Tri-

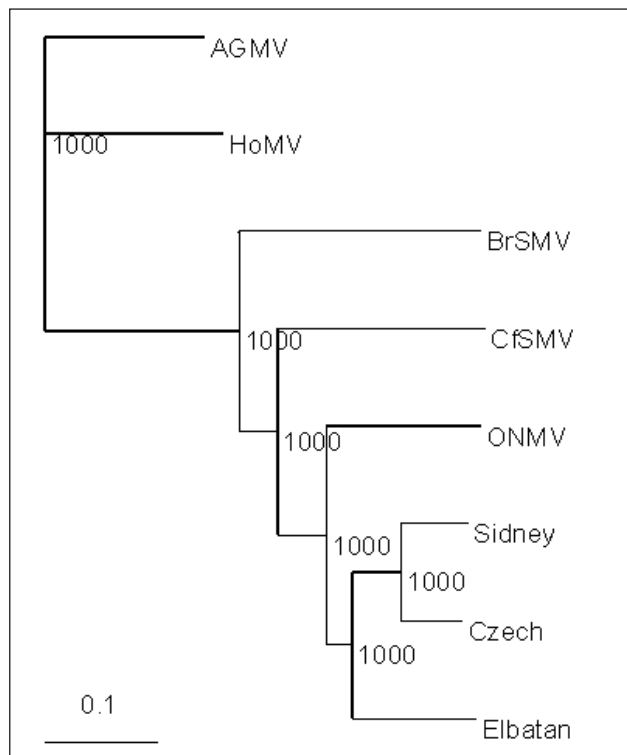


Abb. 1: Phylogenetischer Stammbaum des „Cocksfoot streak mosaic virus“ (CfSMV). Mitglieder des Genus *Tritimovirus* sind BrSMV = *Brome streak mosaic virus*, ONMV = *Oat necrotic mottle virus* und drei Isolate des *Wheat streak mosaic virus* (Sidney, Czech, und Elbatan), AGMV (*Agropyron mosaic virus*) und HoMV (*Hordeum mosaic virus*) stehen für zwei Vertreter des Genus *Rymovirus*

Fig. 1: Neighbour joining 1000 bootstrap tree of „Cocksfoot streak mosaic virus“ (CfSMV). Members of the Genus *Tritimovirus* are BrSMV = *Brome streak mosaic virus*, ONMV = *Oat necrotic mottle virus* and three isolates of *Wheat streak mosaic virus* (Sidney, Czech, and Elbatan), AGMV (*Agropyron mosaic virus*) and HoMV (*Hordeum mosaic virus*) represent members of the Genus *Rymovirus*

timovirus darstellt, für das die vorläufige Bezeichnung „Cocksfoot streak mosaic virus“ (CfSMV) vorgeschlagen wird. Für den Nachweis und die Differenzierung von Getreide infizierenden Viren befinden sich neue monoklonale Antikörper (MAB) in der Erprobung. Während die meisten MAB, die gegen das *Barley yellow dwarf virus*-PAV (BYDV-PAV) hergestellt wurden, für eine Differenzierung von BYDV- Stämmen nicht geeignet waren, war mit einem Antikörper gegen das *Wheat dwarf virus* eine Stammdifferenzierung möglich. Weitere Untersuchungen müssen zeigen, ob die immunologische Gruppierung mit der molekularen Differenzierung von Geminiviren an Gerste und Weizen mittels PCR übereinstimmt.

Abstract:

Polyclonal antisera to economically important *Gramineae*-infecting viruses belonging to the taxonomical groups of *Bymo*-, *Rymo*-, and *Tritimovirus* of the family *Potyviriidae* as well as to two members of the genus *Furovirus* were produced and the development of serological detection methods was completed. A new hitherto unknown virus was isolated from *Dactylis glomerata* and further characterised. Phylogenetic analyses indicated that it is related to an important wheat virus (*Wheat streak mosaic virus*) and the name „Cocksfoot streak mosaic virus“ was proposed for this possible new member of the genus *Tritimovirus*.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben, Schubert, J., Ehrig, F., Kühne, T.; Shemyakin and Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences, Moscow, Sukhacheva, E.; USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Lincoln, USA, Stenger, D. C., French, R.

(BAZ-2154)

2.8 Entwicklung und Erprobung monoklonaler Antikörper gegen Isolate des Kartoffelvirus Y (*Potato virus Y*)

Development and assessment of monoclonal antibodies to isolates of *Potato virus Y*

Rabenstein, F.

Zielsetzung/Aim:

Spezifische serologische Nachweismethoden sind u.a. eine wichtige Voraussetzung für eine Resistenzbewertung von gentechnisch verbesserten Pflanzen. Für Potyviren in Kartoffeln ist ein empfindlicher Nachweis und eine verbesserte Charakterisierung der unter Feldbedingungen vorkommenden Virusstämme von Interesse. Hierfür sollen monoklonale Antikörper entwickelt werden, die geeignet sind, unter Routinetestbedingungen eine Unterteilung in die wichtigsten PVY-Stammgruppen zu ermöglichen.

Specific serological detection methods are an important requirement for resistance assessment of genetically impro-

ved plants. Especially for potyviruses, a sensitive detection and an improved characterisation of virus strains occurring in potatoes under field conditions are of interest. To this aim monoclonal antibodies applicable to routine large scale testing have to be developed which allow a subdivision into the potato virus Y strain groups PVY^N, PVY^O and PVY^C.

Ergebnisse:

Nachdem bereits monoklonale Antikörper (MAB) hergestellt werden konnten, die spezifisch PVY Isolate der Stammgruppe PVY^N, einschließlich PVY^{NTN}, erfassten (Rabenstein, Jahresbericht BAZ für 2002, S. 75-76), wurde mit der Erzeugung von PVY^O-spezifischen Antikörpern begonnen. Als Antigen diente der Stamm PVY^{N-W} 4/11/1, der dem extrem virulenten Wilga-Typ angehört, sich aber serologisch wie PVY^O verhält. Aus den durch Zellfusion erzeugten Primärklonen wurden nach dem Screening 11 ausgewählt und kloniert. Davon zeigten nach Konjugation mit alkalischer Phosphatase noch zwei MAB die gewünschte Spezifität und erforderliche Bindungsstärke. Beide MAB (ASL-7C9 und ASL-1D11) waren im rein monoklonalen DAS-ELISA für die Differenzierung von 25 untersuchten Virusisolaten gleich gut geeignet. Zur Illustration sind in der Tabelle anhand von 10 ausgewählten PVY-Isolaten die Ergebnisse zur Differenzierung mit zwei polyklonalen Antiseren (aus Ziege und Kaninchen) und mit vier MAB dargestellt. Es ist ersichtlich, dass Antiserum ASL-Z1 für eine Diagnose nicht empfohlen werden kann, da es eine Reaktion mit der Gesundkontrolle zeigte und überdies mit den meisten O-Stämmen nur schwach reagierte. Demgegenüber erfasste das Kaninchenantiserum ASL-228 die C-Stämme nur schwach. Beim Vergleich der monoklonalen Testsysteme zeigte sich, dass die MAB ASL-7C9 und ASL-1D11 eine Gruppierung ergaben, die dem Ergebnis des O/C spezifischen Testkits der Firma Agden entspricht. Es wurden alle PVY^{N-W}, PVY^O und PVY^C Stämme nachgewiesen. Die Gegenüberstellung der Tests zum Nachweis von C-Stämmen verdeutlichte erhebliche Differenzen im Ergebnis zwischen beiden Anbietern (Tab 1.). Es wurde daher begonnen, MAB gegen PVY-Isolate dieser Stammgruppe herzustellen, die offensichtlich inhomogen und serologisch noch wenig charakterisiert ist.

Abstract:

From the panel of generated monoclonal antibodies two were selected for the development of a DAS-ELISA format which specifically detected the O-group of PVY isolates. Isolates of the strain groups PVY^N and PVY^{NTN} were

Tab. 1: Differenzierung von 10 PVY-Isolaten verschiedener Stammgruppen mit zwei polyklonalen Antiseren und vier monoklonalen Antikörpern im DAS-ELISA

Table 1: Differentiation of 10 PVY isolates of various strain groups using two polyclonal antisera and four monoclonal antibodies in DAS-ELISA

Antikörper* Isolat	Kan.A SL- 228	Ziege ASL- Z-1	MAB ASL- 7C9	MAB ASL- 1D11	Adgen		Agdia
					O/C	C	C
PVY ^{NTN} Ditta	1,82*	2,69	0,03	0,02	0,01	0,01	0,03
PVY ^{NTN} Gru99	2,11	2,66	0,02	0,01	0,05	0,01	0,03
PVY ^N Adgen	1,74	2,42	0,06	0,03	0,01	0,02	4,00
PVY ^N Hansa	3,09	2,63	0,01	0,02	0,03	0,01	0,03
PVY ^{N-WII} 4/11/1	0,98	2,43	2,25	3,11	1,90	0,01	0,03
PVY ^{N-WII} 28/97	2,52	2,94	3,74	3,88	1,85	0,01	0,03
PVY ^O 250	1,18	0,68	3,42	3,15	2,46	0,01	0,02
PVY ^O 7.22	2,99	0,53	3,55	4,00	2,19	0,01	0,03
PVY ^C Adgen	0,22	2,17	0,91	1,07	0,97	1,40	0,07
PVY ^C Q/3	0,35	3,14	2,61	2,50	2,38	2,40	0,03
Ges. Kontrolle	0,04	0,13	0,02	0,02	0,02	0,01	0,03

* E₄₀₅ nm nach 1h Substratreaktion, Mittelwert aus 2 Proben, Wirtspflanze *N. tabacum* cv 'Xanthii';

not recognized, whereas all strains belonging to PVY^{N-W}, PVY^O and PVY^C were detected. In comparison to a commercial test kit the newly developed O-group specific DAS-ELISA was similar in specificity and sensitivity. Further antibodies suitable for the discrimination of PVY-C isolates are under development.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben, Schubert, J.; Shemyakin and Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences, Moscow, Sukhacheva, E.

(BAZ-2171)

2.9 Entwicklung einer Kryomethode für ESEM-Untersuchungen zur Darstellung pilzlicher Infektionsstrukturen im Blattinneren Development of a cryomethod for detection of fungal infection structures in leaf tissue with the ESEM technique.

Ehrig, F.

Zielsetzung/Aim:

Untersuchungen des Wirt-Pathogen-Wechselverhältnisses im Blattinneren an frischen, unpräparierten pilzinfizierten Proben mit der Rasterelektronenmikroskopie

Investigations of the host-pathogen-relationship in leaf tissue of fresh, non-prepared material after fungus infection by scanning electron microscopy

Ergebnisse:

Die ESEM-Technik hat gegenüber der konventionellen Rasterelektronenmikroskopie den Vorteil, dass die Proben ohne vorherige Präparation untersucht werden können. Dabei wird der Arbeitsaufwand drastisch gesenkt und die Gefahr der Entstehung artifizieller Veränderungen vermieden. Andererseits sind frische Proben gegenüber den Bedingungen während der Untersuchungen wesentlich empfindlicher als herkömmlich vorbereitetes Material. Obwohl die Energie des Elektronenstrahls minimiert werden kann, wird das Objekt, besonders bei höheren Vergrößerungen, lokal stark erwärmt. Dadurch kann es, besonders bei empfindlichen Proben, zu einem lokalen Wasserverlust kommen, der mitunter eine Objektschrumpfung zur Folge hat. Deshalb wird versucht, die Untersuchungszeit möglichst gering zu halten. Insbesondere bei Arbeiten mit dem Röntgenspektrometer ist aber die Einhaltung einer optimalen Untersuchungszeit erforderlich. Wir versuchten deshalb eine Methode zu entwickeln, bei der sich die Proben während der Untersuchung im gefrorenen Zustand befinden. Damit könnten Schrumpfungartefakte infolge eines Wasserverlustes der Proben durch die Energie des Elektronenstrahls verhindert werden.

Während der üblichen Untersuchung im ESEM-Betrieb bei einer Objekttemperatur von 4 °C und einem Druck von 4 Torr in der Probenkammer beträgt der Partialdruck des Wassers um das Objekt 100 %. Senkt man die Temperatur weiter ab, kondensiert das Wasser auf der Objektoberfläche, um dann bei einer Temperatur von 0 °C zu gefrieren. Durch Variation der Betriebsbedingungen des Mikroskops konnte ein Verfahren entwickelt werden, welches die Kondensation und das Gefrieren des Wassers auf der Objektoberfläche verhindert.

Die Objekte werden mit Ramsay-Fett auf dem metallenen Objektträger fixiert und die Temperatur des Objektisches wird vor der Evakuierung des Probenraumes auf -25 °C abgesenkt. Anschließend wird ein Enddruck im Probenraum von 1 Torr eingestellt. Bei der mikroskopischen Untersuchung steigt die Temperatur des Objektes, ohne jedoch den Taupunkt des Wassers zu erreichen. Der Wasserverlust des Objektes erfolgt deshalb nur über Sublimation und ist wesentlich geringer als bei der Verdampfung des Wassers. Da sich zwischen dem Objekt und dem gekühlten Objektisch ein Fettfilm befindet, ist die Temperatur des Objektes etwas höher als die des Objektisches. Eine Eisbildung erfolgt deshalb nicht am Objekt sondern am Objektisch. Diese Bedingungen lassen sich ca. 90 min aufrecht erhalten.

Die Abbildung 1 zeigt ein Gerstenblatt nach Entfernung der Epidermis im gefrorenen Zustand 30 min nach dem Einschleusen in das Mikroskop. Die Zellen im Blattinneren sind turgeszent. Bei Temperaturen über dem Gefrierpunkt kollabieren sie augenblicklich. In Abbildung 2 ist ein Myzel von *Alternaria dauci* dargestellt. Sowohl Pilzhypphen als auch Konidien sind turgeszent. Im Unterschied

zu anderen phytopathogenen Pilzen sind die Organe nur von einer dünnen, hyalinen Zellwand bedeckt, wodurch es im Rasterelektronenmikroskop sehr schnell zu deutlichen Schrumpfungerscheinungen kommt.

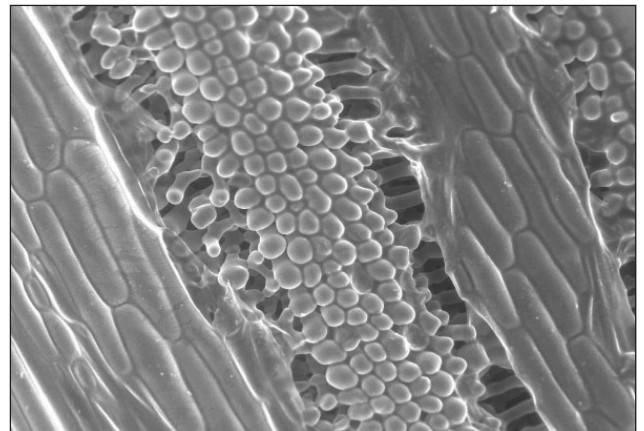


Abb. 1: Gerstenblatt nach Entfernen der Epidermis, Zellen im Blattinneren turgeszent

Fig. 1: Barley leaf after removing the epidermis, cells in the leaf interior turgescent

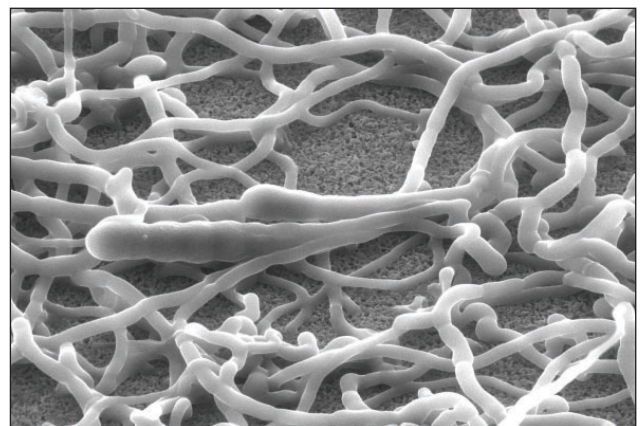


Abb. 2: Konidien und Hyphen von *Alternaria dauci*, Pilzorgane turgeszent

Fig. 2: Conidia and hyphae of *Alternaria dauci*, fungal organs turgescent

Abstract:

A method was developed in order to examine sensitive plant objects in the scanning electron microscope with the ESEM-technique. The objects are cooled down to a temperature of -25 °C. The pressure in the specimen chamber is reduced to 1 Torr. Under these conditions water loss of the specimen is drastically reduced and happens only via sublimation. Consequently, samples do not shrink at all or the process is considerably slowed down. The objects can be kept without artificial modifications for at least 90 min.

(BAZ-2184)

Institut für Epidemiologie und Resistenz

Institute of Epidemiology and Resistance

Aschersleben

Die Erhöhung der Resistenz gegen biotische Schadfaktoren - unter Beachtung der in Erregerpopulationen vorkommenden Virulenzen - ist essentieller Bestandteil einer nachhaltigen Landwirtschaft, indem sie die natürlichen Ressourcen (Boden, Wasser, Biodiversität) schont, das Anbaurisiko minimiert und der Landwirtschaft und dem ländlichen Raum langfristige Perspektiven eröffnet. Weiterhin trägt Resistenz durch eine Minimierung des Spritzmitteleinsatzes per se zu einer auf Verbraucherschutz ausgerichteten pflanzlichen Produktion bei. Vor diesem Hintergrund sind die Forschungsziele des Institutes auf eine Verbesserung der Resistenzeigenschaften landwirtschaftlicher Kulturarten gerichtet (Abb.1).

Auf der Grundlage der Evaluierung genetischer Ressourcen, gefolgt von Untersuchungen zur Genetik der Resistenz und der Virulenz der Erreger (Pilze, Viren, Bakterien, Insekten), erarbeitet das Institut unter Einbeziehung molekularer Techniken, Verfahren und Strategien zur effizienten züchterischen Nutzung qualitativer und quantitativer Resistenzen mit dem Ziel, die genetische Basis der Resistenz zu erweitern und möglichst dauerhafte Resistenzen zu erzeugen. Aufgrund einer ständigen Anpassung der Erreger an die Resistenzen und des Auftretens neuer Pathogene ist dieses Ziel nur durch eine langfristige und kontinuierliche Bearbeitung in Zusammenarbeit mit nationalen und internationalen Partnern zu verwirklichen. Zum Erreichen dieser Ziele ist das Institut in die Arbeitsgruppen „Viren und tierische Schädlinge“, „Pilze“, „Bakterien“ sowie die integrierende Arbeitsgruppe „Molekulare Markeranalyse“ untergliedert. Die einzelnen in den jeweiligen Gruppen bearbeiteten Projekte ordnen sich in die obengenannte Zielsetzung ein und lassen sich wie folgt zusammenfassen:

- Nutzung von Resistenz zur Erzeugung verbesserter Produktqualitäten und der Ressourcenschonung mit dem Ziel des Verbraucherschutzes;
- Nutzung der Resistenz gegen chemisch nicht bekämpfbare Schaderreger zur Sicherung der pflanzlichen Produktion;
- Entwicklung von Strategien zur Erzeugung dauerhafter Resistenzen und zur Stabilisierung des Wirt/Pathogen Gleichgewichtes.

Unter Berücksichtigung dieser Zielsetzungen werden im Institut schwerpunktmäßig die bodenbürtigen (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2) bzw. aphiden- (BYDV) und zikadenübertragenen (WDV) Getreideviren im Hinblick auf Epidemiologie und Resistenz bearbeitet sowie analoge Arbeiten bei virusübertragenden Aphiden durchgeführt. Einen weiteren Schwerpunkt stellen - vergleichbar den bodenbürtigen Viren - chemisch nicht bekämpfbare Bakteriosen bei Obst (*Erwinia amylovora*), Gemüse (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) und Zierpflanzen (*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*) dar. Im Mittelpunkt der Arbeiten zur Resistenz gegen pilzliche Schaderreger steht die Resistenzevaluierung und genetische Analyse bei der Gerste in bezug auf *Puccinia hordei* und *Pyrenophora teres* (Abb. 2) bzw. beim Weizen gegen *P. tritici-repentis*, *Puccinia triticina* und *Pseudocercospora*



Abb. 1: Evaluierung auf Krankheitsresistenz im Feld
Fig. 1: Evaluation for resistance in field trials

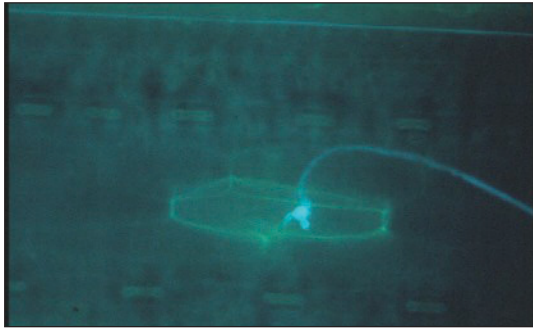


Abb. 2: Infektionsstrukturen von *Pyrenophora teres f. teres* im Gerstenblatt

Fig. 2: Barley leaf tissue infected by *Pyrenophora teres f. teres*

scherscher Erschließung verstärkt nutzbar zu machen“ bei und sind weiterhin eingebunden in die Überlegungen zum Ausbau der Fördermaßnahmen für die ländliche Entwicklung (2. Säule), insbesondere im Hinblick auf die Weiterentwicklung der Agrarumweltmaßnahmen, den Gewässerschutz, den Bodenschutz, den Schutz der genetischen Ressourcen für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten und der biologischen Vielfalt.

Im Rahmen dieser Zielsetzungen erlauben heute molekulare Techniken einerseits eine effektive Charakterisierung von Pathogenen und genetischen Ressourcen sowie andererseits im Rahmen marker-gestützter Selektionsverfahren eine beschleunigte Nutzungen entsprechender Resistenzen. In diesem Zusammenhang wurde die AFLP-Technik bei Aphiden, Pilzen und Bakterien etabliert (Abb. 3), welche einerseits eine effektive Charakterisierung der in den Pathogenbanken vorliegenden Isolate bzw. Klone erlaubt, sowie andererseits für epidemiologische Fragestellungen zur Verfügung steht (s. u.). Basierend auf der Evaluierung genetischer Ressourcen im Rahmen von EVAII bzw. von Sorten und Sortenkandidaten im Rahmen der Wertprüfungen für das Bundessortenamt, wurden weiterhin molekulare Marker zum Nachweis von Resistenzgenen gegen *Puccinia triticina* etabliert (s. u.). Neben anderen Techniken wird in diesem Zusammenhang die Detektion von Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) genutzt, welche beispielsweise eine Differenzierung nahezu isogener Linien der Sorte Thatcher in bezug auf das Resistenzgen *Lr1* ermöglicht (Abb. 4). Weiterhin wurde 2003 mit dem EU-geförderten CRAFT-Projekt „Improved utilization of new genetic resources in resistance breeding against soil-borne viruses in barley and wheat using molecular markers (VIRRES)“ begonnen, welches im wesentlichen am Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung der Universität Giessen durchgeführt wird, ebenso wie mit dem DFG-geförderten Projekt „Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren“, welches die agronomische Evaluierung - einschließlich Resistenz - bedeutender Gerstesorten und deren Genotypisierung mittels SSRs als Grundlage assoziationsgenetischer Studien beinhaltet.

la herpotrichoides. Diese Arbeiten beinhalten auch eine jährliche Virulenzanalyse z. B. der Roste (*P. hordei*, *P. triticina*), deren Ergebnisse im Rahmen der am Institut durchgeführten Wertprüfungen und Evaluierungsarbeiten genutzt werden. Die am Institut bearbeiteten Schaderreger werden in Pathogenbanken gesammelt und stehen für verschiedene Fragestellungen zur Verfügung. Die oben genannten Projekte tragen zu dem im „Nationalen Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen“ definierten Ziel die „Vielfalt pflanzengenetischer Ressourcen durch geeignete Maßnahmen, u. a. durch Charakterisierung, Evaluierung, Dokumentation und züchterischer

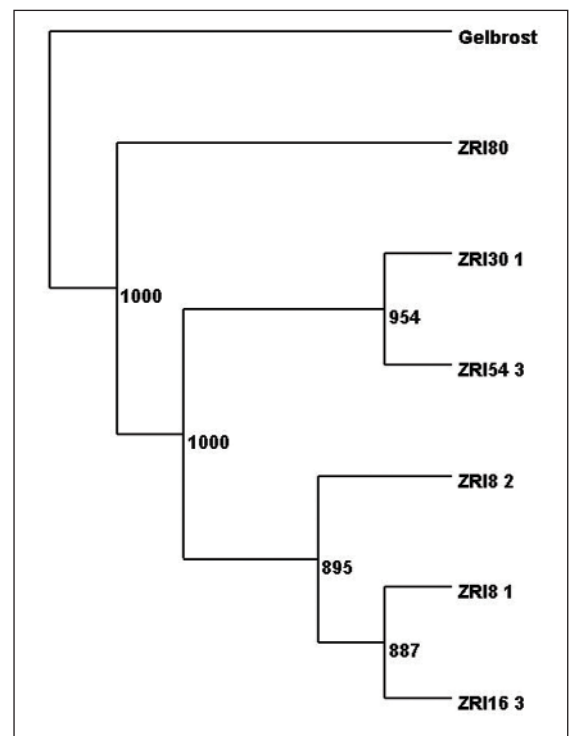


Abb. 3: Gruppierung von Zwergrost (*Puccinia hordei*) Isolaten basierend auf AFLP-Analysen

Fig. 3: Results of cluster analysis of different isolates of *Puccinia hordei* based on AFLPs

Im Verlauf des Jahres wurden die Projekte „Entwicklung von SNP-Markern (SNPs) für Gerste“ gefördert im Rahmen des deutschen Pflanzen Genom Projektes (GABI) sowie das im Rahmen des Bundesprogramms ökologischer Landbau geförderte Projekt „Verbesserung der Resistenz gegen den Erreger des Braunrostes (*Puccinia tritica*) in Weizenformen des ökologischen Landbaus, Einkorn (*Triticum monococcum*), Emmer (*T. diccocom*) und Dinkel (*T. spelta*)“ und das Projekt „Epidemiologische und Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen-System Pelargonie/*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*“ beendet (s. u.).

Vor dem Hintergrund der angestrebten Ausdehnung des ökologischen Landbaues wurden im Zuge der diesjährigen Antragstellung im Bundesprogramm Ökologischer Landbau das Projekt „Evaluierung von *Brassicaceae* auf Resistenz gegen die Mehligke Kohlblattlaus (*Brevicoryne brassicae*) als Basis zur Nutzung blattlausresistenter Kohlsorten für den ökologischen Landbau“ verlängert und das Projekt „Untersuchungen von Weizensorten sowie Genbankherkünften auf Resistenz gegenüber

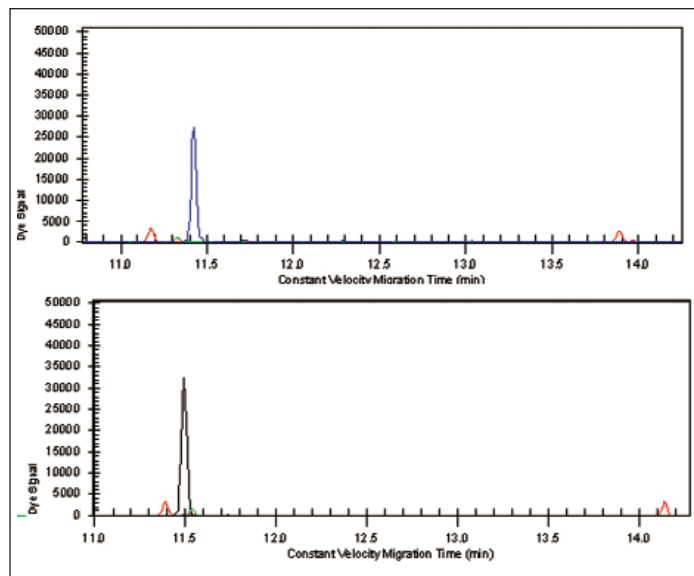


Abb. 4: Detektion eines eng mit *Lr1* gekoppelten SNPs in den Weizen genotypen Thatcher (C) und Thatcher *Lr1* (T) auf einem automatischen Kapillarsequenziergerät unter Verwendung von SNUPE

Fig. 4: Detection of a SNP closely linked to *Lr1* in wheat genotypes Thatcher (C) and Thatcher *Lr1* (T) using SNUPE on an automatic capillary sequencer



Abb. 5: Krankheitssymptome von *Pseudocercospora herpotrichoides*

Fig. 5: Symptoms of *Pseudocercospora herpotrichoides*

dem Weizenflugbrand (*Ustilago tritici* f. sp. *tritici*) als Basis zur züchterischen Entwicklung von Genotypen mit Eignung für den ökologischen Landbau“ genehmigt. Weiterhin wird 2004 mit dem Drittmittel geförderten Projekt „Etablierung effizienter Screeningverfahren und Erstellung geeigneter Populationen im Hinblick auf die Entwicklung molekularer Marker für Resistenz gegen *Pseudocercospora herpotrichoides* (Abb. 5) und markergestützte Kombination der Resistenzgene *Pch1*, *Pch2* und einer Resistenz aus *Aegilops kotschy*“ begonnen. Im Rahmen der bilateralen Kooperationen mit Russland werden 2004 insgesamt 4 Projekte zur Identifizierung von Resistenzquellen gegen die Netzfleckenkrankheit bei Gerste sowie die Blattdürre bei Weizen, zur Aufklärung der Genetik der Wirt-Pathogen-Interaktion Gerste - *Pyrenophora teres* sowie zur genetischen Analyse des Benzoxazingehaltes als Grundlage für die Blattlausresistenz in Weizen begonnen bzw. weitergeführt.

Weitergehende Forschungsanträge zielen auf eine stärkere Implementierung molekularer Techniken - insbesondere assoziationsgenetischer Verfahren - zur Charakterisierung genetischer Ressourcen sowie zur Erfassung und Nutzung genetischer Diversität ab. So wird im Rahmen der Zusammenarbeit der deutschen, fran-

zösischen, und spanischen Genomprojekte der Antrag „Genomic approaches for the identification and use of natural genetic diversity in cereal breeding“ in Bezug auf den deutschen Beitrag vom IER koordiniert und im Rahmen der Ausschreibung von GABI II ist das Institut am Antrag „Mapping of agronomically important genes in barley using population genomics and association studies“ beteiligt. Der steigenden Bedeutung der bodenbürtigen Viren des Weizens (s. o.) wird durch die Beteiligung an dem EU-CRAFT-Antrag „Wheatprotect“, welcher die funktionelle und strukturelle Aufklärung der Virusresistenz bei Weizen zum Ziel hat, Rechnung getragen. Um weiterhin den Austausch wissenschaftlicher Informationen zu fördern, ist das Institut in den im Rahmen der EU geförderten Marie-Curie-Fellowships gestellten Antrag „European collaboration for genomics of crop plants and their pathogens“ sowie in den in Spanien gestellten Antrag „Location, validation and effect of loci for MAS in barley breeding“ involviert.

Enhancing resistance to pathogens and pests - taking into account epidemiological aspects and changes in virulence - is essential for sustainable plant production. Resistance contributes to the protection of natural resources (soil, water, biodiversity), minimises the risk of yield losses and may have an impact on the long term prospective and development of rural areas. Besides this, resistance leads to reduced application of chemicals thereby being a prerequisite for plant production systems aiming at efficient consumer protection.

Therefore, research of the Institute of Epidemiology and Resistance aims at enhancing resistance of crop plants by the analyses of virulence of pathogens of agronomic importance (fungi, viruses, bacteria, insects) and the evaluation of genetic resources for resistance. Based on results of genetic analyses of resistance, strategies for an efficient use of qualitative and quantitative resistances including molecular markers are developed in order to broaden the genetic basis of resistance and to create durable resistance. Due to a constant adaptation of pathogens to resistances, these goals can be reached in co-operation with national and international partners by long term approaches, only. To reach these goals the institute is sub-divided into the following research groups „Viruses and Invertebrate Pests“, „Fungi“, „Bacteria“ and „Molecular markers“. Research projects carried out fit to the overall goals listed below:

- Resistance to enhance product quality as well as protection of natural resources and consumers;
- Resistance to bacteria and soil-borne viruses in order to ensure plant production;
- Development of strategies to create more durable resistances.

With respect to these goals, main research efforts focus on the genetic analyses of resistance to soil-borne viruses (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2) and of tolerance against aphid (BYDV) and leaf hopper transmitted viruses (BYDV). Besides this, studies on the epidemiology of virus transmitting aphids and resistance against these vectors are carried out. With respect to bacterial diseases studies on fruits (*Erwinia amylovora*), vegetables (*Xanthomonas campestris*, pv. *campestris*) and ornamentals (*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*) are conducted. Concerning fungal diseases, studies focus on the evaluation and genetic analyses of barley concerning resistance against *Puccinia hordei* and *Pyrenophora teres* as well as on wheat with respect to *P. tritici-repentis*, *Puccinia triticiana* and *Pseudocercospora herpotrichoides*. These studies also involve collection of isolates and analyses of virulence each year, e.g. concerning rusts. Respective isolates are included in official trials for cultivar release and in those for the evaluation of genetic resources. Respective pathogens are hosted at the Institute of Epidemiology and Resistance in several collections.

Research carried out at the IER contributes to the „National programme for maintenance and sustainable use of genetic resources of agricultural and horticultural crops“ with respect to „enhance the exploitation of diversity present in genetic resources by characterisation, evaluation, documentation and breeding“. Besides this, studies contribute to aspects addressed by the EU Commission

dealing with strengthening rural development, especially with respect to environmental aspects, protection of water, soil, biodiversity and genetic resources.

To achieve these goals, molecular markers can be considered as useful tools with respect to the characterisation of pathogens and genetic resources and for marker based selection procedures facilitating enhanced use of resistances. In this respect, AFLPs have been established on aphids, fungi and bacteria facilitating the effective characterisation of isolates and clones (Fig. 1) present at the Institute (see below). In the frame of the evaluation of genotypes within EVAII and trials carried out for variety release molecular markers for the detection of resistance genes against rust in wheat have been established. Besides STSs and SSRs, SNPs have been established, facilitating the differentiation of near isogenic lines of cv. 'Thatcher' with respect to *Lr1*. In addition to this, the EU funded CRAFT project „Improved utilization of new genetic resources in resistance breeding against soil-borne viruses in barley and wheat using molecular markers (VIRRES)“ mainly carried out at the University of Giessen and the DFG-funded project „Estimation of yield function of selected crop species in relation to genotype and site factors“ dealing with the determination of agronomic traits of important barley cultivars including resistance followed by SSR genotyping, started in 2003.

In 2003 the project „Development of SNP markers for barley“ funded by the German Plant Genome Initiative GABI ended as well as the projects „Enhancement of resistance against brown rust (*Puccinia triticiana*) of wheats (*Triticum monococcum*, *T. diccicum* and *T. spelta*) grown in eco farming systems“ and „Analyses of epidemiology and resistance to *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*“ Within the frame of the programme to promote eco-farming, funding of the project „Evaluation of *Brassicaceae* for resistance against *Brevicoryne brassicae* as the basis for the use of aphid resistant cabbage cultivars in eco farming“ will continue in 2004 and a new project dealing with the „Analyses of wheat for resistance to smut (*Ustilago tritici* f. sp. *tritici*) for developing genotypes suited for eco-farming systems“ will start. Besides this, the project „Establishment of effective screening methods and development of segregating populations to develop markers for resistance to *Pseudocercospora herpotrichoides* followed by marker based combination of *Pch1*, *Pch2* and a resistance derived from *Aegilops kotschyi*“ will be funded. In addition, bilateral co-operations with Russian institutes dealing with resistance of barley to net blotch and of wheat to *Pyrenophora tritirepentis*, the analysis of the host pathogen interaction between barley and *Pyrenophora teres* as well as with the analysis of the Benzoxazin content and its relation to aphid resistance in wheat will be funded in 2004.

Future research activities focus at the implementation of molecular techniques - especially methods of association genetics - for the characterisation of genetic resources and the determination and use of genetic diversity. In this respect, the Institute is involved in the co-ordination of the project „Genomic approaches for the identification and use of natural genetic diversity in cereal breeding“ submitted within the frame of the collaboration of the German, French and Spanish Genome Projects and is partner in the project „Mapping of agronomically important genes in barley using population genomics and association studies“ submitted to the German Plant Genome Project GABI II. Besides this, as a rising importance of soil-borne viruses of wheat is expected, the Institute is involved in the EU-proposal „Wheatprotect“ aiming at the structural and functional analysis of virus resistance. In order to foster the exchange of scientific information the Institute participates in a proposal within the EU-funded Marie-Curie-Fellowships dealing with the „European collaboration for genomics of crop plants and their pathogens“ and in a proposal submitted in Spain aiming at the „Location, validation and effect of loci for MAS in barley breeding“.

1. Viren und tierische Schädlinge Viruses and invertebrate pests

1.1 Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Bewertung der Virusresistenz gegen das zikadenübertragbare *Wheat dwarf virus* (WDV - Weizenverzweigungsvirus) in Gerste, Weizen und Triticale

Development and use of evaluation methods for tolerance to the leafhopper-transmitted *Wheat dwarf virus* (WDV) in barley, wheat and triticale
Habekuß, A.; Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel des Verbundprojektes innerhalb der InnoPlanta-Initiative Nordharz/Börde besteht darin, Genbank- und Zuchtmaterial unterschiedlicher Getreidearten auf Toleranz gegenüber dem Weizenverzweigungsvirus (WDV) zu evaluieren. Hierfür sind zunächst Prüfmethode zu entwickeln, die eine sichere Bewertung der Toleranz gewährleisten. Die zu erschließenden Resistenzquellen stellen die Grundlage für die Züchtung von Getreidesorten mit verbesserter Virusresistenz/-toleranz dar.

The aim of the co-operate project is the evaluation of genebank and breeding material of different cereal species for tolerance to *Wheat dwarf virus* (WDV). For this purpose screening methods for a reliable estimation of tolerance have to be developed in a first step. Selected genotypes with enhanced resistance/tolerance will be the basis for breeding of cereal varieties with improved virus resistance/-tolerance.

Ergebnisse:

Als entscheidende Voraussetzung für Arbeiten zur biologischen Stamm- und Isoliertdifferenzierung sowie für Resistenzprüfungen wurde die Zucht des Virusvektors *Psammotettix alienus* etabliert sowie 8 Gersten- und 3 Weizenisolate des WDV definiert und als Stammsammlung angelegt. Für den sicheren Virusnachweis in der Pflanze wurde ein ELISA-fähiges, polyklonales Antiserum hergestellt. Im Herbst 2002 wurden 2 Versuche (Gazelt und Freiland) zur Evaluierung von 48 Wintergersten und 28 Winterweizen ausgesät. Die diesjährigen Versuche waren infolge der starken Auswinterungsschäden nicht auswertbar (Abb. 1). Im Frühjahr wurde die Überwinterungsrate ermittelt. In den infizierten Varianten belief sich diese auf 20 % und in den Kontrollvarianten auf 34 %, so dass indirekt gefolgert werden kann, dass die Infektion erfolgreich war. Eine Resistenzbeurteilung der einzelnen Genotypen war aber nicht möglich. Diese Versuche werden daher in der Vegetationsperiode 2003/2004 wiederholt.

Im Rahmen der geplanten Überprüfung der Freilandergebnisse in Klimakammerversuchen wurde eine entsprechende Prüfmethode entwickelt. Von den bisher geprüften Varianten zur Dauer von Akquisition und Inokulation erwies



Abb 1: Starke Auswinterungsschäden in der WDV-Freilandresistenzprüfung von Wintergerste im Frühjahr 2003

Fig 1: Severe damage in the WDV-field test of winter barley in spring 2003 due to winter killing

Tab.1: Vergleich der Merkmalsausprägung bei unterschiedlichen Akquisitions- und Inokulationszeiten
Table 1: Expression of several characters after different acquisition and inoculation periods

Merkmal	Variante			
	7 d / 3 d*	7 d / 5 d	1 d / 2 d	2 d / 2d
Infektionsrate (%)	62	39	62	25
Extinktion	1,006	0,683	0,957	0,523
Boniturnote	3,1	2,4	3,6	1,9

* Akquisitions-/Inokulationszeit
acquisition/inoculation period

sich 1 Tag Akquisitionszeit und 2 d Inokulationzeit als die optimale Variante sowohl hinsichtlich des Infektionserfolges (Tab. 1) als auch in Bezug auf die Überlebensrate der Zikaden.

Für die Differenzierung verschiedener Virusformen bzw. -isolate des WDV wurde zusätzlich zum ELISA eine PCR-gestützte Nachweismethode entwickelt.

Abstract:

As a prerequisite for an evaluation of tolerance to WDV effective screening methods in the field and growth cham-

ber were developed including rearing of the vector *Psammotettix alienus*, identification of isolates of WDV, development of ELISA antisera and PCR-based detection methods.

However, due to extreme frost during the winter period 2002/2003 no results concerning resistance/tolerance for 28 winter wheat accessions and 48 winter barley accessions could be gained as they were severely damaged by winter killing.

In Zusammenarbeit mit: L. Kuntze, Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH; T. Hammann, Saatzucht Hadmersleben GmbH

(BAZ-2349, gefördert durch BMBF)

1.2 Entwicklung von Winterdurum mit verbesserter Teigqualität und Resistenz gegen pilzliche und virale Krankheitserreger

Development of winter durum with improved pasta quality and resistance to different fungi and viruses

Habekuß, A.

Zielsetzung/Aim:

Das Verbundprojekt innerhalb der InnoPlanta-Initiative Nordharz/Börde zielt darauf ab, winterfesten Hartweizen mit verbesserten Qualitäts- und Resistenzeigenschaften zu entwickeln. Im Rahmen dieser Aufgabenstellung wird Genbank- und Zuchtmaterial in Klimakammer- und Freilandversuchen auf Resistenz/Toleranz gegen insektenübertragbare Viren (BYDV, WDV) untersucht.

The aim of the co-operate project is the development of winter hard durum wheat with improved quality and resistance. In the frame of this task genebank accessions and breeding material is evaluated for resistance/tolerance to insect-transmitted viruses (BYDV/WDV) in growth chambers and field tests.

Ergebnisse:

Schwerpunkt des vom IER bearbeiteten Projektteiles ist die Evaluierung von Winterdurum-Zuchtmaterial und Genbankherkünften gegenüber insektenübertragbaren Viren (BYDV, WDV) sowie die Aufklärung möglicher Mechanismen der Virus - Vektor - Wirt - Interaktionen bei tolerant charakterisierten Durum-Genotypen. Im Herbst 2002 wurden zwei BYDV-Resistenzprüfungen angelegt: die eine mit 165 Prüfgliedern in dreifacher Wiederholung unter natürlichem Infektionsdruck und die zweite im Gazzelt mit 92 Durumherkünften und BYDV-PAV Inokulation durch *Rhopalosiphum padi*. Auf Grund sehr starker Auswinterung konnten die Versuche nicht ausgewertet werden. Es erwiesen sich aber 4 der im Vorjahr als BYDV-tolerant selektierten Formen als besonders winterfest. Die Versuche wurden im Frühjahr 2003 wiederholt. Die Abbil-

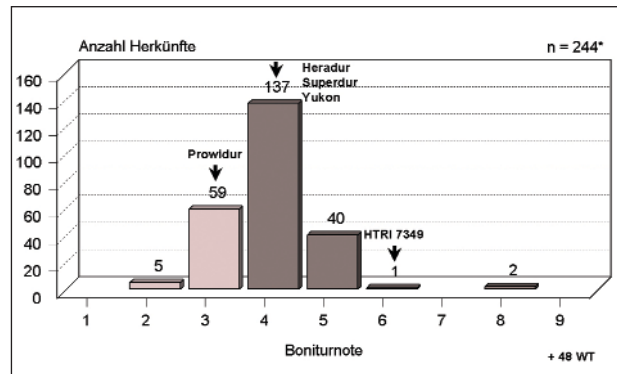


Abb. 1: Reaktion von Durumweizen-Herkünften gegenüber BYDV-PAV im Freiland 2003 (Frühjahrsinokulation)

Fig. 1: Reaction of durum wheat accessions to BYDV-PAV in field trials 2003 (inoculation in spring)

dung 1 zeigt die Reaktion von 244 Genbankherkünften des IPK Gatersleben und Zuchtlinien im Vergleich zu 5 Standardsorten der Freilandtestung mit künstlicher Virusinokulation. Anhand der Symptomausprägung wurden 5 Formen mit einem hohen (Boniturnote 2) und 59 mit einem mittleren Toleranzniveau (Boniturnote 3) ermittelt.

Abstract:

Studies carried out at the IER focus on the evaluation of winter durum wheat with respect to BYDV and WDV. Due to the extreme weather conditions during winter time in 2002/03 nearly all genotypes were lost due to winter killing and no estimation of virus tolerance could be carried out. However, 4 BYDV-PAV tolerant Durum accessions identified in 2002 turned out to be of good winterhardness. Trials were replicated in spring 2003. Five of the 244 genotypes tested expressed a high level of BYDV-tolerance after artificial inoculation.

In Zusammenarbeit mit: A. Graner, M. Grau, Inst. f. Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, Genbank; P. Römer, Südwestdeutsche Saatzucht, Rastatt

(BAZ-2311, gefördert durch BMBF)

1.3 Evaluierung von Weizen- und Gerstenherkünften der Genbank auf Resistenz gegen Getreideaphiden und Untersuchungen zur Resistenz selektierter Herkünfte

Evaluation of genebank accessions of wheat and barley for resistance to cereal aphids and investigations on the mode of resistance in selected accessions

E. Schliephake

Zielsetzung/Aim:

Blattlausbefall tritt in Getreide regelmäßig auf und Aphiden übertragen eine Vielzahl von Pflanzenviren, z. B. BYDV bei Gräsern, so dass es angezeigt ist, Blattlausresis-

tenz im Getreide zur Reduzierung der Blattlauspopulationen und der damit verbundenen direkten und indirekten Schäden züchterisch zu bearbeiten. Dabei sind die im Getreide auftretenden Aphidenarten hinsichtlich ihrer Bedeutung unterschiedlich zu bewerten. Um entsprechende Resistenzquellen zu identifizieren, wird Genbankmaterial unter natürlichem Befall auf Blattlausresistenz evaluiert.

Aphids are common pests in cereals and vectors of different viruses, in grasses especially of BYDV. Therefore, breeding for aphid resistance to reduce aphid populations and direct and indirect damages has to be considered as an important task. Aphid species common in cereals are of different importance with respect to damages caused. To identify sources of aphid resistance, genebank accessions are evaluated for aphid resistance under natural field infestations.

Ergebnisse:

In der Weiterführung der Freilandevaluierungen wurden 2003 Freilandversuche (2-reihige Kleinparzellen a 1m) mit 335 Winterweizen und 500 Sommerweizenformen angelegt, um den natürlichen Befall zu bonitieren. Infolge des strengen Winters fielen im Wintergetreide die Hälfte der Genotypen vollständig aus, lediglich 165 Genotypen konnten bonitiert werden. Daher wurde der Versuch im Oktober 2003 erneut angelegt. Im Sommerweizen wurden 497 Genotypen zu 3 Boniturterminen mit einer 9-stufigen Boniturskala bewertet. Mittels einer Exponentialfunktion lässt sich die geschätzte Blattlauszahl ermitteln (Anzahl Aphiden = $2,75854095 + \text{EXP}(0,64563 + 0,3690719 * \text{Note})$) und aus den wiederholten Bonituren die Fläche unter der Befallskurve als Anzahl „Blattlaustage“ bestimmen. Die mittlere Ordinate der Befallsfläche entspricht dem mittleren Blattlausbefall über den Boniturzeitraum.

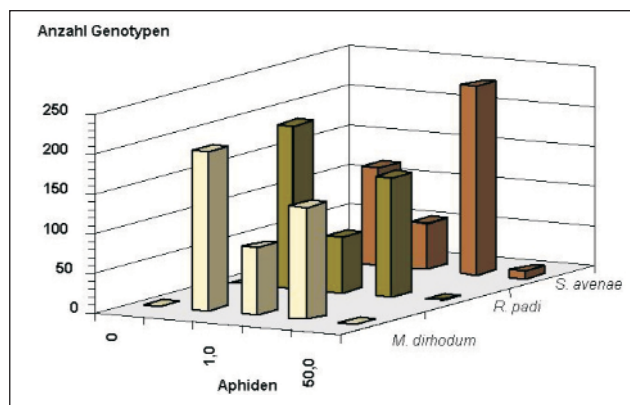


Abb. 1 Boniturergebnisse 2003 des Sommerweizensortimentes auf Befall durch verschiedene Getreideaphiden, Verteilung der mittleren Blattlauszahl (n = 497 Genotypen)

Fig. 1: Scoring results of aphid infestation in spring wheat (n = 497 genotypes)

Im Sommerweizen variierte der mittlere Blattlausbefall zwischen 0 und 4,6 Aphiden für *M. dirhodum*, 5,8 für *Rho-*

palosiphium padi und 17,6 für *Sitobion avenae*. Der mittlere Befall des Standards „Quatro“ lag entsprechend bei 1,6; 1,4 und 1,4. Die Verteilung des Aphidenbefalls für die Genotypen zeigt Abb. 1.

An 15 Genotypen von *T. monococcum*, die sich 2002 im Screening weitgehend als blattlausfrei erwiesen hatten, wurde in einem Blockversuch der natürliche Blattlausbefall erneut geprüft. Insgesamt 6 der geprüften Genotypen blieben blattlausfrei, die restlichen waren nur schwach durch *R. padi* besiedelt (bis max. 10 Tiere).

Abstract:

A collection of 335 genotypes of winter wheat and 500 spring wheat genotypes was evaluated for aphid resistance in field trials. As a result of severe frost during 2002/2003 only 165 genotypes of winter wheat survived. In spring wheat 497 genotypes were scored for aphid infestation. The mean number of aphids in this trial varied between 0 and 4.6 aphids for *M. dirhodum*, up to 5.8 aphids for *R. padi* and to 17.6 aphids for *S. avenae*. In a field test carried out with 15 lines of *T. monococcum* selected as resistant in field screenings in 2002, 6 genotypes were not infected at all and the rest showed only little attack by *R. padi*.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben

(BAZ-2331)

1.4 Entwicklung ertragreicher Winterrapslinien mit stabiler Resistenz gegen das Wasserrübenvergilbungsvirus (Turnip yellows luteovirus) für die Gewinnung nachwachsender Rohstoffe

Development of winter oilseed rape with resistance to TuYV (Turnip Yellows Virus) and good agronomic performance for the production of renewable resources

Paetsch, C.; Ordon F.

Zielstellung/Aim:

Im Rahmen einer angestrebten Reduktion des Spritzmitteleinsatzes zur Vektorenbekämpfung ist es Ziel des Projektes Erkenntnisse zur Ertragsrelevanz des TuYV (TuYV-Symptome, Abb. 1), zur Verteilung des Virus in der Pflanze in Abhängigkeit vom Entwicklungsstadium und dem Pflanzenorgan sowie zur Vererbung der TuYV-Resistenz zu gewinnen. Weiterhin wird anhand von Virusisolaten unterschiedlichen geographischen Ursprunges eine Pathotypen-Analyse hinsichtlich Aggressivität bzw. Virulenz durchgeführt.

In order to reduce insecticide sprayings against vectoring aphids the project aims at determining the relevance of TuYV (TuYV-symptoms, Fig. 1) for yield and at getting information on the distribution of viruses within the plant in relation to developmental stages as well as on the mode of inheritance of resistance to TuYV. Besides this, aggres-

siveness and virulence of isolates from different geographic origin is analysed.



Abb. 1: Symptome der TuYV-Infektion an Winterraps im Sommer

Fig. 1: Symptoms of TuYV-infection in summer

Ergebnisse:

Im zweiten Versuchsjahr bestätigten die mehrortigen Versuche zur Ertragsrelevanz des TuYV die Ergebnisse des Vorjahres. Die signifikanten Ertragsverluste anfälliger Sorten betragen 2003/2004 im Mittel über alle Orte 7,5 % (Abb. 2). Durch die Einlagerung der Resistenz wurde ein Ertragseffekt im Durchschnitt aller Orte von 7 % erzielt. Der Ertrag der Zuchtlinien relativ zum Ertrag der Standardsorten betrug in der Kontrolle 92 % und in der infizierten Variante 99 % und war somit höher als im Vorjahr.

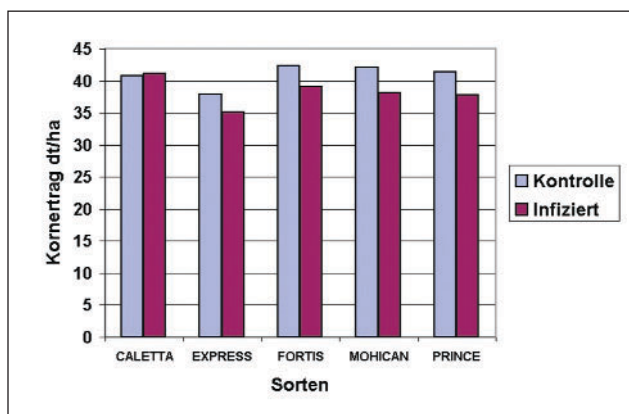


Abb. 2: Kornertrag (dt/ha) der Standardsorten im Mittel über 10 Orte bei Kontrolle und künstlich infizierter Variante, 2003

Fig. 2: Grain yield of susceptible check cultivars on average of 10 locations in a healthy control and after artificial TuYV-infection, 2003

Erste Untersuchungen zur Verteilung des Virus in der Pflanze ergaben keine signifikanten Unterschiede, jedoch konnten einige Genotypen identifiziert werden, bei welchen das Virus auf die Wurzel beschränkt war. Diese Arbeiten werden 2003/2004 wiederholt. Das Isolat Rü 1-4 er-

wies sich gegenüber der Resistenz aus dem Resyntheseraps R 54 als resistenzbrechend. Anhand von DH-Linien werden momentan weitergehende Analysen zur Genetik der Resistenz durchgeführt.

Abstract:

Field tests of the second year confirmed significant yield losses caused by TuYV on average of all locations amounting to 7.5 % (Fig. 2). The resistant breeding lines turned out to be higher yielding in relation to the released susceptible cultivars in 2003 than in 2002 (control 92 %, infected variant 99 %). With respect to the distribution of the virus, no significant differences were detected, but in some genotypes the virus was exclusively limited to the roots. Investigations will be repeated in 2003/2004. The turnip yellows virus isolate Rü 1-4 turned out to be infectious on genotypes carrying resistance derived from the resynthesized rape R 54. Additional analyses on DH lines in order to get detailed information on the mode of inheritance are recently carried out.

In Zusammenarbeit mit: GFP, 6 Züchtungsfirmen der Abteilung Öl- und Eiweißpflanzen, Saatucht Hadmersleben GmbH, Norddeutsche Pflanzenzucht Hans Georg Lembke KG, Deutsche Saatveredlung Lippstadt-Bremen GmbH, Limagrain-Nickerson GmbH, Raps GbR, Syngenta Seeds GmbH; Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben, Rabenstein, F.; Schubert, J.; Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Ryschka, U., Peterka, H., Marthe, F.

(BAZ-2310, gefördert durch FNR, FKZ 22006600)

2. Pilze Fungi

2.1 Charakterisierung der Resistenz von Weizen und Triticale gegen *Puccinia triticina* im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes

Characterization of the resistance of wheat and triticale to *Puccinia triticina* within the scope of the evaluation procedure of the Federal Office of Plant Varieties

Lind, V.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Projektes ist es im Rahmen der Sortenzulassung Sorten und Zuchtstämme von Winter- und Sommerweizen, Winter- und Sommertriticale, Hartweizen und Spelzweizen im Gewächshaus- und Feldversuch durch Infektion mit definierten Isolaten bzw. Isolatgemischen von *P. triticina* im Hinblick auf Resistenz zu charakterisieren sowie Resistenzgene und Resistenztypen (Keimlings- und Altersresistenz) zu identifizieren.

Within the frame of official tests for cultivar release the project aims at determining resistance of cultivars and breeding lines of winter and spring wheat, winter and

spring triticale, durum wheat and spelt wheat for resistance to *P. triticina* in greenhouse and field trials using defined isolates and a mixture of virulent isolates, respectively. Besides this, resistance genes and type of resistance (seedling and adult plant resistance) are identified.

Ergebnisse:

Die Inokulation von Keimpflanzen erfolgte wie in den vergangenen Jahren in einer Klimakammer mit definierten Isolat in 2 Wiederholungen. Die Feldprüfung wurde als randomisierte Blockanlage mit 4 Wiederholungen angelegt. Die Tests konnten im Berichtsjahr nur bei Sommergetreide durchgeführt werden. Die Aussaat des Wintergetreides verhinderten die anhaltenden Regenfälle ab Mitte Oktober, so dass deren Prüfung nur im Keimpflanzenstadium erfolgte. Aus den Ergebnissen des Klimakammer- und Feldtestes können Rückschlüsse auf den Resistenztyp gezogen werden. Als altersresistent werden Genotypen bezeichnet, die im Feld partielle Resistenz (Bonitur 1-4) zeigen.

Winterweizen und Winterhartweizen

Mit den zur Verfügung stehenden Isolat konnten bei den Prüfungen im Keimlingsstadium die Resistenzgene *Lr3bg*, *Lr28*, *Lr26*, *Lr30* und *LrW* identifiziert werden, welche nicht mehr wirksam sind. Auf Grund der Ergebnisse der Klimakammerprüfung lassen sich mit den Pathogen-Isolat die Sorten im Keimlingsstadium folgenden Reaktionsgruppen zuordnen:

Reaktion	Zugelassene Sorten (%) n = 98	Wertprüfungsstämme (%) n = 102
Resistent gegenüber allen Isolat	12	35
Differentielle Wirkung je nach Isolat (anfällig bzw. resistent)	33	32
Anfällig gegenüber allen Isolat	55	33

Die Ergebnisse zeigen, dass der Züchtungsfortschritt bereits im Keimlingsstadium deutlich erkennbar ist, da die Zahl der voll resistenten Stämme gegenüber den im Anbau befindlichen Sorten deutlich zugenommen hat. Es ist bislang nicht eindeutig zu klären, welche Resistenzgene in den Stämmen verwendet wurden. Mit den vorhandenen Differentialisolat kann dieser Nachweis nicht erbracht werden.

Wintertriticale

Gegenüber den verwendeten Braunrostisolat erwiesen sich 15 der Triticalesorten und 21 der Triticalestämme als resistent. Nur die Sorten 'Trimaran', 'Lupus' und 'Bellac', die auch im Feld als anfällig gelten, wurden von allen Isolat befallen. Ebenso sind vier der Wertprüfungsstämme

als anfällig einzustufen. Differentielle Befallsmuster traten nicht auf, so dass keine Resistenzgene identifiziert werden konnten.

Winterspelzweizen

Von den 7 Spelzweizensorten ist nur die Sorte 'Ceralio' im Keimlingsstadium resistent.

Sommerweizen und Sommerhartweizen

Insgesamt wurden 26 Genotypen geprüft. Von den zugelassenen Sorten besitzen 'Picolo' und 'Passat' sowohl Keimlings- als auch mäßige Altersresistenz (Bonitur 4). Resistenz nur im adulten Stadium kommt auch noch bei den Sorten 'Lavett', 'Taifun' und 'Eminent' vor. Die beste Bonitur (2) erhielt ein neuer Zuchtstamm, der eine vollständige Resistenz zeigte. Der Hartweizen wurde von Braunrost in allen Feldtests befallen (Bonituren 3 bis 7).

Sommertriticale

Die vier Sommertriticale-Genotypen besaßen eine gute Altersresistenz (Bonituren 2 bis 3), ihre Keimlingsresistenz war jedoch gering ausgeprägt.

Abstract:

Altogether 200 genotypes of winter wheat, 1 of winter durum wheat, 44 of winter triticale, 9 of winter spelt wheat, 23 of spring wheat, 3 of spring durum wheat and 4 of spring triticale were tested for their resistance to *P. triticina*. In 2003 all winter types could only be tested in the growth chamber. The field test of spring cereals provided additional information about the resistance reaction at adult stages.

In winter wheat the resistance genes *Lr3bg*, *Lr26*, *Lr30* and *LrW* could be identified using the available leaf rust isolates. All of these genes are not effective anymore. There is an increasing frequency of genotypes with high resistance at the seedling stage, but no information on the genes involved could be gathered as no differentiating isolates are available. In spring wheat two cultivars were resistant both at the seedling and adult stage.

Fourteen cultivars and strains of winter triticale were completely resistant in the growth chamber. Four cultivars, however, proved to be susceptible ('Trimaran', 'Piano', 'Lupus' and 'Bellac'). In spring triticale the genotypes tested had field scores between 2 and 3.

Spelt wheat was susceptible at the seedling and adult stage and is assumed to carry no resistance genes with the exception of the new winter cultivar 'Ceralio' that was completely resistant at the seedling stage. In spring durum wheat the three cultivars showed varying levels of resistance (scores from 3 to 7).

In Zusammenarbeit mit: BBA Braunschweig, G. Bartels; Bundessortenamt Hannover

(BAZ-2303)

2.2 Verbesserung der Resistenz gegen den Erreger des Braunrostes (*Puccinia triticina*) in Weizenformen des ökologischen Landbaus, Einkorn (*Triticum monococcum*), Emmer (*T. dicoccon*) und Dinkel (*T. I*)

Improving the resistance to the agent of brown rust (*Puccinia triticina*) in wheat species cultivated in ecological agriculture, einkorn wheat (*Triticum monococcum*), emmer wheat (*T. dicoccon*) and spelt wheat (*T. spelta*)

Lind, V.

Zielsetzung/Aim:

Das Projekt zielt auf die Selektion von Einkorn-Linien mit prähaustorieller Resistenz, von Emmer-Linien mit unspezifischer partieller Resistenz und von resistenten Dinkel-Linien mit unterschiedlich ausgeprägter Resistenz ab, welche einerseits direkt im ökologischen Landbau genutzt werden können und andererseits nach genetischer Analyse in der Resistenzzüchtung Verwendung finden können.

The project aims at the selection of einkorn wheat lines with prehaustorial resistance, of emmer lines with partial resistance and of spelt wheat lines with different types of resistance. Resistant genotypes can be directly grown in eco-farming systems and can be used in breeding programmes after detailed analysis of genetics of resistance.

Ergebnisse:

Der Schwerpunkt der Untersuchungen lag bei Einkorn (*Triticum monococcum*) und der Selektion von Genotypen mit ausgeprägter prähaustorieller Resistenz (PHR). Durch

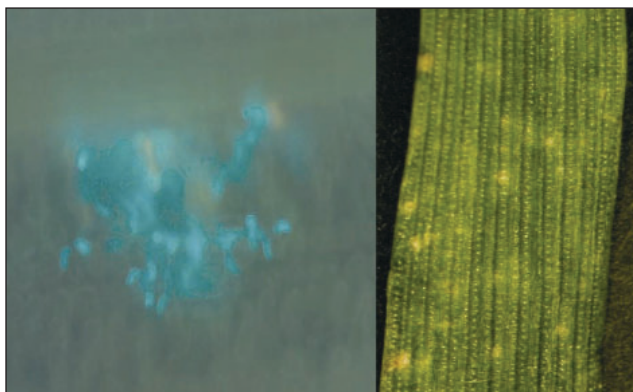


Abb. 1: Bei geringer Ausprägung der prähaustoriellen Resistenz von Einkorn (*Triticum monococcum*) werden im Blatt zahlreiche Infektionsstrukturen des Pilzes gebildet (links). Die Chlorosen und Nekrosen auf der Blattoberfläche (rechts) zeigen, dass die Pflanze Abwehrreaktionen entwickelt

Fig. 1: Expressing a low level of prehaustorial resistance within the leaves of Einkorn wheat (*Triticum monococcum*) the fungus develops numerous infection structures (left). Chloroses and necroses on the leaf surface show that the plant activated defence mechanisms

ein mehrstufiges mikroskopisches und makroskopisches Selektionsverfahren unter Verwendung von Fluoreszenzfärbung (Abb. 1) und Auszählung der Haustorienmutterzellen (HMZ) konnten aus ursprünglich 340 Einkorn-Akzessionen 13 Genotypen mit prähaustorieller Resistenz isoliert werden. Nach Inokulation mit Braunrost zeigen sie keine oder nur extrem geringe Reaktionen, so dass die Blattfläche völlig befallsfrei erscheint (Abb. 2). Die Übertragung dieser Resistenz in *T. aestivum* und *T. durum* könnte zu einer wesentlichen Verbesserung der Resistenzsituation führen, da ein derartiger Resistenztyp in der Züchtung dieser Arten nicht verwendet wird.



Abb. 2: Prähaustorielle Resistenz bei Einkorn (*Triticum monococcum*). Links: Im Blattgewebe werden keine Infektionsstrukturen entwickelt. Rechts: Auf der Blattoberfläche sind deshalb keine Krankheitssymptome zu sehen

Fig. 2: Prehaustorial resistance of Einkorn wheat (*Triticum monococcum*). Left: Within the leaf tissue no infection units are formed. Right: No disease symptoms can be recognized on the leaf surface

Abstract:

The investigations were focused on Einkorn wheat (*T. monococcum*) and the selection of genotypes with prehaustorial resistance (PHR). By macroscopic and microscopic selection including determination of the number of haustorium mother cells (HMC), out of 340 accessions analysed 13 expressed PHR. After inoculation with brown rust these genotypes did not show any or hardly any symptoms. Transferring this type of resistance may also enhance resistance in *T. aestivum* and *T. durum*.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hohenheim, Landes-saatzuchtanstalt, Dr. C. I. Kling

(BAZ-2306), finanziert durch Bundesprogramm Ökologischer Landbau, Forschungsvorhaben 02OE028

2.3 Erarbeitung von Resistenzprüfmethoden und Selektion von resistentem Ausgangsmaterial bei der Wirt/Pathogenkombination Weizen/*Pyrenophora tritici-repentis*

Development of resistance screening methods and selection of resistant material in the host/pathogen combination wheat/*Pyrenophora tritici-repentis*

Kopahnke, D.

Zielstellung/Aim:

Pyrenophora tritici-repentis kommt insbesondere in weizenreichen Fruchtfolgen bei pflugloser Bodenbearbeitung eine besondere Bedeutung zu. Ziel dieser Untersuchungen ist es durch die Evaluierung genetischer Ressourcen Resistenzquellen als Basis zur Entwicklung wirksamer Resistenz in Sorten zu identifizieren. Notwendige Prüfmethoden zur Evaluierung von Weizenherkünften werden entwickelt und erprobt.

Tan spot is a widely spread disease on wheat in Germany especially in cases in which wheat is followed by wheat without ploughing. The project aims at the detection of resistant genetic resources being the basis for the development of effective resistance in wheat cultivars. Screening methods are developed and improved.

Ergebnisse:

Von befallenen Blattproben aus Ungarn, Tschechien, Russland und Deutschland wurden 2002/2003 insgesamt 19 Isolate gewonnen und auf ihre Aggressivität an einem Sortiment anfälliger Winterweizen untersucht. Die aggressivsten Isolate wurden für Resistenzprüfungen mit Einzelisolaten im Keimpflanzenstadium herangezogen und für die Zusammenstellung eines Isolategemisches (10 Isolate) für eine künstliche Feldinokulation genutzt, welche mittels beimpfter Haferkörner durchgeführt wurde.

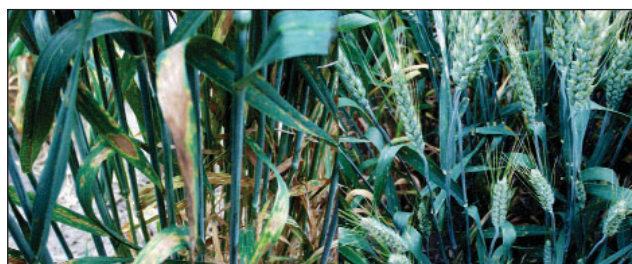


Abb. 1: Resistenzprüfung mit dem Erreger der Blattdürre des Weizens *Pyrenophora tritici-repentis* (links: anfälliger Genotyp, rechts: resistenter Genotyp)

Fig. 1: Resistance test for tan spot caused by *P. tritici-repentis* (left: susceptible genotype, right: resistant genotype)

Es wurden in diesem Jahr 64 Akzessionen der Weizengenenbank Gatersleben in zweifacher Wiederholung auf Resistenz gegen *P. tritici-repentis* evaluiert und im Rahmen einer deutsch/ungarischen Zusammenarbeit bei 50 zugelassenen ungarischen Sorten zusätzlich der Befall mit *Blume-*

ria graminis und *Puccinia triticina* im Freiland bewertet (Abb. 1). Hinsichtlich des Befalls mit *P. tritici-repentis* und Braunrost war ein hoher Befallsdruck vorhanden.

Die Mehrzahl der ungarischen Sorten war gegenüber dem Erreger der Blattdürre hoch anfällig. Mit den resistenten Sorten GK Holló und GK Margit wurden Kreuzungen zur genetischen Analyse der *P. tritici-repentis* Resistenz durchgeführt. Mehrjährig geprüfte Akzessionen der Weizengenenbank mit einem Befall $\leq 10\%$ wurden für genetische Untersuchungen untereinander und mit anfälligen Sorten gekreuzt. Die F₂-Populationen werden 2004 mit einem aggressiven Isolat unter klimatisierten Bedingungen analysiert.

Abstract:

19 isolates collected in Hungary, Czech Republic, Russia and Germany were tested for virulence and the most virulent ones were used for seedling tests and field tests. 64 wheat accessions of the IPK and 50 Hungarian cultivars were tested in the field using artificial inoculation and in growth chamber experiments. Resistant Hungarian lines GK Holló and GK Margit were crossed to carry out genetic analyses of *P. tritici-repentis* resistance. F₂ plants derived from crosses of wheat accessions having expressed resistance in replicated trials will be analysed in 2004.

In Zusammenarbeit mit: A. Graner, IPK Gatersleben, Genbank; M. Csösz, Cereal Research non-profit Company, Szeged, Ungarn

(BAZ-2336)

2.4 Entwicklung eines nationalen Evaluierungsprogramms pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide (EVA II)

Development of a national evaluation programme for plant genetic resources of cereals (EVA II)

Kusterer, A.; Schliephake, E.; Ordon, F.

Zielsetzung/Aim:

Um pflanzengenetische Ressourcen in der Resistenzzüchtung besser zu nutzen, ist es Ziel des Projektes, ein Netzwerk zur Evaluierung von Getreide aufzubauen. Hierzu gehört neben der Evaluierung von Weizen- und Gerstenformen an mehreren Standorten bei Züchtungsunternehmen die Entwicklung eines einheitlichen Bonitursystems und der Aufbau eines dynamischen Informationsnetzwerkes für die Erfassung, Auswertung und Bereitstellung der Daten, damit der Züchtung ein leichter und schneller Zugang zu resistentem Material ermöglicht wird. Neben der phänotypischen Evaluierungen wird eine zusätzliche Charakterisierung mittels molekularer Marker angestrebt.

In order to support the use of plant genetic resources in resistance breeding the project aims at the development of a network for the evaluation of cereals. For this purpose

wheat and barley genotypes are evaluated in different locations, a standardized scoring system is developed and a dynamic information system facilitating efficient scoring, analyses and distribution of data thereby providing an easy and fast access to resistant germplasms for breeders. Besides phenotypic analysis, molecular markers are employed.

Ergebnisse:

Im Jahr 2003 wurden die Evaluierungen der Weizen- und Gerstensortimente in Aschersleben sowie bei den beteiligten Partnern fortgeführt, wobei bedingt durch den Witterungsverlauf in der Saison 2002/03 einerseits eine starke Auswinterung auftrat und andererseits für einzelne Pathogene aufgrund der Witterungsverhältnisse im Sommer keine Krankheitsbonituren durchgeführt werden konnten.

Tab. 1: Ergebnisse der molekularen Charakterisierung im Hinblick auf Braunrostresistenzgene. In Klammern: Anzahl der Genotypen mit dem positiven Markerallel

Table 1: Results for the molecular characterisation with respect to leaf rust resistance genes. In brackets: number genotypes with the positive marker allele

Resistenzgen	Anzahl Genotypen	Standards
Lr 9	87 (1)	1 (1)
Lr 10	240 (90)	1 (1)
Lr 19	94 (0)	1 (1)
Lr 24	105 (0)	2 (2)
Lr 37	155 (28)	1 (1)

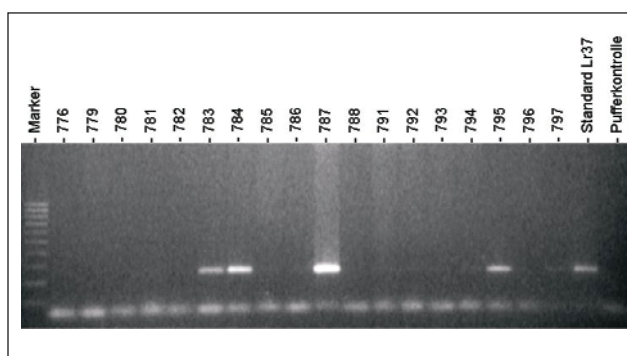


Abb. 1: Nachweis des *Lr37* spezifischen Allels in verschiedenen Weizengentypen, Marker: 100 bp, Fragment: 260 bp

Fig. 1: Detection of the *Lr37* specific allele in different wheat genotypes, marker: 100 bp, amplification product: 260 bp

Zur Unterstützung der Evaluierungen im Feld konnten im Labor molekulare Marker für die Braunrostresistenzgene *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24* und *Lr37* etabliert werden. Bei der molekularen Charakterisierung wurde bisher in keinem Genotyp das für *Lr19* oder *Lr24* spezifische Allel nachge-

wiesen, während das für *Lr9* spezifische in einem Genotyp detektiert wurde. Die für *Lr10* und *Lr37* spezifischen Allele konnten dagegen in zahlreichen Genotypen identifiziert werden (Tab. 1, Abb. 1).

Abstract:

Evaluation of genetic resources started in 2001 was continued. However, many genotypes were lost in 2002/03 due to winter killing and some diseases could not be detected due to the hot and dry summer. Besides this, molecular markers linked to leaf rust resistance genes *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24* and *Lr37* were established. First results are shown in Table 1.

In Zusammenarbeit mit: ZADI, GFP

(BAZ-2308; gefördert durch das BMVEL)

3. Bakterien Bacteria

3.1 Epidemiologische und Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen System *Pelargonie/Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* Epidemiological and resistance studies on the host/pathogen-system *Pelargonium/Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*

Richter, K.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Projektes war es unter Nutzung des Wildartensortimentes der *Pelargonium*-Genbank Elsner pac Jungpflanzen Dresden, *Pelargonium*-Genotypen mit Resistenz gegen *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (Xhp) als Basis für die Züchtung resistenter Kulturpelargonien zu identifizieren sowie eine effiziente Inokulationsmethode für Sämlingspopulationen zu entwickeln.

The aim of this project is the development of an efficient test system and the identification of *Pelargonium* genotypes with resistance to *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (Xhp) being the basis for breeding resistant *Pelargonium* cultivars. For these investigations the *Pelargonium* species of the genebank Elsner pac Jungpflanzen Dresden were evaluated.

Ergebnisse:

Nach Identifikation toleranter Wildarten wurde im Rahmen der Arbeiten eine effektive Prüfmethode zur Selektion von Sämlingspopulationen erarbeitet, da in frühen Entwicklungsstadien die sonst verwendete Auftropfinokulation nicht angewendet werden kann. In diesem Zusammenhang war auch die optimale Keimdichte der Erregersuspension neu zu bestimmen.

Dabei erwies sich die Inokulation im Drei-Blatt-Stadium mit Hilfe einer kontaminierten Mäusezahnpinzette (Abb. 1)



Abb. 1: Zur Inokulation des Welkeerregers wurde jedes Blättchen zehnmals mit einer Mäusezahnpinzette verletzt

Fig. 1: Inoculation by clipping (ten times) with contaminated mouth tooth forceps



Abb. 2: Ermittlung der optimalen Keimdichte an der anfälligen Standardsorte Bergpalais: Keimdichten 1×10^4 , 1×10^5 u. 1×10^6 (Inokulation mittels Mäusezahnpinzette)

Fig. 2: Determination of the optimal concentration of the bacterial suspension (plants were inoculated by mouth tooth forceps)

unter Verwendung einer Keimdichte von 1×10^6 bei der stark anfälligen Sorte Bergpalais als sehr effizient (Abb. 2). Bei der Erprobung der Testmethode im Gewächshaus traten zwischen den Sämlingen deutliche Unterschiede in der Symptomausprägung auf (Abb.3). Durch differentielle Inokulationen von Sämlingen einer Kreuzung mit den Isolaten Xhp 1 (93/135/1a-s) und nachfolgender Prüfung der resistenten Genotypen mit dem Isolat Re 3-R-92-s konnten von 123 Genotypen 14 symptomlose Pflanzen identifiziert werden, die momentan mit Hilfe der Aufropfinokulation getestet werden.

Abstract:

For testing resistance of a seedling population to *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* an effective inoculation method based on clipping (ten times) with contaminated mouth tooth forceps was developed with an optimal inoculum of 1×10^6 cfu/ml. By this procedure out of 123 seedlings tested with two different isolates 14 remained symptomless and are now tested by drop inoculation.



Abb. 3: Bei der Überprüfung der Methode im Gewächshaus zeigten sich deutliche Befallsunterschiede zwischen den Sämlingen

Fig. 3: Clear differences in the symptom development could be observed by using the test in the glasshouse

In Zusammenarbeit mit: Elsner pac Jungpflanzen, M. Kadolsky

(BAZ-2328; gefördert durch das Sächsische Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft)

3.2 Virulenzanalyse und Selektion von Genotypen des Obstes mit Resistenz gegen Bakterien Analysis of virulence and selection of fruit genotypes with resistance to bacteria Richter, K.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Projektes ist die Selektion von Apfelsorten und -zuchtstämme mit dauerhafter Resistenz gegen *Erwinia amylovora*, den Erreger des Feuerbrandes. Dazu sind jährlich Isolate von *E. amylovora* aus verschiedenen Regionen zu sammeln und hinsichtlich ihrer Virulenz zu untersuchen. Ein Gemisch mehrerer hoch virulenter Isolate wird zur Resistenzbewertung eingesetzt. Nach Triebinfektion im Gewächshaus werden resistente Formen selektiert. Die Blütenanfälligkeit von Obstgehölzen wird im Freiland getestet.

The project aims at the selection of apple cultivars and -breeding lines with resistance to fire blight (*Erwinia amylovora*). Isolates of *E. amylovora* from different regions are collected and tested for virulence each year. A mixture of highly virulent strains is used for resistance testing. After shoot infection in the glasshouse resistant plants are selected. The blossom susceptibility is tested in the field.

Ergebnisse:

Im Rahmen der „Strategie zur Bekämpfung des Feuerbrandregers im Obstbau ohne Antibiotika“ werden Virulenzanalysen bei *Erwinia amylovora* durchgeführt und die Resistenz von Zuchtmaterial bestimmt. In einer Virulenzanalyse wurden in diesem Jahr 29 *Erwinia amylovora*-Stämme untersucht. Dabei erwiesen sich drei Isolate von *Pyrus* und *Crataegus* aus Baden-Württemberg als die virulentesten (s. Tabelle). Diese wurden für Testungen von Apfelgehölzen aus dem Institut für Obstzüchtung Dresden verwendet und auch an andere Einrichtungen (BBA Darmstadt, Landesanstalt für Pflanzenschutz Stuttgart) verschickt.

Isolat	Befall (%) an			Wirt	Herkunft
	Idared	Prima	ZS 181		
534	90,9	16,5	21,5	Crataegus	Niedersachsen, 2000
556	79,1	21,0	16,9	Cydonia	Schweiz, 2000
586	53,9	16,2	16,1	Pyrus	Sachsen-Anhalt, 2002
608	92,9	33,9	45,8	Pyrus	Baden-Württemberg, 2002
609	100,0	60,4	58,5	Crataegus	Baden-Württemberg, 2002
610	96,4	40,7	49,6	Crataegus	Baden-Württemberg, 2002
619	50,6	2,4	0,5	Crataegus	Sachsen-Anhalt, 2002
620	74,5	46,7	11,6	Pyrus	Bayern, 2002

Die Sorten ‘Reanda’, ‘Rene’ und ‘Rewena’ bestätigten ihre Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Feuerbrandregger. Im direkten Vergleich der Wildformen *Malus x robusta* Nr. 5 (5,3 % Befall) und *M. x robusta* var. *persicifolia* (11,8 %) bestätigten sich die Ergebnisse der vergangenen Jahre. Hier scheinen verschiedene Resistenzmechanismen wirksam zu sein. Während bei *M. x robusta* Nr. 5 nur drei von 27 inokulierten Trieben erkrankten, davon aber einer vollständig, waren bei *M. x robusta* var. *persicifolia* 17 der 28 inokulierten Triebe infiziert, mit einem mittleren Befall von 19,4 %. Bei *Malus fusca* ist keiner der 36 getesteten Triebe erkrankt. Auch *M. baccata* erwies sich als extrem resistent gegenüber dem Feuerbrandregger.



Abb. 1: Testung der Feuerbrandanfälligkeit von *Malus sieversii* im Gewächshaus

Fig. 1: Evaluation of fire blight susceptibility of *Malus sieversii* in the glasshouse

Im Rahmen eines Projektes der Genbank Obst Gatersleben zur Diversität und Resistenz bei *Malus sieversii* wurden 284 verklonte Sämlinge mit je ca. 8 Trieben getestet (Abb. 1). Dabei war die Feuerbrandanfälligkeit normal verteilt und reichte von 1 % bis 100 %.

Die Vermutung, dass das starke Feuerbrandaufreten in den Versuchsanlagen in Dresden-Pillnitz in diesem Jahr durch Steptomycin-resistente Stämme verursacht wurde, konnte nicht bestätigt werden.

Abstract:

29 *Erwinia amylovora* isolates were tested in a virulence test. Three isolates from Baden-Württemberg, isolated from *Pyrus* and *Crataegus* turned out to be most virulent and were selected for the inoculum mixture.

The cultivars ‘Reanda’, ‘Rene’ and ‘Rewena’ confirmed their high fire blight resistance. In *Malus robusta* Nr. 5 only three of 27 inoculated shoots were attacked whereas in *M. r.* var. *persicifolia* 17 of 28 shoots became diseased. Besides this, *Malus fusca* and *Malus baccata* turned out to be resistant. In a joint project with the IPK *Malus sieversii* was analysed and susceptibility ranged from 1 % to 100 %.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Obstzüchtung Dresden-Pillnitz, Dr. Peil; Genbank IPK Gatersleben, Dr. Geibel

(BAZ-2323)

4. Molekulare Markeranalyse Molecular Marker Analysis

4.1 Molekulargenetische Charakterisierung von Krankheitsresistenzen bei Kultur- und Wildgersten

Molecular characterization of disease resistance in cultivated and wild barley

Krämer, I.; Habekuß, A.; Ordon, F.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Vorhabens ist es im Rahmen der Evaluierung und züchterischen Nutzung von Genbankmaterial in zunehmenden Maße molekulare Marker zu nutzen. Den Schwerpunkt des Projektes bilden die Identifizierung, Lokalisierung und Kartierung neuer wirksamer Resistenzgene gegen Viren und pilzliche Krankheitserreger sowie die Entwicklung entsprechender Marker für eine markergestützte Selektion.

The project aims at the implementation of molecular markers into the evaluation of genetic resources and use of respective resistances in breeding. The project focuses on mapping and development of easy to handle markers suited for marker based selection with respect to fungal and viral diseases of barley.

Ergebnisse:

Aus 2000 Herkünften der Wintergerstenkollektion der Genbank Gatersleben konnten 14 mit guten Toleranzeigenschaften gegenüber *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) identifiziert werden. Markeranalysen zeigten, dass die BYDV-Toleranz dieser Genotypen sowie der Sorte 'Post' sehr wahrscheinlich nicht auf dem bisher bekannten, toleranzvermittelnden *Ryd2*-Gen basiert.

In ersten Untersuchungen wurde eine 86 DH-Linien umfassende Population der Kreuzung 'Post' x 'Vixen' analysiert, um bereits identifizierte QTL in unabhängigen Versuchen zu verifizieren und deren Einsatzmöglichkeiten in der praktischen Züchtung abzuschätzen (Abb. 1). Für alle ermittelten Ertragsstrukturparameter sowie die Halmlänge,



Abb. 1: Phänotypische Charakterisierung der DH-Population nach künstlicher Infektion mit BYDV im Gazezelt

Fig. 1: Phenotypic characterisation of the DH lines after artificial infection with BYDV

welche relativ zu nicht infizierten Pflanzen der gleichen DH-Linie erfasst wurde, zeigte sich eine Normalverteilung. Durch Genotypisierung mit den jeweiligen QTL-flankierenden Markern konnte ein signifikanter Einfluß dieser QTL auf die BYDV-Toleranz bestätigt werden (Abb. 2, Abb. 3).

Abstract:

Out of 2000 winter barley accessions of the IPK genebank tested, 14 were identified with a high level of tolerance to BYDV. Molecular marker analyses revealed that tolerance of these genotypes as well as of 'Post' is most likely not due to *Ryd2*.

In a first study 86 DH-lines of the cross 'Post' x 'Vixen' were analysed in order to verify previously identified QTL and get information about their usefulness in plant breed-

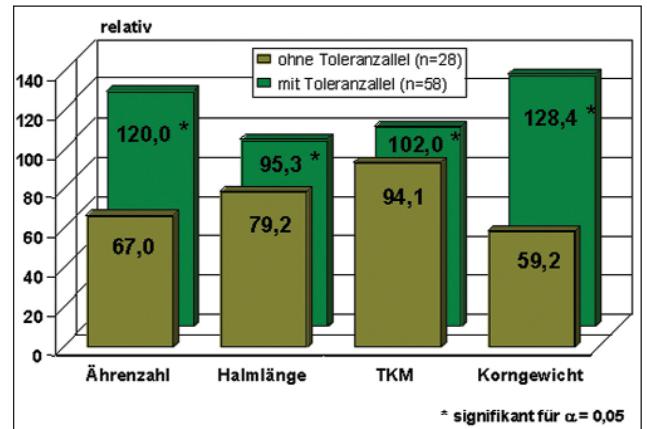


Abb. 2: Relative Merkmalsausprägung der DH-Linien der Population 'Post' x 'Vixen' in Abhängigkeit des QTL auf Chromosom 3H (Genotypisierung mit YlpPCR)

Fig. 2: Relative performance of DH lines of the population 'Post' x 'Vixen' depending on the QTL on chromosome 3H (genotyping carried out with YlpPCR)

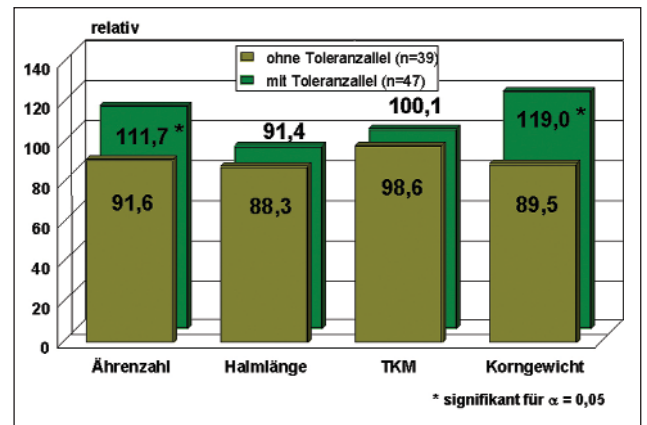


Abb. 3: Relative Merkmalsausprägung der DH-Linien der Population 'Post' x 'Vixen' in Abhängigkeit des QTL auf Chromosom 2HL (Genotypisierung mit HVCSG)

Fig. 3: Relative performance of DH lines of the population 'Post' x 'Vixen' depending on the QTL on chromosome 2HL (genotyping carried out with HVCSG)

ing. For plant height, yield and yield components estimated relative to healthy plants of the same DH-line a Gaussian distribution was observed. Genotyping of these lines with respective QTL-flanking markers revealed a significant influence of these QTLs on BYDV tolerance.

(BAZ-2335)

4.2 Entwicklung molekularer Marker zur Differenzierung von Genotypen der Haferblattlaus (*Rhopalosiphum padi*) und Evaluierung der Aphidenresistenz von Gerstenformen sowie der Übertragung des *Barley yellow dwarf virus* (BYDV)
Development of molecular markers for the differentiation of genotypes of *Rhopalosiphum padi* and evaluation of the aphid resistance of barley genotypes and *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) transmission

Leistner, H.-U.; Schliephake, E.; Habekuß, A. Ordon, F.

Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe molekularer Marker soll die genetische Diversität natürlicher Populationen von *Rhopalosiphum padi* erfasst werden. Auf der Grundlage dieser Ergebnisse wird die Reaktion der Blattlausgenotypen auf verschiedenen Gerstengenotypen sowie die Übertragungseffektivität des BYDV überprüft. Ziel der Untersuchungen ist eine Optimierung der Evaluierungsmethode zur Blattlausresistenz und Virustoleranz durch Verwendung definierter Klone sowie eine bessere Kenntnis der Reaktion evaluierter Gerstenherkünfte im Hinblick auf die natürlichen Blattlauspopulationen.

The project aims at the estimation of genetic diversity of natural occurring populations of *Rhopalosiphum padi* by molecular markers. Based on these results the reaction of defined aphid genotypes on barley cultivars of different levels of tolerance will be evaluated as well as the BYDV-transmission efficiency. The aim of these investigations is an optimization of the method for evaluation of aphid resistance and virus tolerance by using well defined clones as well as a better knowledge about the reaction of evaluated barley genotypes to natural occurring aphid populations.

Ergebnisse:

Die AFLP-Methode konnte bei Blattläusen etabliert werden. Der Einsatz von 14 ausgewählten Primern ergab insgesamt 914 Fragmente mit einem Polymorphiegrad von 93,1 %. Basierend auf diesen Daten wurde die genetische Ähnlichkeit zwischen 0,31 bis 0,81 bestimmt. In einer mit diesen Daten durchgeführten UPGMA-Clusteranalyse werden die Klone im wesentlichen entsprechend ihrer geographischen Herkunft gegliedert. (Abb. 1). Ein Hauptcluster wird von der Mehrheit der deutschen Klone gebildet, das zweite von russischen und neuseeländischen Klonen.

Aus der großen Anzahl der im Screening eingesetzten Primerkombinationen konnten 3 Primer selektiert werden, welche nahezu identische Stammbäume ergeben wie unter Einbeziehung aller verwendeten Primer. Durch Kombination der 3 ausgewählten Primer, die bei zukünftigen Untersuchungen zur Ermittlung der genetischen Diversität von natürlichen Blattlauspopulationen sowie deren Dynamik eingesetzt werden, ergab sich eine Matrixkorrelation von $r = 0,88261$.

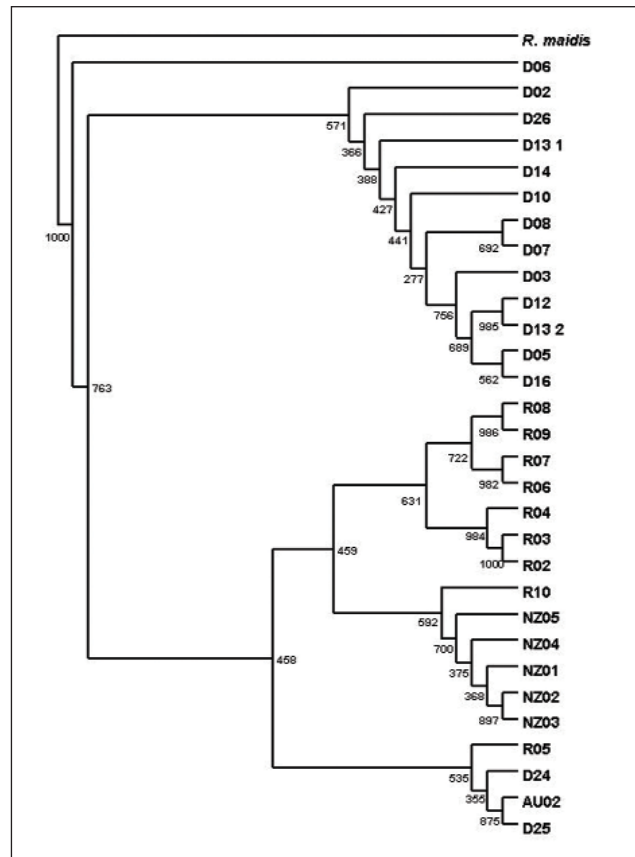


Abb. 1: AFLP-UPGMA Cluster von 30 *R. padi*-Klonen und *R. maidis* (die Zahlen geben die bootstrap-Wahrscheinlichkeiten für $n = 1000$ an)

Fig. 1: AFLP-UPGMA-cluster of 30 *R. padi*-clones and *R. maidis* (numbers represent bootstrap probabilities for $n = 1000$)

Abstract:

The AFLP technique was established in aphids. Using 14 selected primer combinations resulted in 914 fragments with a level of polymorphism of 93,1 %. Genetic similarity was estimated between 0.31 and 0.81. Based on these data UPGMA cluster analysis was carried out and clones were mainly grouped according to geographic origin (Fig. 1). Out of these tested primer combinations 3 with the best correlation coefficient ($r = 0,88261$) to data obtained on all 14 primers were selected for further experiments to detect genetic diversity of natural occurring aphid populations.

(BAZ-2334)

Genbank

Gene Bank

Braunschweig

Im Jahre 2002 veröffentlichte das BMVEL das „Nationale Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen“. Ein wesentliches Ziel des Fachprogramms besteht in der Förderung einer nachhaltigen Sicherung und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen in kosteneffizienter und wissenschaftlich abgesicherter Weise. Das Fachprogramm beschreibt den entsprechenden Handlungsbedarf sowie für die Umsetzung des Programms erforderliche Maßnahmen.

Für die Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen stehen zwei grundsätzliche verschiedene Verfahren zur Verfügung: die *Ex-situ*-Erhaltung und die Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen in den natürlichen Lebensräumen der Arten und Populationen *in situ* oder im Fall domestizierter oder gezüchteter Arten in der Umgebung, in der sie ihre besonderen Eigenschaften entwickelten (*on farm*). Beide Verfahren besitzen Vor- und Nachteile. Das BMVEL ist daher bestrebt eine integrierte und in ihrer Wirkung komplementäre Erhaltungsstrategie für die Bundesrepublik Deutschland in Kooperation mit anderen Ressorts der Bundesregierung zu entwickeln. Um dieses Ziel erreichen zu können, war zunächst eine Neuordnung der Zuständigkeiten für das Management pflanzengenetischer Ressourcen notwendig. In Abschnitt 5.2.2. des nationalen Fachprogramms wird deshalb die Eingliederung der Genbank der BAZ am Standort Braunschweig in die Genbank des IPK in Gatersleben empfohlen. Im Gegenzug erhielt die BAZ Zuständigkeiten für Fragen des *In-situ*- und *On-farm*-Managements. In enger Abstimmung mit dem BMBF und BMVEL begannen bereits im Jahre 2002 die beiden großen deutschen Genbanken für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturarten mit der Umsetzung dieser Empfehlung. Mit Ausnahme der *Ex-situ*-Sammlungen für Obst und Reben ist das Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) im Geschäftsbereich des BMBF nunmehr für die gesamte bundeszentrale Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen verantwortlich. Mit der Übertragung des Saat- und Pflanzgutbestandes der BAZ Genbank am Standort Braunschweig (Abb. 1) auf die Genbank am Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) leistete die BAZ im Jahr 2003 einen wichtigen Beitrag zur Aufgabenentflechtung. Parallel zur Abwicklung der BAZ Genbank am Standort Braunschweig übernahm die Braunschweiger Arbeitsgruppe bereits im Verlauf des Jahres 2003 beratende Funktionen im Bereich des *In-situ*- und *On-farm*-Managements pflanzengenetischer Ressourcen.

Neben diesen nationalen Pflichten wird die Arbeitsgruppe in Braunschweig weiterhin mit Partnern auf der europäischen und internationalen Ebene kooperieren. Die Braunschweiger Genbank wurde in den 1980er Jahren vom European Co-operative Program for Crop Genetic Resources Networks (ECP/GR) mit dem Aufbau und dem Betrieb zentraler und fruchtartspezifischer Datenbanken für *Avena* und *Beta*-Rüben betraut. Auf der Grundlage der vorhandenen Systeme entwickelte die BAZ Genbank die European *Avena* Data Base (EADB) und die International *Beta* Data Base (IDBB) zu komplexen Informationssystemen, die u. a. zur Identifikation von Duplikaten im europäischen oder internationalen Sammlungsbestand dienen können. Von



Abb. 1: Transfer der Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen nach Gatersleben

Fig. 1: Transfer of the plant genetic resources collection to Gatersleben

den ungefähr 6 Millionen weltweit in Sammlungen gelagerten Muster pflanzengenetischer Ressourcen gelten mehr als 50 % als Duplikate. Seit mehr als 15 Jahren bemüht sich das ECP/GR einen Rationalisierungsprozess einzuleiten, der zu einem effizienteren Genbankmanagement durch die Identifikation von Duplikaten in europäischen Sammlungen führen soll. Diesen Prozess unterstützt die BAZ-Genbank durch die Entwicklung eines generischen Datenmodells für Central Crop Databases (CCDBs). Im Bereich der Passportdaten wurden Datenbankmodule geschaffen, die erstens eine automatisierte Suche nach Duplikaten anhand von Passportdaten ermöglichen und zweitens ECP/GR Arbeitsgruppen bei der Organisation der Erhaltungsverantwortung für Muster unterstützen können. Die Verbesserung der Dokumentation und Bereitstellung von Evaluierungs- und Charakterisierungsdaten durch die EADB und IDBB war und ist ein weiteres, wichtiges Ziel. Nach Auffassung der BAZ-Genbank sollten zentrale fruchtartspezifische Datenbanken von jenen Institutionen zu internationalen Expertensystemen für genetische Ressourcen entwickelt werden, die über ein besonderes Interesse an der Erforschung und Nutzung genetischer Ressourcen der betreffenden Gattungen besitzen und über eine entsprechende Expertise verfügen. Im Rahmen der europäischen Zusammenarbeit können CCDBs den European Internet Search Catalogue (EURSICO) für Passportdaten zu pflanzengenetischen Ressourcen, der vom ECP/GR in Rom unterhalten wird, ergänzen, indem sie Informationen aus unterschiedlichen nationalen Datenbanken und Evaluierungsprojekten zusammenführen, harmonisieren und zentral Nutzern anbieten.

In the year 2002 the BMVEL published the National Expert Program for the Conservation and Sustainable Use of Plant Genetic Resources of Agricultural and Horticultural Crops. A substantial goal of the expert program consists in the promotion of a sustainable conservation and use of plant genetic resources in a more cost efficient and scientifically sound way. The expert program describes the appropriate actions as well as the measures required for the implementation of the program. Two distinct procedures are available for the conservation of plant genetic resources: *ex situ* collections and the maintenance of plant genetic resources in the natural habitats of the species and populations *in situ* or in the case of domesticated or bred crop species in the environment, in which they developed their special characteristics (on-farm). Both procedures possess pro and cons. The BMVEL therefore endeavours to develop an integrated and complementary conservation strategy for the Federal Republic of Germany in co-operation with other Ministries of the Federal Government. In order to be able to achieve this goal, first a re-organisation of the competencies for the management of plant genetic resources was necessary. Section 5.2.2. of the national expert program recommends the integration of the gene bank holding of the BAZ at the location Braunschweig into the gene bank of the IPK in Gatersleben. In exchange the BAZ received competencies for aspects of *in situ* and on-farm management.

In close co-ordination with the BMBF and BMVEL the two large German gene banks for agricultural and horticultural crops began with the re-organisation of their *ex situ* collections according to the agreement already in the year 2002. With the exception of the *ex situ* collections for fruit and grape vines the Institute for Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) in the division of the BMBF is now fully responsible for the entire federal central plant genetic resources holding. With the transmission of the seed and planting material of the BAZ Gene Bank at the location Braunschweig (Fig. 1) to the IPK genebank in the year 2003 the BAZ contributed significantly to the reorganisation. Parallel to works required to shut down of the BAZ gene bank collection at the location Braunschweig the working group assumed some advisory functions in the field of *in situ* and on-farm management of plant genetic resources already in the year 2003.

In addition to these national duties the working group at Braunschweig will continue to co-operate with partners at the European and international level. The gene bank at Braunschweig was entrusted in the 1980ies years by the European Co-operative Program for Crop Genetic Resources Network (ECP/GR) with the development and operation of central and crop specific data bases for *Avena* and

Beta. On the basis of the existing systems the BAZ gene bank developed the European *Avena* Data Base (EADB) and International *Beta* Data Base (IDBB) to complex information systems which inter alia can assist in the identification of duplicated accessions in the European or international holding. Of the approximately 6 million samples of plant genetic resources stored in collections worldwide more than 50 % are considered as duplicates. Since more than 15 years the ECP/GR strives to initiate a rationalisation process, which is to lead to a more efficient collection management in Europe. The BAZ Gene Bank supports this process by the development of a generic data model for Central Crop Databases (CCDBs). In the field of the passport information data base modules were created, which firstly allow an automated search for duplicates and secondly can support ECP/GR working groups in the organisation of the maintenance responsibility for accessions within a network of decentralised germplasm holdings. The improvement of the documentation and supply of evaluation and characterisation data by the EADB and IDBB was and is a further important goal. In the opinion of the BAZ Gene Bank Central Crop Specific Databases should be developed by those institutions to international expert systems for genetic resources, which are specifically interested in the study and use of genetic resources of the species concerned and which have an appropriate expertise. In the context of the European co-operation CCDBs will supplement the European Internet Search Catalogue (EURISCO), a system for passport data on plant genetic resources, which is maintained by the ECP/GR in Rome, by bringing together and harmonising information from different national data bases and evaluation projects. By doing so they will become the main information systems for the community of germplasm collection users.

1. Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen Collection of plant genetic resources

1.1 Erhaltung und Austausch pflanzengenetischer Ressourcen

Conservation and exchange of plant genetic resources

Frese, L.; Dölle, A.; Kroh, M.; Meckelmann, A.

Zielsetzung/Aim:

Weltweit gehen pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft verloren. Genbanken sammeln und reproduzieren deshalb Saat- und Pflanzgut von Kulturarten und damit verwandter Wildarten. Bis zum Jahr 2003 leistete die BAZ Genbank einen Beitrag zur Ex-situ-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen im Rahmen der internationalen Arbeitsteilung. Mit dem Transfer der gesamten Sammlung kommen diese Arbeiten zum Abschluss (siehe Abschnitt 2.1). Im Interesse der internationalen Nutzergemeinschaft nimmt die BAZ Genbank am Standort Braunschweig bis zu ihrer endgültigen Schließung Anfragen nach Material und Informationen entgegen und leitet diese an die IPK-Genbank weiter.

World-wide plant genetic resources for food and agriculture are being lost. For that reason genebanks collect and reproduce seed and planting material of crops and related wild species. Until the year 2003 the BAZ Gene Bank contributed to the preservation of plant genetic resources in the context of the international task sharing. With the transfer of the whole collection these activities are coming

to an end. In the interest of the international user community the BAZ Gene Bank at Braunschweig will accept requests for germplasm and information and will forward them to the IPK genebank until the definite shut down.

Ergebnisse:

Die routinemäßige Regeneration und Vermehrung des Materials endete im Verlauf des Jahres 2002 wegen der beschlossenen Überführung der Sammlung in den Bestand der IPK-Genbank. Lediglich projektgebundene Vermehrungen für das EU-Projekt *Daucus* (GENRES CT99 105) und EVAII (BAZ-2308) fanden statt.

Tab. 1: Abgabestatistik der Genbank (Anzahl Muster)
Table 1: Exchange statistic of the gene bank (number of samples)

Jahr	Gesamt	Inland	Ausland
1985-1995	95484	49690	45794
1996	7115	4043	3072
1997	8166	5037	3129
1998	5460	3495	1965
1999	8017	4559	3458
2000	4939	3074	1865
2001	6156	5072	1084
2002	4345	3397	948
2003	308	15	293
Summe	139990	78382	61608

Im Verlauf des Jahres 2003 informierte die Genbank Nutzer über die geplante Schließung der Braunschweiger Einrichtung. Infolgedessen nahm die Nachfrage nach Informationen und Material weiter ab. Zu verzeichnen waren 18

Anfragen verbunden mit 12 Saatgutabgaben, davon 8 an ausländische Nutzer. An 4 inländische Institutionen bzw. Personen gab die Genbank 15 Saatgutproben und an 8 ausländische Interessenten 293 Muster ab (Tab. 1).

Abstract:

The merger of the BAZ and IPK genebank collection was finished this year. The BAZ Gene Bank stopped the seed increase program. The number of germplasm and information requests dropped to 18 for information and/or germplasm in 2003. The gene bank sent 15 accessions to users in the inland and 293 accessions to users abroad.

In Zusammenarbeit mit: IPK Genbank, Gatersleben, A. Börner

(BAZ-8001)

**1.2 Charakterisierung und Evaluierung
Characterisation and evaluation**

Einleitung:

Die BAZ Genbank vermehrte und charakterisierte im Jahr 2003 im Rahmen von EVA II (Deutsches Netzwerk für die Evaluierung von Getreide auf Krankheitsresistenz) 42 Muster Sommergerste und 13 Muster Sommerweizen. Für die Saatguterzeugung im Jahr 2004 wurden im Herbst 2003 fünfundsiebzig Muster Wintergerste und 51 Muster Winterweizen im Feld angebaut. Sie beteiligte sich darüber hinaus am Screening auf Resistenz gegen pilzliche Schaderreger der Gerste und des Weizens. Am Standort Braunschweig-Völkenrode wurde zu diesem Zweck ein Feldversuch in dreifacher Wiederholung mit 90 Prüfgliedern Sommergerste und 49 Prüfgliedern Sommerweizen und nach Befallsbeginn an drei aufeinander folgenden Terminen bonitiert (siehe Bericht des Instituts für Epidemiologie und Resistenz zum Projekt BAZ-2308). Umfangreiche und detaillierte Evaluierungsarbeiten bei *Avena* werden in nachstehend näher erläutern Projekten durchgeführt.

**1.2.1 Evaluierung und Optimierung der *Avena*-Sammlungen zur Erweiterung der genetischen Basis der Qualitäts- und Resistenzzüchtung bei *Avena*
Evaluation and enhancement of *Avena* collections for extensification of the genetic basis of *Avena* for quality and resistance breeding**

Germeier, C.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Projektes ist die Charakterisierung und Evaluierung von europäischen *Avena sativa* und *Avena byzantina* Landsorten. 800 bis 1000 Genbankmuster sollen innerhalb des Projektes vermehrt, charakterisiert und evaluiert werden. Der Beitrag der BAZ Genbank besteht in der Beteiligung an der Bereitstellung von Mustern, in der Mitwirkung an den Charakterisierungs- und Evaluierungsarbeiten im Feld sowie in der Entwicklung einer zentralen Projektdatenbank und der Internetpräsentation des Projekts.

Goal of the project is to characterise (primary descriptors) and evaluate (secondary descriptors, disease resistance and protein content) *Avena sativa* and *Avena byzantina* landraces of European origin. 800 to 1000 oat accessions will be multiplied, characterised, evaluated and made available for use. The BAZ Gene Bank contributes to the following work: supply of accessions, characterisation and evaluation in the field, development of a project database, and development and update of the internet site of the project.

Ergebnisse:

Im Jahr 2003 wurden 488 Evaluierungspartellen angelegt. Die Vermehrungsaktivitäten waren bereits im Vorjahr abgeschlossen. Die Versuchsanlage erfolgte wie in den Vorjahren an fünf europäischen Standorten als „augmented design“ (Wolfinger et al. 1997) mit 20 Standardsorten, die in vierfacher Wiederholung integriert wurden. Es handelt sich dabei um die Sorten Auteuil, Avalanche, Banquo, Cravache, Evora, Flega, Fringante, Hironde, Cassandra, Manod, Manoire, Mantoise, Pallini, Pol, Radius, Revisor, Rhea, Selma, Sirene und Tomba.

Tab. 1: Einige agronomisch wichtige Eigenschaften und ihre Ausprägung bei Akzessionen und Standard-sorten

Table 1: Some agronomic relevant traits and their expression in accessions and standard cultivars

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
	Erectophil			Planophil						
	Wuchsform im Jugendstadium									
Note	1.0-3.5			4.1-6.1			6.5-9.0			
Acc.	23	22	130	72	61	44	35	11	6	404
	11 Standards: Tomba, Pol Revisor, Radius..			6 Standards: Selma Pallini...			Evora Kassandra			
	Haltung des Fahnenblatts									
Note										
Acc.	39	15	2	46	37	94	4	54	113	404
	Radius Mantoise Rhea			10 Standards: Revisor, Pallini...			6 Standards: Evora Kassandra			
	Rispen-schieben, Tage nach Aussaat									
Note	56-66			67-77			78-88			
Acc.	6	50	110	160	32	25	15	5	1	404
	15 Standards: Rhea Flega, Radius, Tomba..			Fringante Banquo Manod...			Evora Kassandra			
	Ertrag (dt/ha)									
Note	2.2-16.4			16.4-30.7			30.8-45.0			
Acc.	6	18	55	110	113	82	18	3	1	406
	Kassandra			16 Standards: Pol, Radius, Tomba, Pallini...			Revisor Hironde Selma			

408 Genbankmuster aus 29 europäischen Ländern waren in den Versuch einbezogen, wobei das Vereinigte Königreich (118 Muster), Frankreich (82), Griechenland (32), Polen (26) und Österreich (19) die größten Anteile stellten. Der Anbau erfolgte nach Leguminosenzwischenfrucht ohne Düngung, Pflanzenschutz oder Bewässerung. Geringe Bestandesdichte und Exaktsaat (Reihenabstand 25 cm, Pflanzenabstand 5 cm) wurden entsprechend des Protokolls zur Registerprüfung eingesetzt. Es werden 20 Charakterisierungs- und 13 Evaluierungsmerkmale erhoben. Die Bestockung schwankte bei den Standardsorten zwischen 4.3 und 6.5 Trieben, bei den Akzessionen zwischen 3.3 und 7.3. Lager trat infolge der Witterung überwiegend nur in geringem Umfang auf. Einige pflanzenbaulich relevante Merkmale und die Verteilung der Akzessionen und Standards zeigt Tab. 1. Erektophiler oder planophiler Wuchstyp bestimmt die Beschattung und das Unkrautunterdrückungsvermögen. Moderne Sorten zeigen eher den erektophilen Typ mit geringerer Beschattungswirkung und besserer Lichtausnutzung. Die Erträge waren trockenheitsbedingt gering. Von den Standardsorten erreichten Hironde, Selma und Revisor mit 33 dt/ha die besten Erträge.

Dokumentation von Bildern

Im Rahmen einer Praktikumsarbeit wurde eine Anwendung für die Online-Abfrage von Bildern aus dem GENRES-Projekt entwickelt (Abb. 1). Diese steht unter <http://eadb.bafz.de/pictures> zur Verfügung.



Abb. 1: Online Abfrage von Bildern aus dem Projekt GENRES CT99 106

Fig. 1: Online query of pictures from the project GENRES CT99 106

Abstract:

408 landraces from 29 European countries, primarily from UK, France, Greece, Poland and Austria were characterised (20 descriptors) and agronomically evaluated (13 descriptors).

In Zusammenarbeit mit: Agricultural University of Athens, A. Katsiotis; Institute of Grassland and Environmen-

tal Research, Aberystwyth, U.K., M. Legget; INRA, Clermont-Ferrand, Frankreich, J. Koenig; NGB, Alnarp, Schweden, M. Veteläinen

(BAZ-8008)

1.2.2 Anbauversuch mit alten Hafersorten

Field trial with old and modern oat varieties at different spacing and nurse crops

Germeier, C.

Zielsetzung/Aim:

Moderne Hochleistungssorten sind auf die Bedingungen des intensiven Anbaus hin optimiert. Unter den Bedingungen des ökologischen Landbaus muss der den Kulturpflanzen verfügbare Stickstoff durch Leguminosenanbau im Betrieb selbst erwirtschaftet werden. Hafer steht in der Regel im abtragenden Fruchtfolgeglied, eine Klee- oder Klee-graseinsaat bietet sich auch im Hinblick auf das in der Fruchtfolge i. d. R. nachfolgende Klee-gras an. Im Hinblick auf die Förderung der Untersaat und des Stickstoffmanagements ist hier auch eine ungewöhnliche Bestandesführung, wie die Weitreihentechnik, interessant. In den Versuchen soll untersucht werden, wie moderne und alte Hafersorten (insbesondere sog. „Weitraumformen“) unter solchen Gesichtspunkten einzuschätzen sind.

Modern cultivars are generally optimised for intensive cropping systems. In organic farming all nitrogen available in the cropping system has to be fixed within the farm by legumes in the crop rotation. Herbicides are not available. Oats normally stand in the finishing position of the crop rotation. Intercropping with clover or grass-clover ley is feasible with respect to a following grass clover ley. For the promotion of the intercrop and with respect to nitrogen economy, unusual cropping practices as the wide row technique gain interest. The experiments are implemented to evaluate modern cultivars and old varieties or landraces in respect to such cropping practices.

Ergebnisse:

Die Anbausysteme entsprachen den im Jahr 2001 verwendeten (Normalsaat 12.5 cm Reihenabstand, weite Reihe 25 cm bei halbiertem Bestandesdichte/gleichem Pflanzenabstand in der Reihe, mit und ohne Untersaat einer Kleemischung). Allerdings konnte sich die Untersaat aufgrund der extremen Trockenheit nicht entwickeln. Tabelle 1 stellt die untersuchten Genotypen, Tabelle 2 die Ergebnisse der Jahre 2001 und 2003 vergleichend gegenüber.

In beiden Untersuchungsjahren dominierten stark die Genotypwirkungen, während Auswirkungen der Anbausysteme sowie die Wechselwirkungen nur gering sind. Dies zeigt, dass die Haferspflanze in hohem Maße in der Lage ist, auch größere Unterschiede in Aussaatdichte und Standardmaßung zu kompensieren.

Tab. 1: In den Anbauversuchen verwendete Sorten
Table 1: Cultivars selected for the experiments

Versuchsjahr	2001	2003
Vergleichssorte	Radius	Radius
Alte Sorten	Anderbecker Weiß	Anderbecker Weiß
		Carstens IV
	Fichtelgebirgshafer	Fichtelgebirgshafer
		Krajovace Zdiaru
	Lueneburger Kley	
	Kleykoenig	Mahndorfer Früh
	Stormogul	Stormogul

Der Feldaufgang lag zwischen 67 % und 92 %. Auf die Bestockung zeigte sich in 2001 eine deutliche Sortenwirkung und schwach signifikant die Wirkung des Anbausystems, im Trockenjahr 2003 hingegen nur eine schwach signifikante Wirkung des Anbausystems. Dennoch war die Bestockung in 2003 generell hoch (5,6-6,3 Triebe). In 2001 wurde dieses Niveau nur vom stark bestockenden Stormogulhafer erreicht, der auf Konkurrenz durch höhere Bestandesdichte und Untersaat, im Gegensatz zu den anderen Genotypen (signifikante WW) eher mit Steigerung als Verminderung der Bestockung reagiert. Während dieser Schwarzhafer einen mehr liegenden Wuchs aufweist, entwickeln sich alle übrigen Sorten mehr erektophil.

Die Bestandeshöhe ist stark von der Sorte und vom Wasser- und Nährstoffangebot abhängig (2001: 77-107 cm, 2003: 65-90 cm). Die moderne Sorte Radius ist generell deutlich niedriger als die meisten alten Sorten. Allerdings zeigt auch Carstens IV einen ausgesprochen niedrigen Wuchs. Neben Radius ist auch Stormogul über die Jahre hinweg relativ wenig lageranfällig, obwohl er in feuchten Jahren mit die höchsten Bestände erbringt.

Im Ertrag dominieren Radius und Fichtelgebirgshafer II auf einem relativ geringem Niveau von knapp 30 dt/ha in 2003. Diese Genotypen erreichen auch das höchste TKG (32-37g). Im Trockenjahr 2003 ist der bereits in den 1940er Jahren erwähnte Fichtelgebirgshafer II sogar signifikant überlegen, da er sein TKG von 37g halten kann, während Radius gegenüber 2001 von 35 auf 33 g zurückfällt. Dies verhält sich entsprechend für das Hektolitergewicht.

Abstract:

A modern cultivar (Radius) was evaluated in comparison to six landraces or obsolete cultivars. The year 2003 was characterised by extraordinary dry weather giving an opportunity to monitor drought effects on the cultivars in relation to seed density and row distance. Cultivar effects largely dominated compared to the cropping effects or interactions. Fichtelgebirgshafer II, a genotype mentioned already in the late 1940ies competes well with Radius, a

modern cultivar in yield, thousand grain weight and test weight in these extensive cropping systems especially in the dry year.

Tab. 2: Faktorwirkungen und Rangfolgen der Sorten im Anbauversuch

Table 2: Factor effects and rank of cultivars in regard to several agronomic important traits

Faktorwirkungen				
Jahr	System	Sorte	WW	
Felddaufgang				
01	n.s.	***	n.s.	R >= S >= K, A, F
03	n.s.	**	n.s.	C >= M, R, A, F >= S, Z
Bestockung				
01	*	***	*	(S > A, K, F, R)
03	*	n.s.	n.s.	Keine Differenzierung
Wuchshabitus im Jugendstadium				
01	n.s.	***	n.s.	S > K, A, F, R
03	n.s.	***	*	S > F, A, Z, C, M, R
Bestandeshöhe				
01	n.s.	***	n.s.	A, F, K, S > R
03	n.s.	***	n.s.	M, A, Z, F > S > C, R
Lager				
01	n.s.	***	n.s.	K, A, F > R, S
03	n.s.	***	n.s.	M, Z > F, A, C, R, S
Ertrag				
01	n.s.	***	n.s.	R > F, A, S >= K
03	n.s.	***	n.s.	R, F >= C >= Z >= A, M >= S
TKG				
01	n.s.	***	n.s.	F, R >= K >= A > S
03	n.s.	***	*	F > R > Z > M > A > C, S
Hektolitergewicht				
01	n.s.	***	n.s.	R, F, A >= K > S
03	***	***	n.s.	F > R, C > A > Z, M > S
Keimfähigkeit des Ernteguts				
01	n.s.	***	n.s.	R A >= F, K >= S
03	n.s.	***	n.s.	C, A, M, R, F, Z > S

(BAZ-8011)

2. Documentation und Controlling Documentation and Controlling

Einleitung:

Mit der Verlagerung der *Ex-situ*-Sammlung an das Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) tritt auch die Arbeitsgruppe Datenmanagement in eine Phase der Neuorientierung ein. Hierbei tritt die Arbeit an den internationalen Fruchtartendatenbanken sowie an Datenmanagementlösungen für Projekte zur Charakterisierung und Evaluierung genetischer Ressourcen zunehmend in den Vordergrund.

2.1 Aufbau einer bundeszentralen *Ex-situ*-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig Sammlungsdatenbank

Establishment of a federal central *ex situ* genebank for agricultural and horticultural crops: merger of the genebanks of IPK and BAZ Braunschweig

Germeier, C.; Semmler, K.; Adler, A.; Reddig, M.

Zielsetzung/Aim:

Mit der Fusion der beiden Genbanken am Standort Gatersleben ergibt sich die Notwendigkeit der Integration der an beiden Standorten vorhandenen Datenbestände. Für die bundeszentrale Genbank gilt es, ein Informationssystem zu erstellen, das modernen Standards der Informationstechnologie und des Managements genetischer Ressourcen genügt und interne Managementaufgaben effektiv unterstützt. Dem Nutzer aus Wissenschaft und Praxis sollen mit GBIS umfangreiche Recherchemöglichkeiten online zur Verfügung gestellt werden.

With the merger of the two German gene banks the necessity arises, to integrate the existing databases. A new central documentation system has to be developed which adopts modern standards of information technology and management of genetic resources. It has to support internal management processes and to provide users from science and practice with comfortable online search possibilities.

Ergebnisse:

Zur Unterstützung des Projektmanagements, wurde durch das Braunschweiger Projektteam eine web-basierte Dokumentations- und Kommunikationsplattform bereitgestellt (<http://gbis.bafz.de>), die den Entscheidungs- und Entwicklungsprozess für alle beteiligten Gruppen trotz der räumlichen Distanz auch kurzfristig nachvollziehbar macht. Die Beschaffung der am Standort Braunschweig erforderlichen Hard- und Software (Oracle 9i Datenbank und Application Server) ist abgeschlossen. Alle Systeme arbeiten produktiv im Entwicklungsbetrieb.

Die Überführung der Braunschweiger Genbank-Muster an das IPK ist fristgerecht abgeschlossen. Eine hierfür entwickelte Java-Anwendung zur barcode-gestützten Registrierung der Saatgutproben hat sich im Dauereinsatz bewährt.

Im Berichtsjahr beteiligte sich die BAZ-Genbank an der Entwicklung der GBIS-Konzeption und erarbeitete einen Vorschlag für die Systemarchitektur, der den Einsatz eines Java Application Servers beinhaltet. Für die Entwicklung von Anwendungen wurde eine 3-schichtige Architektur zur Diskussion gestellt (Abb. 1) und der Einsatz der Java 2 Enterprise Edition (J2EE) sowie der J2EE Design Patterns vorgeschlagen.

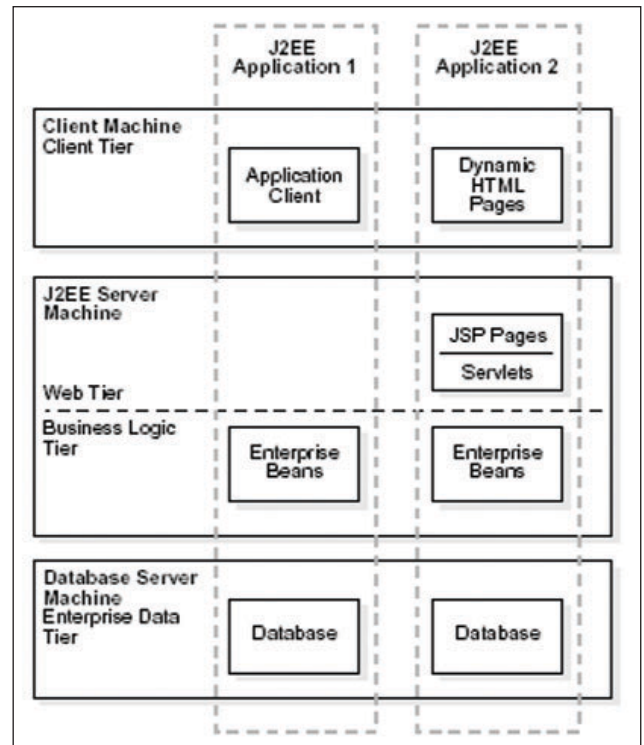


Abb. 1: Vorgeschlagene Systemarchitektur

Fig. 1: Suggested system architecture

Die Entwicklung der bisher erstellten (vorläufigen) GBIS-Teilanwendungen (BAZ Genbank: primär die Saatgut-transfer-Anwendung plus einige J2EE-Prototypen) erfolgte in zwei Teams an beiden Standorten. Ein eingerichteter Bereich zur Datenmodellierung auf der gemeinsamen Arbeitsplattform im Internet dient zur Dokumentation der Zuordnung der Braunschweiger Genbank zu den GBIS-Daten. In Braunschweig wird an einer Anwendung zur Transformation der vorhandenen Braunschweiger Daten in das (vorläufige) GBIS-Datenmodell gearbeitet.

Abstract:

BAZ Gene Bank takes part in the development of a new documentation system for the future central gene bank. The genebank has developed a web-based documentation and communication platform to assist the decision finding and development process and has started to develop an application required to transform the characterisation and evaluation data stored in the BAZ Gene Bank information system prior to the data transfer into the new GBIS.

In Zusammenarbeit mit: IPK Genbank, Gatersleben, H. Knüpffer, J. Vorwald, S. Flemming

(BAZ-8010)

2.2 Internationale Datenbank für *Beta* (IDBB) International Database for *Beta* (IDBB)

Frese, L.; Germeier, C.

Zielsetzung/Aim:

Die IDBB soll für Nutzer aus Wissenschaft und Züchtungspraxis umfassende und leicht zugängliche Informationen zu Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten zur Verfügung stellen. Im Vordergrund der diesjährigen Arbeiten standen Pflege und Fehlerbereinigung der PHP-Anwendung. Darüber hinaus wurden die Evaluierungsdaten aus dem abgeschlossenen Projekt GENRES CT95 42 mit Hilfe der Datenbank weiter ausgewertet.

The IDBB should provide scientific users and practical breeders with comprehensive and easily accessible passport, evaluation and characterisation information. This year work was concentrated on maintenance and debugging of the PHP application. In addition evaluation data of the closed project GENRES CT95 42 was further assessed.

Ergebnisse:

Eine überarbeitete PHP-Anwendung der IDBB wurde über ZADI-IBV Nutzern zur Verfügung gestellt. Durch Zuordnung von Mustern mit Resistenzboniturnoten von 1 oder 2 (1 = sehr gering befallen) zu Taxa, Ursprungsland und Fundort konnten insbesondere bei den Wildformen Areale identifiziert werden, in denen wirtschaftlich wichtige Eigenschaften vorkommen. Zurzeit ist noch unklar nach welchen Kriterien künftig *In-situ*-Schutzgebiete in Europa für Arten auszuwählen sind. Neben Merkmalen wie Populationsgröße könnten auch bekannte, nützliche Eigenschaften als Auswahlkriterien dienen.

Tab. 1: Nutzbare Variation bei *Beta*. Farblich hervorgehoben ist die Anzahl an Populationen innerhalb eines Taxons mit einer Resistenzbewertung von 1 oder 2

Table 1: Useful variation in *Beta*. The number of accessions with resistance scores of 1 or 2 are highlighted with a colour

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
Ireland	132	1							1	
France	132		2		1	2	4		1	1
	135	5	1							
	136		2							
	120	1								
	132	2				3	1			1
Spain	110				1					
	132						1			2
	134	2	1							
	410	1		1					1	
	420	1		1					2	1
	430	7	1	7		1		1	7	

Tabelle 1 zeigt einen Auszug aus einer größeren Auflistung. Es ist zu erkennen, dass (Spalte B, Codierung 132) Areale in Irland, Frankreich und Spanien nutzbare Variation für BMVY (Spalte C), BYV (D), BNYVV (E), *Aphanomyces* (F), *Pythium* (G), *Rhizoctonia* (H), *Erysiphe* (I), *Cercospora* (J) und Trockentoleranz (K) beherbergen (Beispiel siehe Abb. 1).

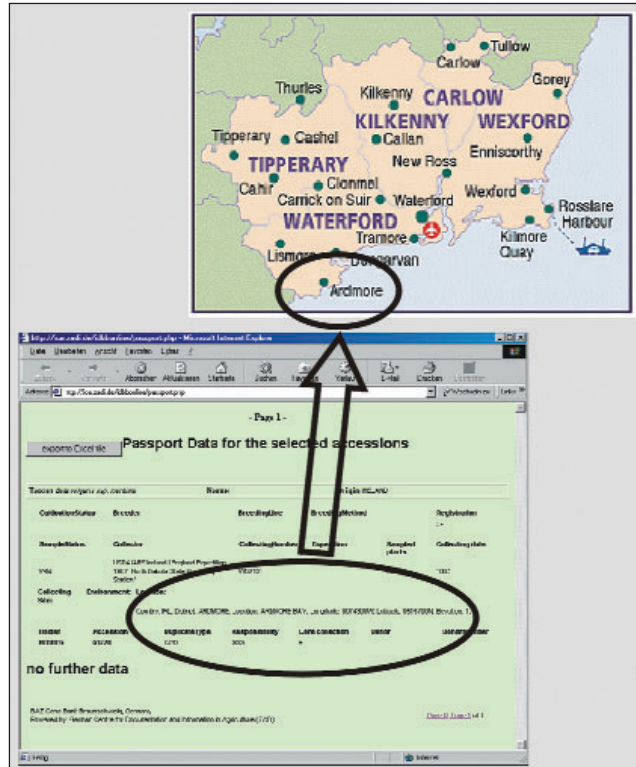


Abb. 1: Verweis von der IDBB auf ein Areal in Irland mit Variation für eine Resistenzeigenschaft

Fig. 1: Pointer of the IDBB to an area in Ireland harbouring variation of a resistance trait

Abstract:

An updated PHP-application was presented to users of the IDBB via ZADI-IBV. The IDBB can be used as a tool for selecting in situ protection areas for wild *Beta* species.

In Zusammenarbeit mit: ZADI-IBV, Bonn, G. Weber

(BAZ-8008)

2.3 Europäische Avena-Datenbank (EADB)
European Avena Database (EADB)
 Germeier, C.

Zielsetzung/Aim:

Wie die IDBB ist auch die EADB in ein Projekt des GENRES-Programmes eingebunden. Ziele und Notwendigkeiten der Weiterentwicklung entsprechen sich bei beiden Datenbanken. Im Vordergrund der Arbeiten an der EADB stand im Jahr 2003 die Implementierung und Durchführung einer computerunterstützten Duplikatsuche. Damit ist die Voraussetzung geschaffen für den Eintritt in die im Rahmen des ECP/GR-Programms angestrebte Teilung der Verantwortlichkeiten für die Europäischen Avena-Sammlungen. Für die Durchführung des Abstimmungsprozesses wurde eine herunterladbare Anwendung bereit- und zur Diskussion gestellt.

Like the IDBB the EADB is integrated in GENRES project activities. Aims and necessities for further development are mostly identical for both databases. Works in 2003 concentrated on implementation and application of computer assisted search for duplicate accessions in the collections. This is the precondition for initiating process of the sharing of responsibility which the ECP/GR programme is striving for. A downloadable application formalising necessary negotiation processes by genebank curators has been provided as a prototype for further discussion.

Ergebnisse:

Duplikatermittlung in der EADB

Die zugrundeliegende Konzeption der Generierung und Verwaltung originaler und harmonisierter Passportdaten für Duplikatgruppen, wie bereits im Jahresbericht 2002 beschrieben, wurde mit Access VBA in Anwendungslogik umgesetzt und zur Bearbeitung des gesamten Bestandes an Passportdaten in der EADB eingesetzt. Aufgrund der vorhandenen Daten ergab sich folgendes Bild (Tab. 1):

32.769 Akzessionen repräsentieren etwa 15122 Duplikatgruppen. 8131 Akzessionen sind dabei sehr unzureichend durch Passportdaten charakterisiert. Ihre Zuordnung zu 3227 Duplikatgruppen beruht auf identischen Passportdaten, steht aber unter dem Vorbehalt, dass diese zur Identifizierung der repräsentierten Genotypen nicht ausreichen. 17364 Akzessionen sind in 4223 mehr oder weniger ausreichend charakterisierten Duplikatgruppen repräsentiert. Besonders für alte Sorten (z. B. Svaloefs Oern) lassen sich bis zu 39 Akzessionen in verschiedenen europäischen Sammlungen finden, wobei die Sortennamen häufig in andere Sprachen übersetzt und möglicherweise auch in den betreffenden Ländern als eigenständige Sorten angebaut wurden (Eagle, Adler, Orel, Aigle, Adelaar, Oriol, Orloj). Zu 7273 Akzessionen wurden keine Duplikate gefunden.

Tab. 1: Verfügbarkeit identifizierender Angaben und Ausmaß der Duplizierung von in der EADB dokumentierten Mustern

Table 1: Status of information and duplication for accessions within the EADB

Akzessionen		"Genotypen" = Duplikatgruppen	
Gesamt	32.769		(15.122)
Schlecht dokumentiert: Keine Ursprungsangaben (Sammelort, Sammel- o. Zuchtstammnummer) und (Sorten-)Name - <i>Fehlend</i>	1558		(553)
- <i>Unspez.:</i> "Local", Art- und Gattungsnamen, "Deutscher Hafer", "Red Rustproof", "Jari Oves", etc.	4761		(958)
- <i>Ist Akzessionsnr.:</i> Pl., Cl., CAV., bloße Zahl	1812		(1716)
	8131		
Hinreichend definierte Duplikatgruppen			
>30 Akzessionen	142	<i>Oern, Guldregn, Seger, Condor</i>	4
>20-30 Akzessionen	481		20
>10-20 Akzessionen	3300		241
>5-10 Akzessionen	4574		600
>2-5 Akzessionen	4607		1228
2 Akzessionen	4260		2130
	17364		4223
"Unique" Akzessionen	7273		7273
	24637	Duplikation: 2.14 (= 53 %)	11496

Das Ausmaß der Duplizierung ist am größten (59 %) bei durch Sortennamen gekennzeichneten Mustern (Tab. 2), die gleichzeitig den größten Anteil in den Sammlungen ausmachen. Inwieweit Sortennamen für unabhängige Züchtungen mehrmals verwendet wurden, ist hierbei zu berücksichtigen und unklar. Nach den Regularien des International Code of Nomenclature for Cultivated Plants (1995) sollte es ausgeschlossen sein. Hingegen ist beispielsweise in der EU gängige Praxis der Anerkennungsbehörden, die Wiederverwendung von Sortennamen nach einer festgelegten Zeit zuzulassen (N. Green, pers. Mitt. 2001).

Tab. 2: Ausmaß der Duplizierung bei Identifizierung nach Sammelnummer, Sortennamen oder anderer Sammelinformationen

Table 2: Extent of duplication suggested by collecting number, accession name or other collecting information

Identifiziert durch	Akzessionen	Duplizierung	Gruppen
Sammelnummer	2220	1,24 (19 %)	1797
(Sorten-) Name	19500	2,45 (59 %)	7953
Nur Sammelort	2917	1,67 (40 %)	1746

Verbreiterung der Informationsbasis für Duplikatgruppen

Ein besonderer Vorteil des zugrundegelegten Datenbankkonzepts besteht darin, dass für verschiedene Muster einer Duplikatgruppe verfügbare Informationen aus verschiede-

nen Quellen zusammengeführt und harmonisiert werden können, wobei die Originalinformationen unangetastet bleiben (siehe Abb. 1). Informationen aus sekundären Quellen (Sortenliteratur) können hier mit hoher Effizienz allen Mustern einer Duplikatgruppe zugeordnet werden, wobei primäre (akzessionsspezifische) und sekundäre Information transparent unterschieden bleibt. Tabelle 3 zeigt, in welchem Ausmaß dadurch für unterschiedliche Gruppen von Passportdaten zusätzliche Informationen für die Einzelmuster erschlossen werden konnten.

Run-Time-Modul zur Unterstützung der Teilung von Verantwortlichkeiten

Auf der Grundlage der ermittelten Duplikatgruppen können nun Konzepte zur Unterstützung des „sharing of responsibilities“ implementiert werden (s. Abb. 1).

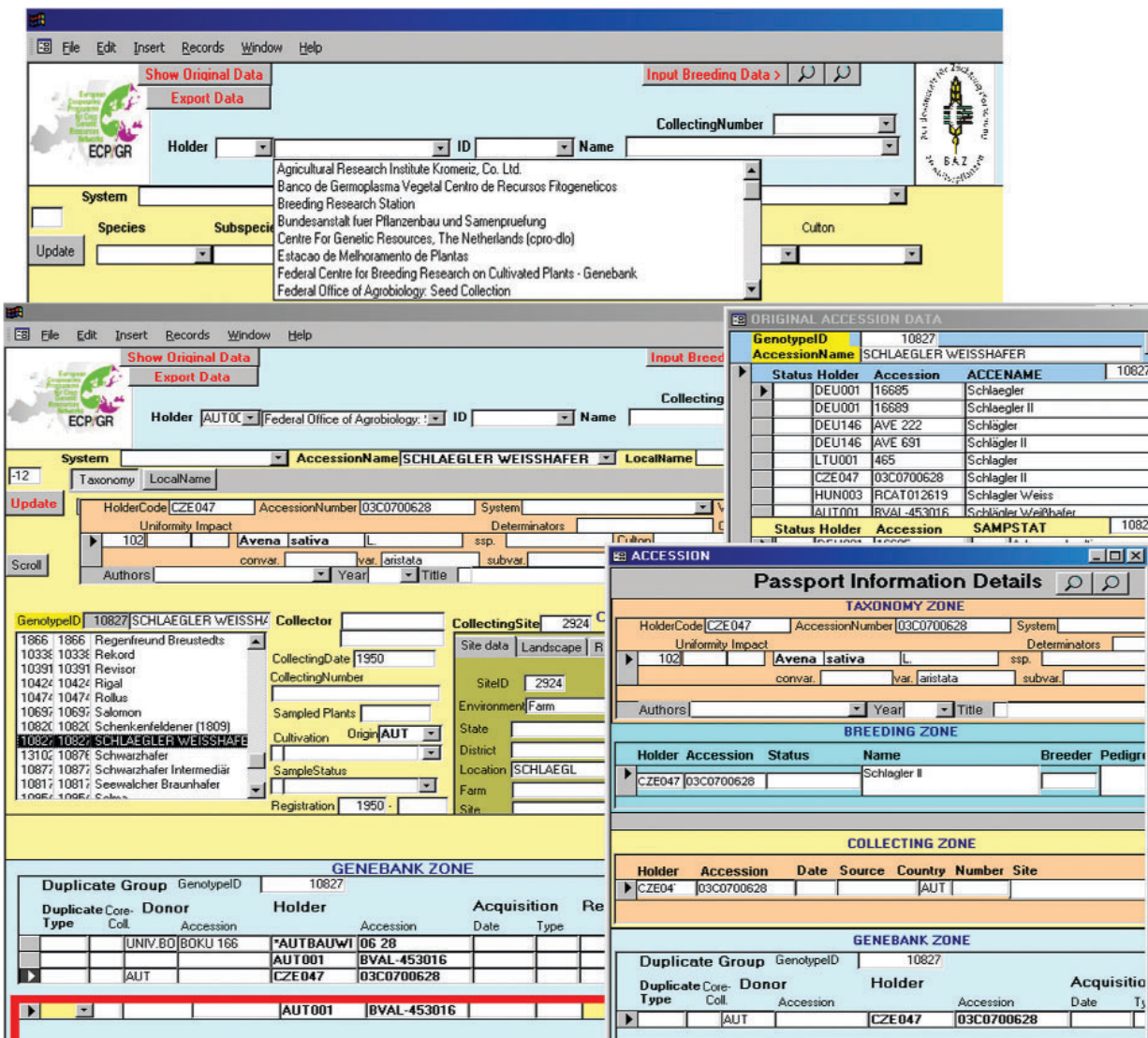


Abb. 1: Übersicht und Auswahl von Duplikatgruppen (weißes Listenfeld links) für die Muster der eigenen Sammlung (hier am Beispiel der österreichischen Genbank), Anzeige von aggregierten und harmonisierten Herkunftsdaten, von Akzessionsdaten sowie der originalen akzessionsspezifischen Multicrop Passportdaten (rechtes Fenster)

Fig. 1: Overview and selection of duplicate groups (white list field) of the accessions stored in the own collection (here demonstrated used the Austrian genebank as example), display of aggregated and harmonised origin data, accession data as well as the original accession specific multicrop passport data (right window)

Tab. 3: Gewinn an Passportinformationen durch Kombination von Informationen für verschiedene Akzessionen einer Duplikatgruppe

Table 3: Gain on passport information through compilation of information from different accessions within a duplicate group

Informationen verfügbar auf	Akzessionslevel	Level der Duplikatgruppe	
(Sorten-) Namen	15674	16889	+1215 (+8%)
Bearbeitungsstatus	14174	15903	+1729 (+12%)
Sammelnummer	341	697	+356 (+100%)
Sammeldatum, "Lebenszeit"	5990	14598	+8608 (+144%)
Ursprungsland	16386	17052	+666 (+4%)
Sammelort	2619	4082	+1463 (+56%)

Ein MS Access Runtime Modul für die Zuordnung des Status der Erhaltungsverantwortlichkeit durch die jeweiligen Kuratoren ist unter <http://www.fal.de/bgrc/eadb/avena.htm> verfügbar und kann auf Windows PC's ohne weitere Voraussetzungen installiert werden.

Der Nutzer wird zunächst aufgefordert, seine Institution auszuwählen und bekommt dann eine Auflistung aller Duplikatgruppen in einem Listenfeld angezeigt. Wählt er einen der Listeneinträge durch Klicken an, öffnet sich das Passportformular mit aggregierten und harmonisierten Daten für Herkunftsdaten (Taxonomie, Sammlung, Züch-

tung), die für die gesamte Duplikatgruppe gelten, im oberen Bereich. Akzessionsdaten der in verschiedenen Genbanken replizierten Muster werden tabellarisch im unteren Teil des Formulars (Genebank Zone) angezeigt (Abb. 1). Am unteren Rand und rot eingefasst sind die Akzessionsdaten für Akzessionen der ausgewählten Genbank. Hier soll der Kurator seine Einträge vornehmen bezüglich der vermuteten Originalität seiner Muster sowie zur Festlegung des Status der Verantwortlichkeit, die sein Institut für die Muster übernehmen will (Abb. 2). Unterstützend bietet die Anwendung die Möglichkeit, die originalen Passportdaten aller Duplikate sowie gezielt inkonsistente Originaldaten anzuzeigen.

Die Einträge können in eine nach der Akzessionentabelle der EADB formatierte Excel-Tabelle exportiert und dem EADB-Manager per Email zugeschickt werden, der sie in die Datenbank importiert.

Abstract:

Database concepts and applications have been developed and implemented for searching duplicates in the European *Avena* collections represented in the EADB. The extent of duplication was found to be about 50 % of the total European *Avena* collection. It is highest in accessions representing cultivars identified by cultivar names.

A downloadable application has been developed for assisting the sharing of responsibilities process for the European *Avena* genetic resources community.

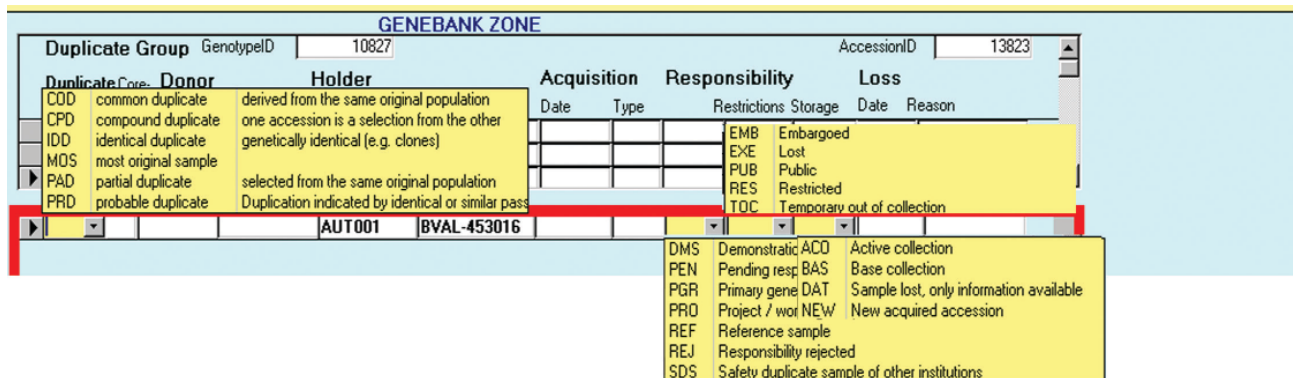


Abb. 2: Auswahlfelder zur Festlegung von Einschätzungen zur Originalität/Duplizierung und der Verantwortlichkeiten zur Erhaltung einer Akzession innerhalb der Duplikatgruppe

Fig. 2: Selection fields for tagging of assessments on the originality/duplication and the maintenance responsibility of an accession within a duplicate group

Institut für Obstzüchtung

Institute of Fruit Breeding

Dresden-Pillnitz

Das Institut für Obstzüchtung orientiert sich mit seinen Forschungszielen am Forschungsplan des BMVEL. Es trägt durch wissenschaftliche Leistungen dazu bei, die Hauptziele des BMVEL-Forschungsplanes im Bereich des gesundheitlichen Verbraucherschutzes, im Bereich der gesunden Ernährung und im Bereich einer nachhaltigen Landwirtschaft zu erreichen. Diese Ziele werden insbesondere durch die Evaluierung obstgenetischer Ressourcen und die Entwicklung von Obstsorten und -unterlagen für einen umweltschonenden Obstbau sowohl mit kontrollierter integrierter Produktion als auch mit ökologischer Produktion verfolgt. Im Vordergrund der Obstzüchtung stehen dabei die Resistenzzüchtung zur weiteren Minimierung des Pflanzenschutzmittelbedarfs, aber auch die Erhöhung der Qualitätseigenschaften des Obstes für den Verbraucher und die Verarbeitungsindustrie. Die Aufgaben des Instituts sind auch auf die Entwicklung von Züchtungsmethoden ausgerichtet, die es erlauben, die Effizienz der Selektion zu verbessern, die Resistenz des Zuchtmaterials gegenüber biotischen und abiotischen Schadfaktoren zu erfassen und zu verbessern und die Qualitätseigenschaften zu erhöhen.

Die Forschungskonzeption des Institutes beinhaltet eine Verknüpfung klassischer Methoden der Klonzüchtung mit Methoden der Zell- und Gewebekultur sowie mit molekularbiologischen und gentechnischen Verfahren. Als wesentliche Forschungsergebnisse für das Jahr 2003 sind dabei zu nennen:

Im Arbeitsgebiet Genomanalyse und markergestützte Selektionsverfahren beim Apfel gelang es, einen hochinformativen diagnostischen DNA-Marker für die *Vr*-Schorfresistenz aus dem „Russischen Sämling“ zu entwickeln. Zusammen mit einem bereits vorhandenen Marker für die *Vf*-Resistenz aus *M. floribunda* kann nun im Rahmen einer multiplexen PCR-Analyse ein sehr präzises Profil hinsichtlich der Allelzusammensetzung für Schorfresistenz eines Apfelsämlings erstellt werden. Fortschritte wurden auch bei der Lokalisierung des *Vr*-Resistenzfaktors erzielt und damit neue Erkenntnisse über die Vererbung dieser wichtigen Schorfresistenz bei *Malus* gewonnen. Da es beim Apfel zunehmend wichtiger wird, neben der Erforschung der Krankheitsresistenz auch die Eigenschaften der Frucht selbst zu berücksichtigen, wurde 2003 mit einem neuen EU-Projekt zum Thema „Fruchtqualität“ begonnen. Das Institut für Obstzüchtung ist dabei einer der vier Standorte in Europa, wo in umfangreichen Versuchsserien die Parameter der „inneren“ wie „äußeren“ Qualität von Sorten und Zuchtmaterial bestimmt werden. Auch die molekularbiologische Charakterisierung von Genen des Kulturapfels, die für die verschiedenen Fruchtqualitätseigenschaften, wie Geschmack, Inhaltsstoffe oder Lagerfähigkeit, codieren, wird in enger Kooperation mit den beteiligten europäischen Einrichtungen durchgeführt. Ziel dieses auf insgesamt vier Jahre angelegten Vorhabens ist es, Methoden zu entwickeln, die es erlauben, dem Verbraucher innerhalb eines kürzeren Zeitraumes Apfelsorten zur Verfügung zu stellen, die neben einer guten Widerstandsfähigkeit gegenüber biotischen Schaderregern auch eine akzeptable Fruchtqualität aufweisen. Auch auf dem Gebiet der molekularen Charakterisierung von Pathogenen des Apfels wurden im Berichtsjahr Fortschritte erzielt. Beim Erreger des Echten Mehltaus am Apfel gelang es zum ersten Mal, in größerem Umfang redundante Abschnitte (so genannte Mikrosatelliten) des Pilzgenoms wie auch einige spezifische Gene zu identifizieren, die für die Entwicklung von DNA-Fingerprinting-Techniken zur Beschreibung von Mehltaurassen in Europa und Asien geeignet sind.

Auf dem Gebiet der Gentechnik wurden vor allem Untersuchungen begonnen, die der Sicherheitsforschung unter Aspekten des gesundheitlichen Verbraucherschutzes dienen. Hier stehen für den Apfel als mehrjährige Gehölzpflanze spezifische Fragen zum Auskreuzungsverhalten transgener Pflan-

zen sowie zur Stabilität der Integration und Expression von übertragenen Genen im Mittelpunkt. Diese Forschung wurde in erheblichem Maße durch Projektmittel des Bundes und des Freistaates Sachsen unterstützt. Das BMBF förderte im Rahmen des von der Bundesregierung beschlossenen Programms „Biotechnologie 2000“ im Rahmen eines Verbundvorhabens zur Sicherheitsforschung bei transgenen Gehölzen die Entwicklung von Apfelpflanzen, bei denen die unkontrollierte Ausbreitung von Pollen und von Samen unterbunden werden kann. Aus diesem Projekt stehen nunmehr erstmalig *Ex-vitro*-Pflanzen zur Verfügung, an denen im nächsten Jahr die Blütenorgane morphologisch untersucht werden können, um ein proof-of-the-concept zu realisieren. Von besonderer Bedeutung ist für die Kulturpflanze Apfel die Frage der Auskreuzung, da es sich um einen Frembefruchter und Insektenbestäuber handelt. Zur Klärung von Fragen der Pollenübertragbarkeit, der Frequenz und der Distanzen solcher Ereignisse, wurden Untersuchungen mit nicht transgenen Pflanzen unter natürlichen Bedingungen initiiert. Diese Versuche werden finanziell im Rahmen eines Programms zur gentechnischen Sicherheitsforschung durch das Sächsische Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft gefördert. Zur Erfüllung der Forschungsleistung wurden enge Kontakte zu ansässigen Praxisbetrieben geknüpft, die auch dazu beitragen, einerseits die Aussagekraft der durchgeführten Untersuchungen zu erhöhen und darüber hinaus die gentechnischen Arbeiten des Institutes transparenter zu machen, was ganz wesentlich zur Erhöhung der Akzeptanz auf Seiten der Produzenten und Verbraucher beiträgt. Im Jahr 2003 wurde die Freisetzung transgener Apfelpflanzen mit Resistenz gegenüber im Obstbau bedeutenden pilzlichen und bakteriellen Schaderregern bei der nach dem Gentechnikgesetz zuständigen Genehmigungsbehörde, dem Robert-Koch-Institut, beantragt. Dieser Antrag ruht zum gegenwärtigen Zeitpunkt. Mit den gentechnischen Forschungsarbeiten bindet sich das Pillnitzer Institut in den Rahmen internationaler Arbeiten zur Erforschung gentechnischer Verfahren an Obst zur Unterstützung der konventionellen Züchtung nahtlos ein und schafft somit die methodische Basis einer modernen Pflanzenzüchtung als Grundlage zur Sicherung der globalen Welternährung im 21. Jahrhundert.

Im Rahmen der klassischen Züchtung wurden im Jahr 2003 die Arbeiten auf dem Gebiet der Apfelzüchtung innovativ und zielgerichtet fortgesetzt. Im Vordergrund stehen weiterhin resistenzzüchterische Arbeiten mit einer vorrangigen Orientierung auf den Feuerbrand, als eine bisher nicht bekämpfbare bakterielle Krankheit, die zu schweren Schäden im Kernobstanbau führen kann. Hierbei orientiert sich das Institut mit seinen Züchtungsarbeiten am Strategiepapier des BMVEL zur Entwicklung alternativer Verfahren bei der Bekämpfung des Feuerbrands ohne Antibiotika, das im Februar 2003 beschlossen worden ist. Voraussetzung für diese pflanzenzüchterischen Arbeiten ist die Erweiterung der Grundlagenforschung zur Entwicklung von DNA-Markern und zu Resistenzprüfverfahren für Feuerbrand beim Apfel, die im Berichtsjahr begonnen worden sind. Die Ergebnisse der Apfelzüchtung hängen zunehmend stärker davon ab, inwieweit Produzenten, Vermarkter und Verbraucher von den Qualitätseigenschaften der neuen Apfelsorten überzeugt sind.

Zum 01. Januar 2003 wurde die Genbank Obst des Instituts für Kulturpflanzenforschung Gatersleben in das Institut für Obstzüchtung integriert. Zum gegenwärtigen Zeitpunkt umfasst die Sammlung der genetischen Ressourcen von Apfel, Süß- und Sauerkirsche, Erdbeere, Pflaume, Sanddorn und Wildobst sowie von Wildarten bei *Malus*, *Fragaria*, *Pyrus* und *Prunus* insgesamt 2.360 Akzessionen (Abb. 1). Für die weitere Arbeit wurde eine Konzeption erarbeitet, die alle Aufgabenbereiche der Genbankarbeit - Sammlung, Erhaltung, Evaluierung und Dokumentation - für die einzelnen Obstarten festschreibt.

Mit Integration der Genbank Obst in das Institut für Obstzüchtung erweiterten sich die Aufgaben des Versuchsfeldes sowohl im Freiland als auch im Gewächshaus. Die Versuchsfeldfläche dehnte sich um 13 Hektar auf insgesamt 45 ha aus, gleichzeitig kamen neue Obstarten hinzu. Die gemeinsame Bearbeitung der Gesamtfläche machte eine Neustrukturierung des Flächenkonzeptes im Versuchs-

feld erforderlich, um die Bewirtschaftung der verschiedenen Obstarten ausreichend gut absichern zu können.

Fachlicher Höhepunkt des Jahres 2003 war die Teilnahme von acht Wissenschaftlern des Institutes am Symposium on Fruit Breeding and Genetics der EUCARPIA vom 01. bis 05. September in Angers (Frankreich). Im Rahmen dieser Veranstaltung repräsentierte sich das Institut für Obstzüchtung mit Vorträgen und Postern zu aktuellen Arbeiten aus dem Bereich der Apfel-, Kirsch- und Erdbeerzüchtung, der Erhaltung genetischer Ressourcen sowie zu Ergebnissen aus züchtungsbegleitenden Arbeiten auf den Gebieten der molekularen Genetik und Gentechnik. Hier zeigte sich, dass die Pillnitzer Obstzüchter in den letzten Jahren zu einem international gefragten Gesprächspartner in einem breiten Spektrum obstbaulicher Fragestellungen geworden sind. Untermauert wurde dies durch einen intensiven Aufbau von Kontakten mit dem Ziel der Schaffung von Kooperationen und somit der Eingliederung in die europäische Pflanzenzüchtung.



Abb. 1: Blüten von einem Hybrid *Malus* sp. *Baskatong* x *Malus baccata*

Fig. 1: Flowers of the hybrid *Malus* sp. *Baskatong* x *Malus baccata*

Auch im vergangenen Jahr wurde durch zahlreiche Informationsveranstaltungen versucht, dem Verbraucher die Notwendigkeit und Bedeutung von Züchtung und Züchtungsforschung im 21. Jahrhundert nahe zu bringen. Zu solchen Veranstaltungen zählte neben einer Vielzahl von Institutsführungen für interessiertes Fachpublikum, Schüler- und Studentengruppen vor allem die in Dresden erstmalig organisierte 'Lange Nacht der Wissenschaften', an der sich das Institut beteiligte. In dieser Nacht informierten sich mehr als 200 interessierte Verbraucher und Verbraucherinnen über den Stand und die Zukunft der Obstzüchtung in Deutschland und zur Globalisierung im internationalen Rahmen. Dabei wurde deutlich, dass ein enormes Interesse seitens der Bevölkerung vor allem zu Fragen des Einsatzes moderner Methoden, zu deren Vor- und Nachteilen, den Einsatzgebieten und Risiken besteht.

Nachdem im Jahre 2002 das Jahrhunderthochwasser der Elbe die Arbeiten am Institut stark behindert hatte, kam es im Jahr 2003 zu einer neuerlichen Ausnahmesituation für das Institut aufgrund eines massiven Befalls der Kernobstanlagen mit Feuerbrand. Am 26. Mai wurde an zwei Bäumen des Birnensortiments - einem Quartier, das die BAZ erst im Januar diesen Jahres von der Genbank Obst des Instituts für Kulturpflanzenforschung Gatersleben übernommen hatte - Feuerbrand diagnostiziert. Die befallenen Bäume wurden umgehend gerodet, eine visuelle Kontrolle sämtlicher Birnenbäume dieses Quartiers ergab, dass das gesamte Birnenquartier bereits sichtbar infiziert war. Die Krankheit verbreitete sich aufgrund der Witterung rasend schnell. Am 29. Mai trat erstmals bei Apfel Befall an Blütenständen und Früchten sowie jungen Triebspitzen auf, der auf Blüteninfektionen durch Verschleppung von Inokulum aus dem latent vorhandenen Infektionsherd des benachbarten Birnenquartiers zurückzuführen war. Das Schadbild war mit starker Exsudatbildung verbunden, was auf einen ungewöhnlich hohen Infektionsdruck schließen ließ, der durch die starke Vermehrung des Erregers bei der anhaltend heißen Witterung entstand. Befallene Bäume traten bei Apfel in allen Versuchsquartieren der BAZ auf, aber besonders stark war der Befall in den an das Birnenquartier angrenzenden Züchtungsquartieren. Insgesamt fielen der Rodung und Verbrennung 467 Birnenbäume im alten und neuen Genbanksortiment zum Opfer, das entspricht einer Sammlung von 137 verschiedenen Birnensorten und 39 Zuchtklonen. Bei Apfel waren es innerhalb von zwei Monaten 1.164



Abb. 2: Blütenstand nach Feuerbrandinfektion
Fig. 2: Inflorescence after infection by fire blight

Bäume, was einem Ausfall von 3,3 % der im Institut vorhandenen Apfelbaumbestände entspricht (Abb. 2 und 3).

Die Mitarbeiter und Mitarbeiterinnen des Instituts beteiligten sich verantwortungsbewusst an den notwendigen Maßnahmen der Feuerbrandkontrolle und der Beseitigung von Schäden. Die Kontrollgänge durch die Kernobstquartiere des Instituts banden über Wochen enorme Arbeitszeitkapazitäten, auch an den Wochenenden. Solidarisch zeigten sich die Mitarbeiter der BAZ-Standorte Aschersleben und Quedlinburg und halfen bei der Bewältigung dieser Ausnahmesituation.

Research at the Institute for Fruit Breeding is carried out in accordance with the Research Programme of the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL). The scientific results will contribute to the main goals of this BMVEL programme in the field of consumer's health protection, healthy nutrition and sustainable agriculture. These goals are pursued by the evaluation of fruit genetic resources and by the development of new top and soft fruit cultivars and rootstocks for a sustainable fruit production in both integrated and organic crop management systems.

The breeding programmes are focused mainly on resistance to reduce the need for chemical pesticide treatments, but also on high fruit quality as to satisfy the requirements of consumers as well as processors. The objective of the Institute's research are also the development of breeding methods which allow to increase the efficiency in selection, to evaluate and to improve the resistance in breeding material to biotic and abiotic factors and to increase fruit quality.

The Institute's concept of research encompasses a combination of conventional clonal breeding with cell and tissue culture techniques, molecular methods and genetic modification. In the following, the areas of important research progress in 2003 are highlighted:

In the field of genomics and marker-assisted selection in apple, a highly informative diagnostic marker for *Vr* scab resistance from 'Russian seedling' was developed. Together with another, already available marker for the *Vf* resistance from *M. floribunda*, an extremely precise profile regarding the allele composition for scab resistance of a single seedling can be obtained using a multiplex PCR analysis. Progress was also made in the localisation of the *Vr* resistance factor and increased knowledge is available now on the heritability of this scab resistance in *Malus*. Besides resistance to



Abb. 3: Abgestorbene Birnenzweige nach Feuerbrandinfektion im Versuchsfeld Pillnitz
Fig. 3: Dead branches of pear after infection by fire blight in the orchard of Pillnitz

diseases the fruit characteristics in apple are becoming more and more important and a new EC-funded project on fruit quality was started in 2003. The Institute of Fruit Breeding is one of the four European institutions involved in the evaluation of the inner and the outer fruit quality characteristics of both cultivars and breeding material. Furthermore molecular characterization of genes is carried out in close cooperation, which is responsible for different fruit quality traits in cultivated apple. This includes important quantitative factors like flavour, principal compounds and storability. The objective of this four years lasting project is to develop methods which allow the release of new apple cultivars for the commercial use that are characterized by resistance to biotic factors and excellent fruit quality. Besides this, progress was also made in the field of molecular evaluation of pathogens in apple. For the first time microsatellite regions of the fungal genome of apple powdery mildew and several specific genes were identified in broad ranges which are suitable for the development of DNA-fingerprinting techniques to describe mildew races in Europe and Asia.

In the field of genetic engineering, research was started on risk assessment taking into account consumer's health protection. Investigations are focused on questions specific for apple as a perennial tree like on outcrossing of transgenic plants and stability of integration and expression of transgenes. This research is supported by the Federal government and by the Saxon State. In the frame of the programme 'Biotechnology 2000', the Federal Ministry of Education and Research supported the development of transgenic apple plants which are unable to spread pollen and seeds uncontrolled. For the first time, ex vitro plants were obtained which can be used in the next year for further morphological evaluation of flower organs to realize the proof of the concept. Outcrossing is very important for apple due to its self sterility and pollination by insects. To clarify the pollen spread, frequency and distances, investigations were initiated in natural conditions using non transgenic plants. These experiments were supported financially by the Saxon State Ministry of Environment and Agriculture. Contacts were also initiated with commercial growers to cooperate in this research. This cooperation contributes to increase the output from such experiments and to make research in genetic engineering much more transparent. In 2003, application to release transgenic apple plants resistant to fungal and bacterial pathogens into environment was submitted to the Robert-Koch-Institute. The application is being suspended.

In the field of conventional breeding, work on apple was continued in 2003. The main focus is still on breeding for resistance, mainly for fire blight. Breeding research in this area is according to the strategy of the Federal Ministry focused on the development of alternative methods to defend fire blight without antibiotics which was decided in February 2003. Precondition for the breeding is an increased basic research on the development of DNA-markers and more precise resistance evaluation techniques for fire blight. The results in apple breeding will depend more and more on the acceptance of new cultivars by producers and consumers based on their fruit quality.

By January 1st 2003, the Fruit Gene Bank of the Institute of Plant Research Gatersleben was integrated into the Institute of Fruit Breeding. The collection of genetic resources in apple, sweet and sour cherry, strawberry, plum, and wild species of *Malus*, *Fragaria*, *Pyrus* and *Prunus* consists of 2360 accessions. A concept was elaborated for further research which covers every field of gene bank work - collection, maintenance, evaluation and documentation- for the present fruit species. Due to the integration of the gene bank into the Institute of Fruit Breeding the scope of duties was increased both in the orchard and in the greenhouse. The area for field trials was increased by 13 ha up to 45 ha, new species were included.

The scientific highlight of 2003 was the participation of eight scientists of the institute at the EU-CARPIA-Symposium of Fruit Breeding and Genetics from September 1st to 5th in Angers (France). The Institute of Fruit Breeding was represented by several oral and poster presentations on actual scientific results obtained in apple, cherry and strawberry breeding, in research on genetic resources and in the field of molecular research and genetic engineering. In the last years, the Pillnitz's breeders became important members of the scientific community on pomology. The participation at the symposium benefited also in the beginning and intensification of close contacts for cooperation and in the integration into the community of European plant breeders.

In the last year effort was made during numerous information events to point out the importance and necessity of breeding and breeding research in the 21st century to the consumer. Besides a wide range of visitations at the institute by interested experts and students, the institute took part in the 'Long night of science' which was organized in Dresden for the first time. At that night more than 200 interested people came to the institute to get information on state of the art and on the future of fruit breeding in Germany and on the global market. It indicated clearly the great interest of people for modern techniques, their advantages and disadvantages, their application and risks.

After the flood of the river Elbe in 2002 has markedly influenced the institute, in 2003 another catastrophic situation affected the work: an enormous infection of the apple and pear orchards with fire blight. On May 26th fire blight symptoms were detected on two trees of the pear collection which was taken over from the Fruit Gene Bank of the Institute of Plant Research in January. The infected trees were stubbed, a visual control of the other pear trees showed infection on all trees of this orchard. The disease spread very fast due to the appropriate weather conditions. On May 29th we got first infections in apple on flowers, young fruits and young shoots which were originated from the latent infected pear trees growing in close neighbourhood. The infection pressure appeared to be very high; the pathogen was able to propagate very fast. Infected trees were found in all orchards belonging to the BAZ but especially in the breeding material of apple near by the pear trees. Altogether, 467 pear trees of the gene bank collection, which is a collection of 137 different pear cultivars, and 39 breeding selections, were lost. During the following two months also 1164 apple trees were lost, which represents 3.3 % of the Institute's apple trees.

The complete Institute's staff took great part in the necessary measures of the fire blight control and elimination of infected trees and the reduction of losses. The fire blight control measures in the apple orchards were carried out over several months, on a daily basis and also on weekends. The colleagues from other BAZ institutes in Aschersleben and Quedlinburg declared their solidarity with us during this situation and even came to help with the neglected regular work in the laboratories.

1. Züchtung Breeding

1.1 Züchtung von Apfelsorten mit hoher Resistenz gegen pilzliche und bakterielle Schaderreger und hoher Qualitätsleistung für integrierte und biologische Anbauverfahren

Breeding of apple cultivars with high resistance to fungal and bacterial pathogens and high fruit quality for integrated and biological production systems

Peil, A.

Zielsetzung/Aim:

Für eine nachhaltige und umweltgerechte Apfelproduktion ist es unerlässlich, neue Apfelsorten mit Resistenz gegen biotische und abiotische Schadfaktoren, mit hoher Fruchtqualität und stabiler Ertragssicherheit zu züchten. Besondere Bedeutung hat die Vereinigung verschiedener Resistenzen, vor allem gegen Schorf, Mehltau und Feuerbrand als die ökonomisch wichtigsten Krankheiten, in einer Sorte. Dies beinhaltet die Herstellung multipel resistenter Donoren, die Prüfung der Stabilität der Resistenzen im Feldbestand und die Analyse der Genetik von Resistenzen und obstbaulichen Merkmalen. Die Bereitstellung einer marktfähigen Sorte setzt eine qualitativ hochwertige und attraktive Frucht voraus.

The sustainable production of apples requires new cultivars with resistance to biotic and abiotic stress combined with high fruit quality and yield stability. Of great importance is the combination of resistances to the major economic diseases (scab, powdery mildew and fire blight) within a cultivar. This involves the creation of multiple resistant donors, tests of durability of resistances in the field and the genetic analysis of resistance and fruit-growing features. The supply of a marketable cultivar implies high quality, attractive fruits.

Ergebnisse:

Im Jahre 2003 wurde die wissenschaftliche Bearbeitung des seit den 70er Jahren realisierten Apfelmehrungsprogramms von Dr. Andreas Peil übernommen, so dass eine kontinuierliche Weiterführung der konventionellen Apfelmehrung gewährleistet ist. Alle züchterischen Arbeiten wurden vom massiven Auftreten des Feuerbrandes seit Ende Mai 2003 in den Kernobstquartieren des Versuchsfeldes des Instituts überschattet. Die Feuerbrandinfektion begann im Birnensortiment und griff von dort auf die Apfelquartiere über. Insgesamt mussten 1.164 Apfelbäume gerodet werden, was einem Anteil von 3,3 % des Bestandes entspricht. Besonders betroffen, mit einer Infektionsrate von bis zu 34,2 % des Bestandes, waren die Apfelquartiere in unmittelbarer Nähe zum Birnensortiment. Die multipel resistente Sorte 'Rewena' erwies sich auch unter den starken, natürlichen Infektionsbedingungen als äußerst widerstandsfähig. An keinem Baum der Sorte 'Rewena' konnte Feuerbrandbefall festgestellt werden. Mit Befallsraten von 1,6

bis 6,2 % erwiesen sich die Sorten 'Reanda', 'Reka', 'Remo', 'Rene', 'Renora', 'Resi' und 'Retina' als nur sehr gering anfällig. Die Sorten 'Pilot', 'Pikant' und die Klone Pi-AS-1,157 ('Rekarda') und Pi-AS-3,108 ('Recolor'), die 2002 als Sorten angemeldet worden waren, zeigten hingegen Ausfälle von bis zu 75 %. Bei den Pillnitzer Re-Sorten zeigte sich 2003 eine gute Übereinstimmung der Befallsraten im Versuchsfeld Pillnitz mit den Bonituren der künstlichen Triebinfektion im Gewächshaus in Aschersleben (Korrelationskoeffizient: $r = -0,72$). Bei der Beurteilung der diesjährigen natürlichen Infektion im Versuchsfeld in Pillnitz muss berücksichtigt werden, dass bei positivem Feuerbrandbefund die sofortige Rodung anstand und nicht der Krankheitsverlauf am Baum bewertet werden konnte.

In Resistenzprüfungen gegenüber Feuerbrand im Gewächshaus wurden vier Re-Sorten mittels künstlicher Infektion getestet. Die drei Re-Sorten 'Reanda', 'Rene' und 'Rewena' bestätigten ihre gute Widerstandsfähigkeit (Wertzahlen 6,7 - 7,8). Die Sorte 'Rebella' erwies sich mit einer Wertzahl von 2,8 als anfällig. Für die Sorten 'Idared', 'Retina' und 'Rebella' konnten zwei Isolate, Ea 222 und Ea 487, bestimmt werden, die die größten Unterschiede zwischen 'Idared' und den beiden Re-Sorten hinsichtlich der Anfälligkeit erzeugten.

Im Berichtsjahr wurde folgendes Pflanzenmaterial hergestellt und selektiert: Nachkommenschaften aus 133 Kreuzungskombinationen für folgende Ziele: Sortenzüchtung mit hoher Fruchtqualität und Produktivität sowie multipler Resistenz; Erstellung spaltender Populationen; Ermittlung befruchtungsbiologischer Eigenschaften; Erstellung neuer multipel resistenter Ausgangsmaterialien als Kreuzungseltern; Erstellung einer uniformen F1 durch Kreuzung von Di-Haploiden. 28 Kreuzungskombinationen fielen dem Feuerbrand zum Opfer, da die Mutterbäume gerodet werden mussten. Nach der Aussaat von 4.061 Samen und dem anschließenden Schorffresistenz-Test konnten 1.865 schorfresistente Sämlinge selektiert werden. Für die erste Selektionsstufe wurden 2.061 Sämlinge weitergeführt. Insgesamt wurden 80 Klone in die zweite Selektionsstufe überführt.

Reiser von sieben Sorten und Reiser, die mit Spinnmilben besiedelt waren, wurden 2003 für Resistenzprüfungen gegenüber Aphiden und Spinnmilben an das Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben übergeben. Die Virustestung von 2002, zwei Zuchtklone und zwei Sorten, wurde 2003 fortgesetzt.

Abstract:

In 2003 a fire blight infection infested the orchard of the Institute. Altogether 1164 apple trees had to be stubbed due to fire blight infection. The cultivars 'Reanda', 'Reka', 'Remo', 'Rene', 'Renora', 'Resi', 'Retina' and 'Rewena' showed a good field resistance whereas up to 75 % of 'Pilot', 'Pikant' and clones Pi-AS-1,157 ('Rekarda') and Pi-AS-3,108 ('Recolor') were lost. To achieve the different

breeding aims, 133 cross combinations were done. A total of 28, i. e. 21 %, cross combinations were lost due to infection of pollinated trees with fire blight. After screening of 4061 seedlings in a scab resistance trial, 1865 scab resistant seedlings were selected.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Richter, Habekuß; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft Dresden, Handshack, Wiedemann, Wilcke

(BAZ-4139)

1.1.1 Evaluierung des Apfelwildsortiments auf Resistenz gegenüber dem Erreger des Feuerbrands (*E. amylovora*)

Evaluation of the wild apple species collection for resistance to *E. amylovora*

Peil, A.; Höfer, M.

Zielsetzung/Aim:

Im Rahmen der „Strategie zur Bekämpfung des Feuerbranderregerers im Obstbau ohne Antibiotika“ nimmt die Züchtung resistenter Sorten eine zentrale Rolle ein. Für die Züchtung resistenter Sorten müssen genetische Ressourcen bereitgestellt werden, die eine breite und dauerhafte Resistenz gegenüber *E. amylovora* ermöglichen und damit eine Bekämpfung des Erregers mit Antibiotika (Plantomycin) überflüssig machen. Dies setzt ein Screening der verfügbaren Apfelwildarten und deren unterschiedlicher Abstammungen voraus. Die Inokulationsversuche sind über mehrere Jahre und in einer ausreichenden Anzahl von Wiederholungen durchzuführen, um Ergebnisse statistisch absichern zu können. Gesucht wird nach unterschiedlichen genetischen Resistenzgrundlagen, welche die Basis für die Züchtung neuer resistenter Sorten darstellen sollen.

The breeding of fire blight resistant cultivars is a primary focus in controlling fire blight in fruit production without the use of antibiotics. Breeding of resistant cultivars requires resources conferring broad and durable resistance to fire blight. To detect resistance to fire blight with differing mechanisms the screening of wild cultivars over years and replications is necessary. These resistances shall be used in breeding of new fire blight resistant cultivars and pyramid-ed to strengthen the level of polygenic resistance.

Ergebnisse:

Im Berichtsjahr wurden insgesamt 14 Wildarten in Resistenzprüfungen gegenüber Feuerbrand im Gewächshaus mittels künstlicher Infektion getestet. Als Inokulum wurde zum einen ein Gemisch aus drei Isolaten und zum anderen das Isolat Ea 609 benutzt. Die Unterschiede bei den verschiedenen Inokula waren nur geringfügig. Die größten Unterschiede in der Reaktion auf das Inokulum zeigte *M. sp. Baskatong* mit einer Wertzahl von 4,3 für das Gemisch und 6,7 für den Stamm Ea 609. Drei Wildarten zeigten keinen Befall (Wertzahl 9,0) für beide Inokula und vier Wild-

arten nur einen geringen Befall (Wertzahl 7,6 - 8,5) mit Feuerbrand. Zwei Wildarten ließen sich nicht inokulieren.

Abstract:

Fourteen accessions of wild *Malus* species were screened for resistance to fire blight using an artificial shoot inoculation method. Two accessions could not be inoculated. Three wild species were resistant and four were less susceptible.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Richter

(BAZ-4139/2)

1.2 Entwicklung ertragreicher Sauerkirscharten mit hoher Produktqualität und Resistenz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Monilinia* spp., *Blumeriella jaapii*, *Pseudomonas syringae*) sowie Spätfrosttoleranz

Development of productive sour cherry cultivars with high fruit quality and resistance to *Monilinia* spp., *Blumeriella jaapii* and *Pseudomonas syringae* and tolerance to spring frost

Schuster, M.

Zielsetzung/Aim:

Züchtung von neuen selbstfertilen Sauerkirscharten mit guter Fruchtqualität und Verarbeitungseignung, mit Resistenz bzw. Toleranz gegenüber *Monilinia* spp., *Blumeriella jaapii* und *Pseudomonas syringae* sowie Spätfrosttoleranz. Gezielte Kreuzungskombinationen; Selektion von Sämlingen; Resistenzprüfungen; Generationsbeschleunigung; Fertilitätsuntersuchungen; markergestützte Selektion; Prüfung der Verarbeitungseignung; obstbauliche Prüfung; Vererbungsanalysen.

Breeding of new self-compatible sour cherry cultivars with high fruit quality and processing suitability, with resistance or tolerance to *Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii*, *Pseudomonas syringae* and spring frost. Generating populations from controlled hybridizations; seedling selection; resistance screenings; acceleration of generations; investigations on fertility; marker-assisted selection; testing of fruit processing suitability; fruit growing qualification tests; inheritance analysis.

Ergebnisse:

Die Hauptzielstellungen der Sauerkirschartzüchtung sind die Verbesserung der Frucht- und Verarbeitungseigenschaften, der Toleranz gegenüber biotischen Schaderregern sowie ein hohes Ertragspotential. Ausgehend von diesen Zuchtzielen wurden im Berichtszeitraum in 15 Kreuzungskombinationen 15.400 Blüten bestäubt. Der durchschnittliche Fruchtansatz betrug 20 %. Erstmals wurden auch Kreuzungen im Gewächshaus durchgeführt. Hierbei konnte beobachtet werden, dass bei den Gewächshauskreuzungen der Anteil tauber Steine nur 3 % gegenüber 15 % bei den

im Freiland durchgeführten Kreuzungen betrug. Als Ursache für diesen deutlichen Unterschied können Umwelteinflüsse diskutiert werden. Gleiche Beobachtungen wurden bei den Kreuzungen mit Süßkirsche beobachtet.

Im Ergebnis des Sauerkirschzuchtprogramms wurden drei neue Sauerkirschzuchtklone selektiert. Zum gegenwärtigen Zeitpunkt befinden sie sich in der Sortenschutzprüfung beim Bundessortenamt in Marquard. Diese Zuchtklone Pi-Sa 5,55 'Achat' ('Köröser' x Klon 2,40), Pi-Sa 19,130 'Jade' ('Köröser' x 'Röhrigs Weichsel') und Pi-Sa 11,134 'Rubellit' ('Köröser' x 'Schattenmorelle') sind selbstfertil und zeichnen sich durch eine gute Fruchtqualität aus. Das Ertragsverhalten entspricht der Vergleichssorte 'Schattenmorelle'.

Im Rahmen von Fertilitätsuntersuchungen bei Sauerkirsche wurden die in den letzten Jahren begonnenen Untersuchungen an einer F₁-Population 'Köröser Gierstädt' (SI) x 'Vowi' (SF) fortgesetzt (Abb. 1). Bei Sauerkirsche gibt es selbstfertile (SF), partiell selbstfertile (pSF) und selbststerile (SI) Genotypen. Als Ursache für die Selbststerilität werden S-Allele, spezifische Sterilitätsgene bzw. meiotische Störungen, verursacht durch Introgressionen von Fremdgenomen, diskutiert.

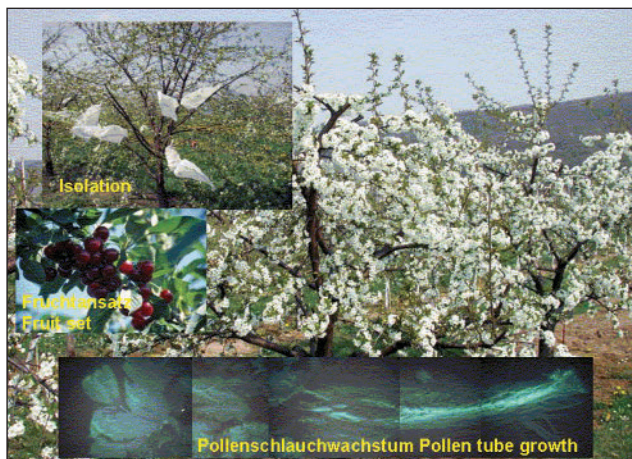


Abb. 1: Fertilitätsuntersuchungen bei Sauerkirsche
Fig. 1: Fertility investigation in sour cherries

Ein Vergleich der Untersuchungsergebnisse zur Selbstfertilität und zum Fruchtansatz nach freier Abblüte zeigten einen sachlichen Zusammenhang zwischen der Selbststerilität (SI) und einem schlechten Fruchtansatz (geringe Fertilität) nach freier Abblüte. Parallele Untersuchungen zum Pollenschlauchwachstum im Griffel in der geprüften F₁-Population zeigten, dass bei den selbststerilen Genotypen das Wachstum der Pollenschläuche gehemmt wird. Weitere Untersuchungen müssen klären, welche Ursachen hauptsächlich für die Selbststerilität bei Sauerkirsche verantwortlich sind.

Zur Beschreibung der Fertilität erfolgten in den letzten Jahren Untersuchungen an 75 Sauerkirschsorten. 16 Sorten zeigten einen geringen Fruchtansatz nach Selbstung (partiell selbstfertil, Fruchtansatz 1 % - 10 %) und 13 Sorten waren selbstinkompatibel (Fruchtansatz < 1 %). In der Mehrheit waren diese Sorten aus Süd- und Osteuropa. In den meisten Fällen zeigten die selbstinkompatiblen Sauerkirschsorten auch einen geringen Fruchtansatz bei freier Abblüte.

Abstract:

The main goals in sour cherry breeding are improvement of the fruit quality and processing suitability, resistance to pathogens and high yield. Fifteen cross combinations were realized. In result of the sour cherry breeding program, three new sour cherry clones were selected, Pi-Sa 5,55 'Achat' ('Köröser' x clone 2,40), Pi-Sa 19,130 'Jade' ('Köröser' x 'Röhrigs Weichsel'), Pi-Sa 11,134 'Rubellit' ('Köröser' x 'Schattenmorelle'). All clones are self fertile and characterized by a good fruit quality.

Fertility investigations of sour cherries were carried out during the last years (Fig. 1). The fruit set after self pollination and open pollination were analyzed in the F₁-cross population 'Köröser Gierstädt' (SI) x 'Vowi' (SF) and in 75 sour cherry cultivars. An interaction was detected between self incompatibility and a low fruit set after open pollination. From the investigated 75 sour cherry cultivars 25 cultivars were self fertile (fruit set > 10 %). 16 cultivars showed a low fruit set after self pollination (partial self fertile, fruit set 1 % to 10 %) and 13 were self incompatible (fruit set < 1 %). The origin of these cultivars is mainly in South and East Europe.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Wiedemann, Großmann; LVA Erfurt, Möhler; LVA Müncheberg, Schwärzel; SLVA Oppenheim, Hilsendegen; OVA Jork, Stehr; SLVA Weinsberg, Möller; Research Institute of Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, Apostol

(BAZ-4102)

1.2.1 Resistenz gegenüber der Sprühfleckenkrankheit (*Blumeriella jaapii*) von Sauerkirschsorten und Nutzung von Resistenzdonoren in der Züchtung Resistance to leaf spot (*Blumeriella jaapii*) of sour cherry cultivars and utilisation of resistant donors in the breeding cycle

Schuster, M.

Zielsetzung/Aim:

Die Sprühfleckenkrankheit, verursacht durch den Pilz *Blumeriella jaapii*, ist eine der bedeutendsten pilzlichen Krankheiten bei Sauer- und Süßkirsche. Das Ziel dieses Projektes ist es, Sauerkirschsorten, tetraploide Wildarten

und Artbastarde auf ihre Resistenz gegenüber dem Erreger der Sprühfleckenkrankheit zu bewerten. Hierfür soll eine Infektionsmethode entwickelt werden. Im Ergebnis der Untersuchungen sollen die resistenten Genotypen in der Züchtung genutzt werden.

Cherry leaf spot, caused by the fungus *Blumeriella jaapii*, is one of the most serious fungal diseases of sour and sweet cherries. The objective of the investigation is to evaluate the resistance of sour cherry cultivars, tetraploid wild cherry species and interspecific hybrids to leaf spot. An inoculation method will be developed for screening. In result of these tests resistant genotypes will be used in breeding.

Ergebnisse:

Im Rahmen der Bewertung der Resistenz gegenüber dem Erreger der Sprühfleckenkrankheit von Sauerkirschsorten und -klonen erfolgten Untersuchungen zum Befallstyp im Labor. Im Ergebnis der Inokulation von 32 Genotypen konnten sechs Sorten bzw. Artbastarde als resistent, Befallstyp 0 - 2, bewertet werden. Alle weiteren Genotypen wurden erfolgreich durch den Erreger befallen (Abb. 1). Alle getesteten Genotypen wurden in das Freiland gepflanzt, um in den nächsten Jahren die Ergebnisse der Resistenzprüfungen im Labor mit dem Resistenzverhalten der Bäume unter Freilandbedingungen vergleichen zu können. Zu weiteren Untersuchungen zum Blatttest im Labor siehe auch Projekt BAZ-4121/2.

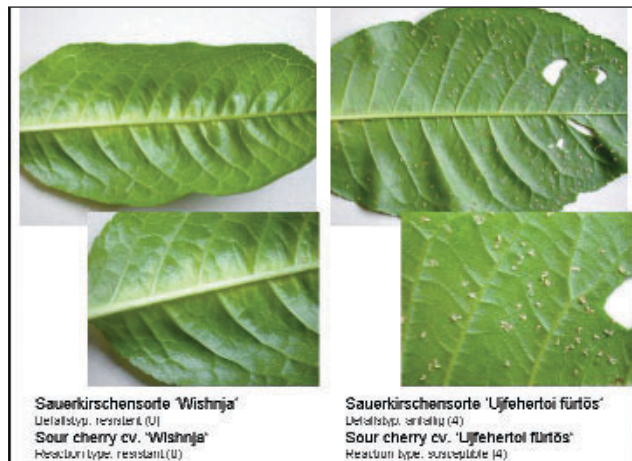


Abb. 1: Befallstyp gegenüber dem Sprühfleckenpilz (Labor-test)

Fig. 1: Reaction type to leaf spot (Laboratory test)

Abstract:

In the lab 32 sour cherry cultivars or clones were evaluated in resistance to leaf spot. In result of these tests six cultivars showed a resistant reaction type 0 - 2 (Fig. 1). After the tests in the lab all 32 genotypes were planted in the orchard to evaluate the resistance reaction to leaf spot in the field in future years. For additional information to leaf spot tests in the lab see project BAZ-4121/2.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Wiedemann, Großmann; LVA Erfurt, Möhler; LVA Müncheberg, Schwärzel; SLVA Oppenheim, Hilsendegen; Research Institute of Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, Apostol, Bujdosó

(BAZ-4102/1)

1.3 Entwicklung von Süßkirschsorten mit hoher Fruchtqualität, Produktivität, Selbstfertilität und Toleranz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Blumeriella jaapii*, *Monilinia* ssp., *Pseudomonas syringae*)

Development of sweet cherry cultivars with high fruit quality, self fertility and tolerance to diseases (*Blumeriella jaapii*, *Monilinia* ssp., *Pseudomonas syringae*)

Schuster, M.

Zielsetzung/Aim:

Züchtung von Süßkirschsorten mit hoher Fruchtqualität (Fruchtgröße, -festigkeit, -farbe und Platzfestigkeit), Selbstfertilität und Toleranz gegenüber *Blumeriella jaapii*, *Monilinia* ssp., *Pseudomonas syringae* und Blütenfrost. Gezielte Kreuzungskombinationen; Selektion von Sämlingen; Resistenzprüfungen; Generationsbeschleunigung; Untersuchungen zur Befruchtungsbiologie; Obstbauliche Prüfung; Vererbungsanalysen.

Breeding of sweet cherry cultivars with high fruit quality (fruit size, fruit firmness, fruit colour and tolerance to cracking), self fertility and tolerance to *Blumeriella jaapii*, *Monilinia* ssp., *Pseudomonas syringae* and spring frost. Generating populations from controlled hybridizations; seedling selection; resistance screenings; acceleration of generations; investigations on fertility; marker-assisted selection; fruit growing qualification tests; inheritance analysis.

Ergebnisse:

Die Hauptzielstellungen in der Süßkirschzüchtung sind die Verbesserung der Fruchtmerkmale, Fruchtgröße und Fruchtfestigkeit, die Ausdehnung der Reifezeit, die Verbesserung der Platzfestigkeit der Früchte, die Selbstfertilität, die Resistenz gegenüber biotischen Schaderregern sowie die Blütenfrostresistenz. Im Berichtszeitraum wurden 13 Kreuzungskombinationen realisiert. Im Ergebnis konnten 1.797 Samen von 9.631 bestäubten Blüten (20 % Ansatz) geerntet werden. Erstmals wurden auch Kreuzungen im Gewächshaus durchgeführt. Hierbei wurde beobachtet, dass bei den Gewächshauskreuzungen der Anteil tauber Steine nur 4 % gegenüber 20 % bei den Kreuzungen im Freiland betrug. Als Ursache für diesen deutlichen Unterschied können Umwelteinflüsse diskutiert werden. Gleiche Beobachtungen wurden bei den Kreuzungen mit Sauerkirsche beobachtet.

Infolge des Hochwassers im Sommer 2002 und der Trockenheit in diesem Jahr wurden Teile der Sämlingspopulationen stark geschädigt. Genaue Aussagen zu den Verlusten können aber erst in der nächsten Vegetationsperiode 2004 getroffen werden.

Abstract:

The main goals of sweet cherry breeding are the improvement of fruit size and fruit firmness, the expansion of the ripening time, the cracking tolerance of fruits, self fertility and the resistance to biotic and abiotic stress. Thirteen cross combination were made in the greenhouse and in the orchard. 1797 seeds were harvested from 9631 pollinated flowers (20 % fruit set).

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Wiedemann, Großmann; LVA Erfurt, Möhler; LVA Müncheberg, Schwärzel; SLVA Feitshöchheim, Siegler; OVA Jork, Stehr; SLVA Ahrweiler, Balmer; Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft Großhansdorf, Schüler; HRI, East Malling, Großbritannien, Tobutt, Sonneveld; Research Institute of Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, Apostol, Bekefi

(BAZ-4121)

1.3.1 Resistenz gegenüber der Sprühfleckenkrankheit (*Blumeriella jaapii*) in Süßkirschsor ten und Nutzung von Resistenzdonoren in der Züchtung **Resistance to leaf spot (*Blumeriella jaapii*) of sweet cherry cultivars and utilisation of resistant donors in the breeding cycle**

Schuster, M.

Zielsetzung/Aim:

Die Sprühfleckenkrankheit, verursacht durch den Pilz *Blumeriella jaapii*, ist eine der bedeutendsten pilzlichen Krankheiten bei Sauer- und Süßkirsche. Das Ziel diese Projektes ist es, Süßkirschsor ten, diploide Wildarten und Artbastarde auf ihre Resistenz gegenüber dem Erreger der Sprühfleckenkrankheit zu bewerten. Hierfür soll eine Infektionsmethode entwickelt werden. Im Ergebnis der Untersuchungen sollen die resistenten Genotypen in der Züchtung genutzt werden.

Cherry leaf spot, caused by the fungus *Blumeriella jaapii*, is one of the most serious fungal diseases of sour and sweet cherries. The objective of the investigations is to evaluate the resistance of sweet cherry cultivars, diploid wild cherry species and interspecific hybrids to leaf spot. An inoculation method will be developed for screening. In result of these tests resistant genotypes will be used in breeding.

Ergebnisse:

Auch in diesem Jahr wurden im Rahmen einer Zusammenarbeit mit dem HRI, East Malling, F₁-Populationen von Kreuzungen zwischen Süßkirschsor ten (*Prunus avium*) und Kirschwildarten (*P. nipponica*, *P. sargentii*) auf ihr

Resistenzverhalten gegenüber dem Erreger der Sprühfleckenkrankheit, *Blumeriella jaapii*, im Labor geprüft. Zur Gewinnung des Blattmaterials für den Labortest wurden die Genotypen hierfür handveredelt und im Gewächshaus angezogen. Im Ergebnis der Tests konnten keine klaren Spaltungen für resistente und anfällige Genotypen ermittelt werden. Der größte Teil der getesteten Blätter zeigte unklare physiologische Reaktionen. Um diese Beobachtungen klären zu helfen, erfolgten spezielle Tests zur Prüfung des Einflusses der Inokulationsbedingungen und des Blattalters auf die Infektion der Blätter mit dem Sprühfleckenpilz. Im Ergebnis zeigte sich, dass spezielle Genotypen, z. B. Nachkommen der Kombination 'Napoleon' x *P. nipponica*, mit atypischen physiologischen Reaktionen auf die hohe Luftfeuchtigkeit während der Inokulation reagieren. Der Befallstyp lässt sich gut an den ersten drei Blättern von im Wachstum befindlichen Trieben bestimmen. Die Untersuchungen werden im nächsten Jahr wiederholt bzw. weitergeführt.

Abstract:

In the lab F₁-progenies of sweet cherry cultivars (*Prunus avium*) und wild cherry species (*P. nipponica*, *P. sargentii*) were evaluated in resistance to leaf spot. In result of these tests were found no explicit segregations in resistant and susceptible reaction types. Most of the tested leaves showed a atypical physiological reaction. Specific test were done to clarify this phenomenon. In result specific genotypes showed an atypical physiological reaction caused by high humidity. The reaction type will be determined best by using the first three growing leaves. The investigations will be repeated and continued in the next years.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Wiedemann; LVA Müncheberg, Schwärzel; HRI, East Malling, Großbritannien, Tobutt, Russell; Research Institute of Fruitgrowing and Ornamentales, Budapest, Ungarn, Apostol

(BAZ-4121/1)

1.3.2 Bestimmung der S-Allele in Süßkirschsor ten **S-allele identification in sweet cherry cultivars**

Schuster, M.

Zielsetzung/Aim:

Süßkirschen sind selbststeril. Ursache ist ein gametophytisches Selbstinkompatibilitätssystem. Zwei Sterilitätsfaktoren (S-Allele) bestimmen die Fertilität der Süßkirschengenotypen. In Abhängigkeit der S-Allel-Kombination der einzelnen Sor ten existieren Intersterilitäts- bzw. Interkompatibilitätsgruppen. Sor ten, welche die gleiche S-Allel-Konstitution besitzen, sind selbststeril und können sich untereinander nicht befruchten. Die Kenntnis über die S-Allel-Kombination ist deshalb eine sehr wichtige Information für den Obstbauer bei der Sortenauswahl.

Sweet cherries are self incompatible, caused by a gametophytic self-incompatibility system. Two genetic factors (S-alleles) determine the fertility of sweet cherry genotypes. Dependent on the S-allele constitution of the cultivars, cross-incompatibility groups of sweet cherry cultivars exist. Those genotypes have the same S-allele constitution, are self-incompatible and can not be pollinated by each other. The knowledge about the S-allele combination of the cultivars is a very important information for the fruit growers.

Ergebnisse:

In Zusammenarbeit mit dem HRI East Malling in Großbritannien wurden Untersuchungen zur S-Allel-Identifikation von Süßkirschsor ten begonnen. Die Kenntnis zu den S-Allel-Kombinationen von Süßkirschsor ten hat eine große Bedeutung für den Obstbau und die Züchtung. Von 26 Süßkirschsor ten der Genbank Obst des Institutes wurde erstmals die S-Allel-Kombination bestimmt (Abb. 1). Folgende S-Allel-Kombinationen konnten neu beschrieben werden: S₁S₇ ('Dollenseppler'), S₁S₁₂ ('Johanna'), S₃S₇ ('Augustkirsche'), S₄S₁₃ ('Marquarder Frühe'), S₅S₉ ('Krupnoplodnaja'). Diese Untersuchungen werden in den nächsten Jahren fortgeführt.

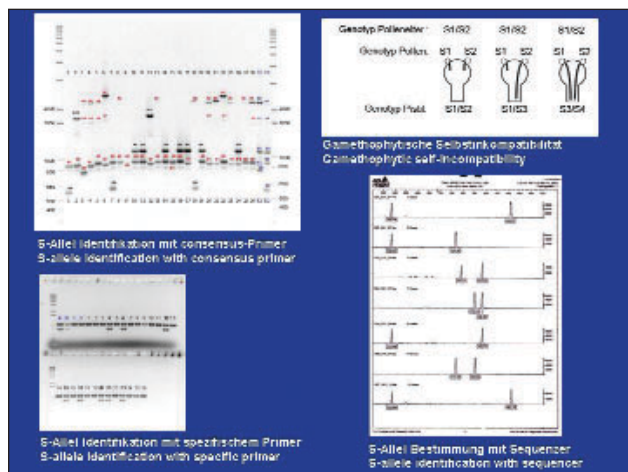


Abb. 1: S-Allel Bestimmung bei Süßkirsche
Fig. 1: S-allele identification in sweet cherries

Abstract:

Investigations were carried out to identify the S-alleles in sweet cherry cultivars by PCR analysis in cooperation with the HRI East Malling, United Kingdom. The S-alleles of 26 sweet cherry cultivars of the genebank collection were identified (Fig. 1). Five new incompatibility groups were described: S₁S₇ ('Dollenseppler'), S₁S₁₂ ('Johanna'), S₃S₇ ('Augustkirsche'), S₄S₁₃ ('Marquarder Frühe'), S₅S₉ ('Krupnoplodnaja'). The investigations will be continued in the next year.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Wiedemann; OGM Mittelbaden, Früh; HRI, East Malling, Großbritannien, Tobutt, Sonneveld, Boskovic; Research Institute of Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, Bekefi; Eidgenössische For-

schungsanstalt für Obst-, Wein- und Gartenbau Wädenswil, Schweiz, Ladner

(BAZ-4121/2)

1.4 Züchtung von Erdbeersorten mit hoher Resistenz gegen pilzliche Schaderreger und hoher Qualitätsleistung für integrierte und biologische Anbauverfahren

Breeding of high quality strawberry cultivars with a high degree of resistance to fungal pathogens for integrated and biological cultivation

Olbricht, K.

Zielsetzung/Aim:

Züchtung von leistungsstarken, geschmacklich wertvollen Erdbeersorten bzw. Basismaterial mit hoher Resistenz gegenüber *Verticillium dahliae*, *Colletotrichum acutatum*, *Phytophthora fragariae* var. *fragariae*. Entstehende Sorten müssen den hohen Qualitätsanforderungen der Praxis in Bezug auf Fruchtfestigkeit, Geschmack, Haltbarkeit, Fruchtfarbe, Fruchtform und -größe entsprechen und für die gängigen Anbaumethoden geeignet sein. Partnerkreuzungen, erweiterte Kombinationszüchtung, Selektion im Sämlings- und Klonstadium, Generationsbeschleunigung, Resistenzevaluierung, Vererbungsanalysen, obstbauliche Prüfung.

The aim of breeding is the selection of cultivars or basic plant material with improved taste, high performance and high degrees of resistance to *Verticillium dahliae*, *Colletotrichum acutatum*, *Phytophthora fragariae* var. *fragariae*. New cultivars must be sufficient for the high demands on quality in respect to fruit firmness, taste, fruit colour, -shape and -size, as well as durability. In addition, the cultivars must be appropriate to the common methods of cultivation. Hybridisation, selections at the seedling and clone stage, acceleration of generation, resistance evaluation, inheritance analysis, test of plant performance and specific fruit parameters.

Ergebnisse:

Aus den Kreuzungsarbeiten 2003 resultieren ca. 10.000 Sämlingspflanzen, die im Sinne einer Generationsbeschleunigung (Aussaat Frühsommer 2003) bereits als Sämlingsbestand auf dem Feld ausgepflanzt sind und 2004 die Sämlingsselektionsstufe passieren werden.

Nicht vorselektierte Sämlingspopulationen stehen zur Analyse von Vererbungswegen zu Aroma und Resistenzen zur Verfügung. Neben dem Sämlingsbestand stehen A- und B-Klonbestände und ein umfangreiches Sortiment an Kultivaren (8.000 Pflanzen) zur weiteren Bonitur 2004. Darin eingeschlossen ist ein Sortenbestand Genbank, der eine verlässliche statistische Evaluierung von vorerst 40 Sorten, angelehnt an die internationalen Richtlinien (UPOV), ermöglicht (Projekt BAZ-4138).

Vorbereitend zu den *Verticillium*-Resistenztestungen konnte ein repräsentatives Spektrum von Isolaten unterschiedlicher geografischer Provenienz etabliert werden, vornehmlich durch eigene Neuisolationen aus erkrankten Pflanzen.

Mit diesem Isolategemisch wird das Resistenzverhalten von ausgesuchten Klonen und Sorten intensiv unter Gewächshausbedingungen geprüft und in den Folgejahren mit den Ergebnissen auf einem inokulierten Provokationsfeld im Freiland und den Feldbonituren verglichen, so dass verlässliche Aussagen auch zu den Resistenzabstufungen getroffen werden können.

Mit Resistenzversuchen zur Resistenz gegen *Colletotrichum acutatum* und *Phytophthora cactorum* werden im kommenden Winter erste Gewächshaus- und Klimakammerversuche durchgeführt. Entsprechende Pilzisolat und Pflanzen sind zur Inokulation vorbereitet.

Kreuzungspläne für die Kreuzungsarbeit im ersten Quartal 2004 sind bereits ausgearbeitet. Die entsprechenden Kreuzungspflanzen stehen bereit.

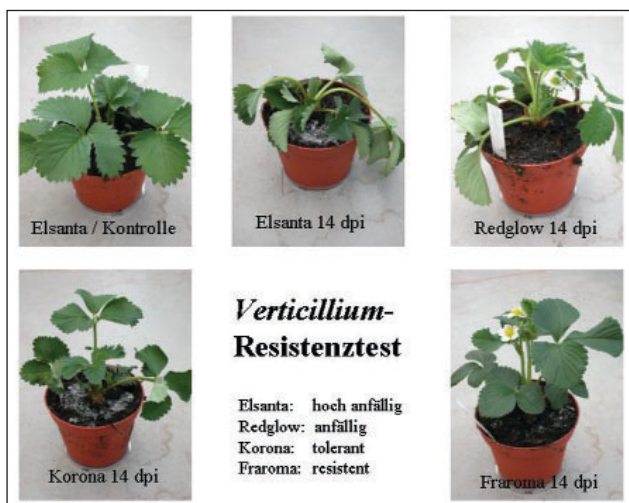


Abb. 1: *Verticillium*-Resistenztest
Fig. 1: Evaluation of *Verticillium*-resistance

Abstract:

As a result of the 2003 crossbreeding work, approximately 10 000 seedlings were planted in the field after sowing seeds in the greenhouse in the same year of crossing (acceleration of generation). Non-selected seedling populations will be used for inheritance analysis regarding aroma and resistances. In addition to the seedlings approx. 8.000 cloned plants and varieties were planted for comparative evaluation and selection. Plants for the germplasm evaluation in 2004, consisting of 40 varieties, are included in this trial. In preparation for the resistance evaluations, different strains of *Verticillium* (a collection of topical isolates) have been assembled, mainly by our own isolations from diseased plants. A mixture of these isolates are currently used for greenhouse inoculations, to compare the results with

results from inoculated provocation field outside. First experiments regarding resistance to *Colletotrichum acutatum* and *Phytophthora cactorum* are in preparation for the winter season.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Pflanzenanalytik, Quedlinburg, Ulrich, Hoberg; BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Kopahnke; Landesversuchsanstalten; Martin-Luther-Universität, Halle, Weber, Schumann, Ilse; Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften, Pohlheim, Pinker; Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz; Hochschule für Technik und Wirtschaft, Dresden, Fachbereich Landbau/Landespflege, Drewes-Alvarèz, Rietze, Scheewe; INRA, Bordeaux, Frankreich, Denoyes-Rothan

(BAZ-4136)

1.5 Ex-situ-Erhaltung und Evaluierung obstgenetischer Ressourcen

Ex situ conservation and evaluation of fruit genetic resources

Höfer, M.

Zielstellung/ Aim:

Das Institut für Obstzüchtung hat die Aufgabe, genetische Ressourcen von Kern-, Stein-, Beeren- und Wildobst zu sammeln, zu erhalten und zu evaluieren und für züchterische, obstbauliche, landschaftsgestaltende, pomologische, taxonomische und phytopathologische Aufgabenstellungen zuzuarbeiten. Die von der FAO 1994 anerkannten „categories of collection“, wie Aktiv- und Basissammlung sowie Sicherheitsduplikat-Sammlung, sollen als zukünftige Konservierungsstrategie auf vorhandene und neu zu erwerbende Akzessionen der Genbank übertragen werden. Für die Obstarten Apfel, Süß- und Sauerkirsche sowie Erdbeere ist es das Ziel, entsprechend dem Globalen Aktionsplan, verabschiedet auf der FAO-Tagung 1996, Kernsammlungen zu erarbeiten, die bei begrenztem Materialumfang die genetische Diversität der kompletten Sammlung einer Art repräsentieren. Für die Dokumentation von Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten werden interne Datenbanken erstellt, die als Informationen in nationale und internationale Datenbanken einfließen werden. Neben den Sortensammlungen für die einzelnen Obstarten steht die Erhaltung und Evaluierung der Wildarten-Kollektionen als wesentlicher Bestandteil der genetischen Ressourcen des Obstes und als Donoren für die Züchtung im Mittelpunkt der Arbeiten.

The main objective for the gene bank at the Institute for Fruit Breeding is the collection, conservation and evaluation of genetic resources of pome and stone fruit, berries and wild fruit species for breeding, fruit production, pomological, taxonomical and phytopathological use. the following aims are included:

- a) Application of the „categories of collection“ according to the FAO as a future preservation strategy for all accessions of the gene bank
- b) Establishment of core collections in apple, sweet and sour cherry and strawberry to represent the genetic diversity of these species.

Ergebnisse:

Zum 01. Januar 2003 wurde die Genbank Obst in das Institut für Obstzüchtung der BAZ integriert. Zum gegenwärtigen Zeitpunkt umfasst die Genbank Obst eine Sammlung von Apfel, Süß- und Sauerkirsche, Erdbeere, Pflaume, Sanddorn und Wildobst sowie Sammlungen von *Malus*, *Fragaria*, *Pyrus* und *Prunus* mit insgesamt 2.360 Akzessionen. Durch den Feuerbrandbefall im Frühjahr/Sommer diesen Jahres musste die Birnensammlung mit 176 Sorten und Klonen komplett gerodet werden.

Für die weitere Arbeit der Genbank Obst wurde eine Konzeption erarbeitet, die eine nationale Verantwortung bei der Koordinierung von Aufgaben zur Erhaltung genetischer Ressourcen bei Obst festschreibt. Mit dem Bundessortenamt, Prüfstelle Wurzen, wurde vereinbart, bei der Erhaltung von Obstsorten und -sorten im Rahmen einer Aufgabenteilung zusammenzuarbeiten.

Zur Ergänzung und Erweiterung der Sammlung wurden im Jahr 2003 15 Sorten bei Apfel bzw. Kirsche neu aufgenommen. Auf der Grundlage der Vereinbarung mit dem Bundessortenamt erfolgte die Übernahme von 29 Erdbeersorten. Für die Obstsorten Apfel, Kirsche und Erdbeere wurden Deskriptorenkataloge entsprechend der Richtlinien des IP-GRI und UPOV erarbeitet.

Zur Erweiterung und Charakterisierung der *Malus*-Wildapfel-Sammlung wurde weiteres Saatgut aus der Sammelreise nach China 2001 ausgesät und es erfolgten weitere Evaluierungen zur Morphologie der Sämlinge.

Im *In-vitro*-Sortiment befinden sich zurzeit 35 Erdbeersorten und 13 *Fragaria*-Wildarten (Teilprojekt 1) sowie 18 Akzessionen von *Pyrus*-Arten.

Abstract:

The fruit gene bank was integrated into the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants, Institute for Fruit Breeding on January 1, 2003. At present there are apple, sweet and sour cherry, strawberry, plum, sea buckthorn and wild fruit collections with a total of 2.360 accessions. Severe fire blight in spring/summer of this year required destruction of the entire pear collection of 173 cultivars and breeding clones. A research plan was drafted to coordinate future efforts. For completion and extension of the gene bank, 15 cultivars of cherry and apple and 29 strawberry cultivars were included. For future evaluation, a catalogue of descriptors was developed for apple, cherry and strawberry. The *in vitro* collection consists of 48 accessions of strawberry (subproject 1) and 18 accessions of *Pyrus*.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft; Bundessortenamt Wurzen; Cornell-University, Geneva und U.S. Department of Agriculture, Corvallis, USA

(BAZ-4138)

1.5.1 Etablierung einer *In-vitro*-Genbank bei Erdbeere und Aufbau eines Datenmanagements zur Sicherung von Basismustern

Establishment of an *in vitro* gene bank for strawberry and elaboration of a germplasm management plan to preserve the basic collection

Höfer, M.

Zielstellung/Aim:

Zur Umsetzung des Konservierungs-Konzeptes bei Erdbeere ist es das Ziel, zusätzlich zur Aktivsammlung auf dem Feld eine Basissammlung von Sorten und Wildarten aufzubauen. Mit Hilfe der Kühllagerung von Pflanzen *in vitro* gilt es, Verluste von genetischen Ressourcen auf Grund von phytosanitären Einflüssen, insbesondere Viruskrankheiten, zu vermeiden und den Erhaltungsaufwand in der Aktivsammlung zu minimieren. Im ersten Schritt steht die Erarbeitung und Optimierung der Methode von der *In-vitro*-Inkulturnahme, der Vermehrung, der eigentlichen *In-vitro*-Kühllagerung (4 °C) bis zur Rücküberführung *in situ* im Vordergrund der Arbeiten. Die Auswahl der Sorten, die in die Langzeitlagerung einbezogen werden, erfolgt nach der Bedeutung der Sorten für den deutschen Erdbeeranbau und in Absprache mit den europäischen Partnerinstituten. Das abschließende Ziel besteht in der Erarbeitung einer Datenbank und eines Managementplanes zur *In-vitro*-Kühllagerung.

The conservation strategy for strawberry includes the establishment of an *in vitro* cold storage program for a basic collection of cultivars and wild species to prevent the losses due to phytosanitary effects, especially viruses, and to reduce the size of the active collection. The working program to establish an *in vitro* cold storage consists of the elaboration and optimization of the method; selection of accessions and establishment of the *in vitro* cold storage facility; establishment of a data base and management plan.

Ergebnisse:

Mit der Integration der Genbank Obst vom IPK Gatersleben in das Institut für Obstzüchtung der BAZ wurde eine der größten europäischen Sammlungen übergeben. Ein geringer Teil der Sorten bzw. Wildarten befand sich bereits in der *In-vitro*-Kultur, so dass eine sofortige Erarbeitung der Methode der *In-vitro*-Kühllagerung bei Nutzung der vielfältigen Erfahrungen im Institut für Obstzüchtung begonnen werden konnte. Zunächst wurde die *In-vitro*-Vermehrung optimiert, um einheitliches Ausgangsmaterial für die *In-vitro*-Kühllagerung zu haben. Zwei von insgesamt sechs getesteten Nährmedien erwiesen sich als besonders geeignet: DKW-Medium mit 0,1 mg/l BAP und 0,01 mg/l

IBA sowie modifiziertes Depotmedium nach Jungnickel ohne Zusatz von Hormonen. Aufbauend auf einem umfangreichen Versuchsprogramm sollen beim Vorhandensein aller materiell-technischen Voraussetzungen die Versuche zur *In-vitro*-Kühlagerung begonnen werden.

Abstract:

The fruit gene bank inherited one of the biggest European strawberry collection with its integration into the Federal Centre of Breeding Research, Institute for Fruit Breeding. A small part of cultivars and wild accessions were available *in vitro*, therefore the optimization of *in vitro* cold storage methods could be started immediately. The *in vitro* proliferation was optimized to create uniform donor material for the cold storage. Two out of six media tested were successful: DKW medium with 0,1 mg/l BAP and 0,01 mg/l IBA and a modified storage medium according to Jungnickel.

In Zusammenarbeit mit: U. S. Department of Agriculture, Corvallis, USA

(BAZ-4138/1)

1.5.2 Charakterisierung von Erdbeersorten und Wildarten im Hinblick auf morphologische Merkmale Characterization of cultivars and wild species in strawberry with morphological descriptors

Höfer, M.; Olbricht, K.

Zielstellung/Aim:

Für die Identifizierung von Erdbeersorten und Wildarten spielen morphologische Merkmale des Habitus, des Blattes, der Blüte sowie der Frucht eine entscheidende Rolle. Ziele sind die Erarbeitung einer umfangreichen Datensammlung und die Erstellung einer Datenbank. Das Projekt wird im Rahmen einer Kooperation mit der Hochschule für Technik und Wirtschaft Dresden bearbeitet, so dass die einzelnen Punkte arbeitsteilig erfasst werden. Charakterisierungen zur Blüte und zur Frucht werden seitens des Institutes für Obstzüchtung vorgenommen, während die Zuarbeiten zum Habitus und zum Blatt seitens des Partners erfolgen.

For the identification of strawberry cultivars and wild species leaves, flowers and fruits are the most important morphological parameters. The aim is the comprehensive evaluation of the material and the development of a data base. This project is being conducted in cooperation with the University of Applied Science/Dresden. The morphology of the flowers and fruits will be characterized by the Institute of Fruit Breeding. The morphological data of the whole plant and the leaf will be recorded by the partner institution.

Ergebnisse:

Im Versuchsjahr wurde ein umfangreicher Deskriptorenkatalog für Erdbeere - bestehend aus 68 Deskriptoren der Blüte und Frucht sowie des Habitus der Pflanze und des

Blattes - entsprechend IPGRI und UPOV erarbeitet und unter den Projektbeteiligten aufgeteilt. Die Evaluierung soll ausschließlich an einjährigen Pflanzen erfolgen, es erfolgte die Aufpflanzung von 39 Sorten und vier Referenzsorten im Versuchsfeld zur Evaluierung 2004.

2003 wurden erste Evaluierungen seitens der HTW an einem alten Feldbestand durchgeführt, um die ersten morphologischen Deskriptoren zu prüfen. Es wurde deutlich, dass die Einheitlichkeit und Gesundheit des Pflanzenmaterials von entscheidender Bedeutung für den Erfolg der Evaluierung ist.

Abstract:

In the last experimental year, a comprehensive catalogue of strawberry descriptors consisting of 68 flower and fruit descriptors and the morphology of the plant and the leaf according IPGRI and UPOV were established. In preparation for the 2004 evaluation, 39 cultivars and 4 reference cultivars were planted in the experimental field. During the growing season 2003 some morphological characters of plant habit and of the leaves were evaluated in an old plantation. Conclusion: Uniform and healthy plants are required for assessing distinctness in further evaluations.

In Zusammenarbeit mit: Hochschule für Technik und Wirtschaft, Dresden

(BAZ-4138/2)

2. Züchtungsforschung Breeding Research

2.1 Evaluierung von Zuchtmaterial bei Erdbeere, Kirsche und Apfel hinsichtlich qualitätsbestimmender Eigenschaften der Frucht Evaluation of fruit quality determining features in strawberry, cherry and apple concerning quality determining features in the fruit

Grafe, C.

Zielstellung/Aim:

Analyse qualitätsbeeinflussender Fruchtmerkmale bei Zuchtmaterial von Erdbeere, Kirsche und Apfel als Selektionshilfe im Zuchtprozess. Messung der Fruchtgröße und -festigkeit sowie der Farbintensität; Bestimmung des Gehaltes an Zucker, organischen Säuren, Vitamin C und Stärke ggf. in Abhängigkeit von Reifegrad und Lagerungsdauer; Bestimmung von sensorischen Eigenschaften (Verkostungen).

Analysis of quality determining features in fruits of strawberry, cherry and apple breeding material as a support for selection during the breeding process. Measurement of fruit size, firmness, and colour intensity; analysis of the content of sugar, organic acids, vitamin C and starch in dependence of ripening and storage time; sensorial characterization (degustations).

Ergebnisse:

Infolge des zunehmenden Bedarfs der Verarbeitungsindustrie an Früchten, die eine sehr gute Gefriertrocknungseignung besitzen, konzentrierten sich die Arbeiten bei der Erdbeere - der wichtigsten Frucht in dieser Verarbeitungsrichtung - im Berichtszeitraum hauptsächlich auf die Bestimmung des Gesamttrockenmassegehaltes. Nach notwendigen methodischen Arbeiten wurde mit einem umfassenden Genotypen-Screening begonnen. Bis zum jetzigen Zeitpunkt sind 72 Genotypen untersucht worden, deren Gesamttrockenmassegehalte zwischen 6,9 und 14,2 % liegen. Genotypen mit den höchsten Gesamttrockenmassen wiesen gleichzeitig auch sehr hohe Brixwerte (lösliche Trockensubstanz) auf, während Genotypen mit niedriger Gesamttrockenmasse durch niedrige Brixwerte gekennzeichnet waren (Korrelationskoeffizient 0,74).

Bei Sauerkirsche wurden 24 Sorten und 27 Genotypen verschiedener Selektionsstufen hinsichtlich ihres Gehaltes an löslicher Trockensubstanz, titrierbarer Säure und Vitamin C sowie der Farbstoffintensität des Saftes untersucht. Die Werte für die lösliche Trockensubstanz lagen zwischen 12,8 ('Safir') und 24,8 % (Klon E1,3,33); Brixwerte über 20 % wiesen weiterhin 'Tarina' (21,8 %), 'Englische Morelle' (20,6) sowie der Klon F5,19,4 (20,4 %) auf. Die gemessenen Säuregehalte schwankten zwischen 1.156 ('Spinell') und 2.948 mg/100 ml Saft ('Topas'). Sehr hohe Säuregehalte erzielten außerdem 'Tarina' und 'Schwäbische Weinweichsel' (2.829 bzw. 2.723 mg/100 ml). Interessant für die Verarbeitungsindustrie sind Säurewerte über 1.800 mg/100 ml. Insgesamt konnten derartige Werte bei 13 Sorten einschließlich der Pillnitzer Züchtungen 'Achat', 'Rubellit', 'Morina' und der bereits erwähnten 'Topas' sowie bei 16 Genotypen des geprüften Züchtungsmaterials gefunden werden, wobei die Genotypen F14,6,43 und F5,12,100 mit 2.687 bzw. 2.486 mg/100 ml herausragten. Auffällig in diesem Jahr war, dass in vergleichbaren Genotypen durchschnittlich 20 % weniger Säure gebildet worden war als 2002. Mittels Varianzanalyse konnte neben signifikanten Genotypenunterschieden der Einfluss der Jahreswitterung auf die Säureproduktion auf hochsignifikantem Niveau bestätigt werden. Der durchschnittliche Vitamin-C-Gehalt von Sauerkirschen beträgt laut Literaturangaben etwa 12 mg/100 g essbarem Fruchtanteil. In den untersuchten Proben wiesen die Genotypen F5,12,100, 'Gerema' und 'Safir' (17,5, 13,7 bzw. 12,4 mg/100 ml Saft) die höchsten Werte auf. Hinsichtlich der Farbintensität des Saftes, eines ebenfalls für die Verarbeitungsindustrie bedeutsamen Merkmals, lagen die spektrophotometrisch gemessenen Werte der 50fach verdünnten Säfte zwischen 0,09 und 1,02 ('Fanal'). Durch hohe Farbstoffkonzentrationen zeichneten sich außerdem F5,19,4 (0,92), 'Safir' (0,74), 'Spinell' und F5,13,122 (je 0,72) sowie E1,3,33 (0,70) aus.

Die Inhaltsstoffanalysen bei der Süßkirsche beschränkten sich in diesem Jahr auf die Erfassung der Brixwerte und der Säuregehalte bei 29 Sorten und 20 Genotypen aus dem

Züchtungsmaterial. Bei einem mittleren Gehalt an löslicher Trockensubstanz von 17,8 % lagen die Extremwerte bei einem Minimum von 14,4 % (F19,3,50) und 24,0 % ('Bing'). Weitere Genotypen mit hohen Brixwerten waren 'Valerij Tschkalov' (23,1 %), F20,2,74 (21,6 %), 'Namare' (21,0 %), 'Nabigos' (20,7 %), 'Büttners Rote Knorpel' (20,2 %) und 'Große Schwarze Knorpel' (20,1 %). Die gemeinsame Betrachtung der Brixwerte dieses und des Vorjahres weist auf einen signifikanten Genotypeneinfluss hin. Bezüglich der Säurewerte wurden 2003 größere Differenzen zwischen den Genotypen als 2002 gefunden. Bei einem Mittel von 901 mg/100 ml schwankten die Werte zwischen 462 ('Naprumi') und 1.961 mg/100 ml ('Kordia'). Durch sehr hohe Säurewerte zeichneten sich weiterhin 'Namati' (1.743 mg/100 ml), 'Valerij Tschkalov' (1.515 mg/100 ml), F20,2,74 (1.474 mg/100 ml) und F19,2,5 (1.436 mg/100 ml) aus.

Die Untersuchungen bei Apfel konzentrieren sich wie im Vorjahr auf sechs Sorten, für die Sortenschutz beantragt worden ist ('Pikosa', 'Pirouette', 'Pisaxa', 'Pivita', 'Rekarda' und 'Recolor') sowie auf sechs aussichtsreiche Klone im Vergleich zu führenden Marktsorten. Im Mittelpunkt stehen dabei regelmäßige Verkostungen, die parallel zu den instrumentellen Analysen (Erfassung von Größe, Festigkeit, löslicher Trockensubstanz, Stärke-, Säure- und Vitamin-C-Gehalt) während der gesamten Lagerperiode durchgeführt werden. Die Untersuchungen sind derzeit noch nicht abgeschlossen.



Abb. 1: Bestimmung der Fruchtfestigkeit bei Äpfeln mit Hilfe des Penetrometers

Fig. 1: Determination of firmness in apples by the penetrometer

Abstract:

Owing to the interest of the fruit processing industry, the main objective of the investigations in strawberry consisted in the screening of a wide range of genotypes for their content of total dry matter. In 72 genotypes tested until now, values between 6,9 and 14,2 % could be found.

In sour cherry, 24 cultivars and 27 genotypes of breeding material were tested for their content of soluble solids, organic acid, ascorbic acid and colour intensity. In dependence on the genotype, the values for soluble solids and acid ranged from 12,8 to 24,8 % and from 1.156 to 2.948 mg/100 ml, respectively. In this year, acid contents were significantly lower than in the last season. Genotypes with high amounts of vitamin C and a very intensive fruit colour were ascertained. In sweet cherry, the contents of soluble solids and organic acid of 29 cultivars and 20 genotypes of breeding material were investigated. The genotypes tested were characterised by brix values and acid contents between 14,4 and 24,0 % as well as 462 and 1.961 mg/100 ml, respectively. The investigations in apple (not concluded) are concentrated on the evaluation of 6 new cultivars and 6 promising breeding clones. Regular tests include degustations and instrumental analysis of size, firmness, brix value, content of starch, organic acid and vitamin C.

(BAZ-4137)

2.2 Merkmalsausprägung und Merkmalsstabilität in gentechnisch veränderten Apfelgehölzen

Expression and stability of traits in genetically modified apple plants

Hanke, V.

Zielstellung:

Die Kombination gleichmäßig hoher Ertragsleistung, guter Fruchtqualität und Resistenz gegenüber Krankheiten ist das wichtigste Ziel der konventionellen Apfelzüchtung. Die Verwendung gentechnischer Methoden wird in diesem Zusammenhang als eine neuartige Methode zum Erreichen von Zuchtzielen angesehen, insbesondere zur Verbesserung von Resistenzeigenschaften gegenüber pilzlichen und bakteriellen Phytopathogenen. Die gegenwärtig existierenden Verfahren zur Erzeugung von gentechnisch veränderten Apfelpflanzen werden hinsichtlich ihrer Effizienz geprüft. Neuartige Verfahren zum Ersatz von Antibiotikaresistenzen werden entwickelt. Bevor langfristig eine Nutzung transgener Gehölze möglich sein wird, müssen die Ausprägung der gentechnisch eingebrachten Merkmale sowie deren Stabilität unter Berücksichtigung der besonderen Eigenschaften von Gehölzen (mehrjährige Kultur mit langer ortsgebundener Standzeit, Zusammenbringen genetisch verschiedener Komponenten durch Veredlung von Edelreis auf Unterlage, Fremdbefruchtung durch Übertragung von Pollen mittels Insekten, hoher Grad an Heterozygotie des Genoms) untersucht werden.

The combination of crop stability, excellent fruit quality and disease resistance is the main objective of conventional apple breeding. The application of genetic engineering in fruit breeding is a new possibility to reach these objectives, especially for improving resistance to fungal and bacterial pathogens. The efficiency of existing technolo-

gies for production of transgenic apple trees will be evaluated. New technologies to avoid antibiotic selection markers will be established. Before transgenic woody plants can be utilized on a commercial level, the transgene expression and stability of traits need to be investigated, taking into account the special characteristics of woody plants. These specialities are: perennial culture together with stationary longevity, combination of different components by grafting scion on rootstock, self sterility and fertilization of foreign pollen by transfer of bees.

Ergebnisse:

Die Forschungsaktivitäten ordnen sich ein in den Bedarf an gentechnischer Sicherheitsforschung und des Monitorings bei gentechnisch veränderten Pflanzen unter Beachtung der Besonderheiten von Gehölzarten, wie Apfel. Das für die Versuchsdurchführung zu verwendende Pflanzenmaterial geht auf ein vorhergehendes Forschungsprojekt zur Erstellung von transgenen Apfelpflanzen mit verbesserter Pathogenresistenz zurück. Insgesamt wurden mit acht verschiedenen Genkonstrukten 248 molekular gut charakterisierte Apfellinien aus Primärtransformanten verschiedener Sorten und Unterlagen hergestellt. Aus diesem Material sollten Pflanzen von 170 Linien an den Standorten Quedlinburg und Pillnitz mit unterschiedlicher Zielstellung der Versuche freigesetzt werden. Der im Jahre 2002 gestellte Freisetzungsantrag ruht zum gegenwärtigen Zeitpunkt bei der Genehmigungsbehörde.

Das Pflanzenmaterial befindet sich zum Teil noch in der *In-vitro*-Phase und zum Teil im Gewächshaus und wird für weitere Untersuchungen genutzt. Die molekularen Untersuchungen zum Auftreten von gene silencing während der Entwicklungsphase der Pflanzen *in vitro* und *ex vitro*, zur Integrationsrichtung von Markergenen und Zielgenen im pflanzlichen Genom sowie zum Auftreten von chimären Regeneraten während der Multiplikation des transgenen Gewebes wurden im Berichtsjahr begonnen.

Weiterhin wurden verschiedene Faktoren geprüft, die die Effizienz des Transformationsprozesses beeinflussen können und das *In-vitro*-Kulturverfahren verbessern.

Abstract:

This research is part of risk assessment and monitoring of genetically engineered plants, taking into account the characteristics of woody plants such as apple. The plant material which will be used was produced in a previous project aimed on transgenic apple plants with increased disease resistance. Using different apple scion and rootstocks, this project resulted in 248 apple lines originated from a single transformation event based on eight different gene constructs. From this material 170 lines were planned to be released to the environment in Quedlinburg and Pillnitz. The application for this release is being suspended at this time.

The plant material is cultivated partly in *in vitro* culture and partly in greenhouse and will be used for further eval-

uation. Molecular research on gene silencing during the plant development *in vitro* and *ex vitro*, on the direction of gene integration and on chimeric structures during propagation of transgenic tissue was started.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben, Richter; MPI für Zellbiologie Ladenburg, Geider; TU München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Forkmann; Cornell-University, USA, H. S. Aldwinckle, W.-S. Kim

(BAZ-4142)

2.3 Untersuchungen zur Stabilität der Merkmalsausprägung in transgenen Gehölzen und zum vertikalen Gentransfer bei Apfel (*Malus domestica*) The investigation of stability of featuredistinction in transgenic in woody plants and vertical gene transfer in apple (*Malus domestica*)

Reim, S.; Hanke, V.

Zielstellung/Aim:

Das Projekt befasst sich im Rahmen der Sicherheitsforschung mit der Analyse gentechnisch veränderter Apfelpflanzen. Die Untersuchungen beziehen sich auf die Stabilität von Transgenen, die Lokalisierung und den Transport von Transgenprodukten in vegetativ vermehrbaren, veredelten transgenen/nicht transgenen Sorten-Unterlagen-Kombinationen, auf die morphologische und obstbauliche Charakterisierung von gentechnisch veränderten Gehölzen nach der Phase der *In-vitro*-Kultur und auf molekulare Untersuchungen zum potentiellen vertikalen Gentransfer unter Nutzung von nicht transgenen Pflanzen.

The project deals with genetically engineered apple plants in the frame of risk assessment. The investigations aimed on the localisation of transgenes and transport of transgene products in vegetative propagated and grafted transgenic/non transgenic scion-rootstock-combinations, on the morphological and pomological characterisation of transgenic woody plants after *in-vitro*-culture and on molecular experiments of a potential vertical gene transfer using non transgenic plants.

Ergebnisse:

Die Untersuchung zur Stabilität der Integration und Expression von Transgenen und zum Transport von Transgenprodukten in transgenen Apfelgehölzen erfolgte an *Ex-vitro*-Pflanzen. Dazu wurden transgene Pflanzen aus der *In-vitro*-Kultur bewurzelt und in das Gewächshaus überführt. Diese wurden anschließend in unterschiedlichen Kombinationen veredelt, so dass als Probenmaterial Veredelungen mit transgenen bzw. nicht transgenen Edelreis-/Unterlagen-Kombinationen sowie transgene Edelreissorten und transgene Unterlagen ohne Veredelung zur Verfügung stehen. Für den Nachweis der Integration und der Expression des Fremdgens und des Markergens wurden die

transgenen Komponenten der Veredelungsvarianten mit Hilfe der PCR-Technik und immunbiologischer Verfahren untersucht.

Insgesamt wurden 15 gentechnisch veränderte Linien des Apfels auf die Stabilität der Integration und Expression des Fremdgens untersucht. Dabei wurde bei drei der Linien eine Zunahme der Instabilität der Integration des Fremdgens von der *In-vitro*-Pflanze bis zur veredelten *Ex-vitro*-Apfelpflanze festgestellt. 13 Apfelpflanzen aus fünf weiteren Linien zeigten eine instabile Expression des *nptII*-Markergens. Diese wurden in weiteren Versuchen auf eine Methylierung des *nos*-Promotors untersucht, der für das Anschalten des *nptII*-Markergens verantwortlich ist. Dabei konnte bei neun Pflanzen eine Methylierung des *nos*-Promotors festgestellt werden. In den anderen vier Fällen war der Nachweis der Integration des *nos*-Promotors nicht möglich.

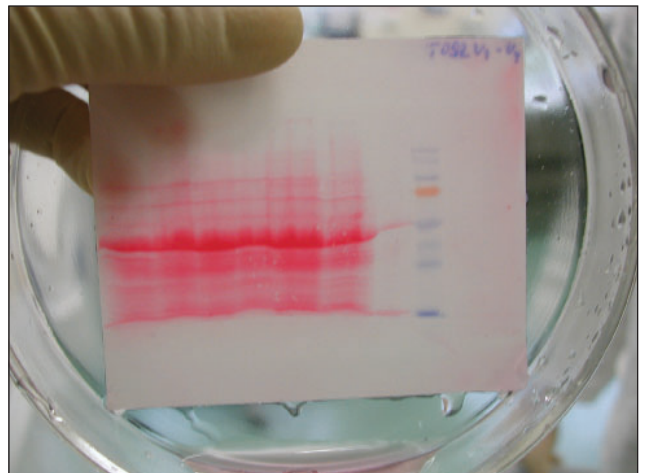


Abb. 1: Anfärbung der aus Holz extrahierten Proteine mit Ponceau S nach Semi-dry Blot

Fig. 1: Coloration of Protein extracted from woody tissue with Ponceau S after semi-dry blot

Für die Untersuchung des Transportes von Transgenprodukten wurde eine Methode zur Extraktion von Proteinen aus Holz entwickelt (Abb. 1). Für die Detektion der Transgenprodukte in veredelten Apfelgehölzen müssen die Western-Blot-Analysen noch modifiziert werden.

Für die Untersuchung des vertikalen Gentransfers mit molekularen Markern wurden zunächst bekannte SSR-Marker getestet, um einen pollenspenderspezifischen SSR-Marker zu finden. Durch die Kombination von vier SSR-Primerpaaren (CH05A05, CH03D11, CH03B10, CH02C02) lassen sich spezifische Allele des Pollenspenderbaumes (*M. pumila* var. *Niedzwetzkyana*) von den 49 Apfelsorten im Versuchsfeld unterscheiden. Mit Hilfe dieser Primer können im Frühjahr die Nachkommen der Fängerpflanzen identifiziert und anhand der Ergebnisse die Distanz und Häufigkeit des Pollentransfers eingeschätzt werden.

Abstract:

The investigation on stability of the integration and expression of transgenes were performed on different scion/rootstock-combinations of transgenic/non-transgenic plant material.

Firstly, 15 transgenic apple plants were investigated on the stability of integration of the transgene. 3 lines of them showed an increasing instability of the integration of the T-DNA during the time from the *in vitro* plant to the grafted *ex vitro* plant. 13 apple plants of 5 lines did not express the *nptII* markergene. These plants were analysed on the methylation of the nos promoter, which is responsible for the activity of the expression of the *nptII* markergene. In four cases the integration of the nos promoter was not detectable. The remaining 13 plants might be methylated at the nos promoter site.

For the analysis on the transport of transgene products a method for the extraction of protein from woody tissue was developed. For the detection of the transgene products, the western blot analysis will be modified.

For the examination on vertical gene transfer with molecular markers, SSR-markers for the identification of the pollen dispenser plants were tested. The combination of 4 different SSR-primers enable to distinguish specific alleles of the pollen dispenser plant and the recipient plants. With these primers the progeny of the recipient plants will be investigated and afterwards the frequency and distance of the pollen transport will be estimated.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Handschack

(BAZ-4107) gefördert durch das Land Sachsen

2.4 Etablierung männlicher Sterilität und Parthenokarpie in transgenen Kulturapfelsorten zur Verhinderung des vertikalen Gentransfers auf Wild- und Kulturapfel

Establishment of male sterility and parthenocarpy in apple plants

Flachowsky, H.; Hanke, V.

Zielsetzung/Aim:

Die Übertragung von transgenem Pollen auf nicht transgene Pflanzen und die unkontrollierte Ausbreitung von Samen stellen zwei wesentliche Risikofaktoren bei der Freisetzung transgener Pflanzen, insbesondere bei fremdbefruchteten und insektenbestäubten Arten, dar.

Ziel des Projektes ist es, Pollensterilität sowie parthenokarpes Fruchtwachstum an Pflanzen zu induzieren, um eine Ausbreitung der bereits übertragenen Resistenzgene auf andere Kultur- und Wildapfelbestände unter Freilandbedingungen zu verhindern.

Das Projekt ist Teil des Verbundvorhabens „Spezifische Umweltwirkungen transgener Gehölze“, das im Rahmen des BMBF-Förderschwerpunktes „Sicherheitsforschung und Monitoring“ im Programm der Bundesregierung „Biotechnologie 2000“ durchgeführt wird.

A possible transfer of pollen from transgenic to non-transgenic plants and an uncontrolled spread of seeds are both important risk factors for the release of transgenic plants to the environment. The aim of the project is to establish male sterility and parthenocarpic fruit development in transgenic apple plants to avoid the transfer of genetically engineered resistance genes to the cultured varieties and wild species of apple under orchard conditions. The project is part of a research network on „Specific environmental impact of transgenic woody plants“, realised in the frame of the programme „Biotechnology 2000“ supported by the Federal government on risk assessment and monitoring.

Ergebnisse:

Für die genetische Transformation zur Induktion von männlicher Sterilität und Parthenokarpie bei Apfel wurden *In-vitro*-Kulturen der Sorten ‘Pinova’, ‘Pilot’, der Wildart *Malus robusta* sowie von 17 verschiedenen transgenen Linien verwendet. Das verwendete transgene Ausgangsmaterial entstammt einem vorangegangenen Forschungsprojekt zur Erstellung transgener Pflanzen bei ausgewählten Apfelsorten und -unterlagen unter Nutzung von Genkonstrukten zur Induktion von Resistenz gegenüber Phytopathogenen (Mehltau - *Podosphaera leucotricha*, Schorf - *Venturia inaequalis* und Feuerbrand - *Erwinia amylovora*).

Für die Entwicklung von männlicher Sterilität wurden Transformationen mit den Konstrukten *Nin88_Gus* und *Nin88_Nin88antisense* (Goetz et al., 2001) durchgeführt. Das Gen *Nin88* kodiert für eine extrazelluläre Invertase von Tabak (*Nicotiana tabacum*), welche eine tragende Rolle im Kohlenstoffwechsel sich entwickelnder Pollen einnimmt. Die Blockierung dieses Gens durch Verwendung eines Antisense-Konstrukts führt möglicherweise dazu, dass der Kohlenstoffwechsel und damit die Pollenentwicklung gestört sind. Durch eine verminderte Expression dieses Gens konnte bereits erfolgreich männliche Sterilität bei Tabak und Tomate erzeugt werden (Goetz et al., 2001). Insgesamt wurden in den laufenden Arbeiten bei Apfel 108 transgene Linien identifiziert. Diese Linien wurden mittels PCR und Southern-Blot auf die Integration von Ziel- und Markergenen analysiert. Im Anschluss wurden für das Konstrukt *Nin88_Gus* elf Linien und für das Konstrukt *Nin88_Nin88antisense* 15 Linien ausgewählt und auf die Expression des verwendeten *nptII*-Markergens untersucht. Alle 26 Apfellinien wurden bewurzelt und ins Gewächshaus überführt (Abb. 1). Auffällig dabei waren die auftretenden Größenunterschiede zwischen Einzelpflanzen einer vegetativ vermehrten Linie (Abb. 2). Die Ursachen für das Auftreten solcher Unterschiede müssen noch näher analysiert werden. Im Winter 2003/2004 erfolgt die Veredlung

der transgenen Linien auf die Unterlage M9 mit Hibernal als Stammbildner. Damit ist im Frühjahr 2004 bereits mit ersten Blüten an den veredelten Bäumen zu rechnen, die dann für Untersuchungen zur Pollenentwicklung und -reife herangezogen werden können.



Abb. 1: *Nin88*-transgene Linien im Gewächshaus
Fig. 1: *Nin88*-transgenic lines in the greenhouse

Weiterhin wurden für die Induktion männlicher Sterilität Transformationen mit dem Konstrukt CAMV35S_FHTantisense durchgeführt, aus denen bisher acht transgene Linien hervorgegangen sind. Dieses Konstrukt wurde von Dr. Th. Fischer (TU München, Weihenstephan) hergestellt und blockiert die Expression der Flavanon-3-hydroxylase eines Enzyms der Flavonoidbiosynthese. Durch diese Blockierung wird vor allem die Bildung der für die Pollenentwicklung wichtigen Flavonole Quercetin und Kämpferol reduziert. Die aus den Transformationen hervorgegangenen acht transgenen Linien wurden molekular und biochemisch analysiert und ins Gewächshaus überführt (Abb. 2). In diesem Winter erfolgt die Veredelung dieser Linien auf Unterlagen, so dass auch dieses Material für blütenbiologische Untersuchungen im kommenden Jahr erstmalig zur Verfügung steht. Weitere 56 Regenerate aus derartigen Transformationen werden zurzeit molekulargenetisch charakterisiert.

Mit den von Dr. Th. Debener (BAZ, Institut für Zierpflanzenzüchtung Ahrensburg) erstellten Barnase-Genkonstrukten *CIGPDHCBarnase* und *pTA29Barnase* sowie den Stilbensynthese-Genkonstrukten *CIGPDHCVst1* und *pTA29Vst1* konnten insgesamt 101 Linien erzeugt werden. Die Barnase ist eine Ribonuklease, welche für Zellen toxisch ist. Durch die gewebespezifische Expression dieses Gens soll sich entwickelndes Pollengewebe zerstört werden. Bei *Vst1* handelt es sich um eine Stilbensynthese. Die Überexpression dieses Gens führt aufgrund einer bestehenden Substratkonkurrenz zur Reduzierung der Flavonoidbiosynthese. Dadurch kommt es zum Mangel an Quercetin und Kämpferol, welche für die Pollenentwick-

lung notwendig sind. Bei der Untersuchung der aus diesen Transformationen hervorgegangenen Pflanzen bezüglich Integration und Expression von Ziel- und Markergenen wurden einige Unregelmäßigkeiten festgestellt. Diese müssen in weiterführenden Untersuchungen geklärt werden.



Abb. 2: Größenunterschied von *Nin88*-transgenen Pflanzen einer Linie
Fig. 2: Difference in size between two *Nin88*-transgenic plants of the same line

Für die Etablierung von Parthenokarpie im Apfel wurden zahlreiche Transformationen mit dem Konstrukt *DefH9-iaaM* (Rotino et al., 1997) durchgeführt. Hier soll durch eine Ovula-spezifische Expression einer Indolessigsäure die Zellteilung des mütterlichen Gewebes zum Zeitpunkt vor der Befruchtung initiiert werden. Aus den Transformationen gingen insgesamt 83 Regenerate hervor. Bis zum heutigen Zeitpunkt zeigte keine dieser Pflanzen die Integration des *iaaM*-Gens. Aus diesem Grund wurde mit der Erstellung von zwei weiteren Konstrukten begonnen, die möglicherweise Parthenokarpie bei Apfel bewirken können. Diese Konstrukte sollen das Barnase-Gen (aus *Bacillus amyloliquefaciens*), das für eine zelltoxische Ribonuklease kodiert, gewebespezifisch im Embryosack bzw. im Endosperm exprimieren. Der Embryosack-spezifische Promotor *pZMES4* stammt aus Mais (*Zea mais*), der Endosperm-spezifische Promotor *D-hor* aus Gerste (*Hordeum vulgare*). Die Promotorfragmente wurden bereits isoliert und werden momentan in den Vektor *pGreen0029_Barnase* kloniert.

Mit dem Ziel, die Verwendung von Antibiotikaresistenzgenen als Markersysteme bei Transformationen abzulösen, wurde mit der Etablierung neuartiger Selektionssysteme begonnen: zum einen zur positiven Selektion auf der Basis der Phosphomannoseisomerase (Syngenta Seeds GmbH) und zum anderen mit einem System zur sequenzspezifischen Rekombination des *nptII*-Markergens (Ebinuma et al., 2000). Erste Ergebnisse dazu liegen vor.

Abstract:

To induce male sterility and parthenocarpy in apple, genetic transformation was performed using *in vitro* cultures of the cultivars 'Pinova', 'Pilot', of the wild species *Malus robusta* and of 17 different transgenic lines. The transgenic lines were regenerated in a previous project on genetic engineering in apple for disease resistance (mildew, apple scab and fire blight).

For the development of male sterile plants, transformations with the constructs *Nin88_Gus* and *Nin88_Nin88antisense* (Goetz et al., 2001) were carried out. Altogether 108 transgenic lines were identified. These lines were analyzed for the integration of the gene of interest and the marker gene using PCR and Southern Blot. Eleven lines of the construct *Nin88_Gus* and 15 lines of the construct *Nin88_Nin88antisense* were selected and tested for the expression of the *nptII* gene. These 26 lines were rooted and transferred into the greenhouse. In winter 2003/2004 these lines will be grafted onto M9-Hibernal rootstock. First flowering of these plants can be expected in 2004.

Transformations for male sterility using the construct *CAMV35S_FHTantisense* resulted in eight transgenic lines. This construct blocks the expression of the flavanone-3-hydroxylase, an enzyme of the flavanoid pathway. These transgenic apple lines were analyzed by molecular and biochemical approaches and transferred into the greenhouse. They will be grafted also in winter. 56 additional lines are still under investigation.

Using the barnase-constructs *CIGPDHCBarnase* and *pTA29Barnase* and the stilben synthase -constructs *CIGPDHCVst1* and *pTA29Vst1* - 101 lines were generated. The analysis of gene integration and expression in these lines several irregularities were detected.

To establish parthenocarpy in apple, several transformations using the construct *DefH9_iaaM* (Rotino et al., 1998) were carried out which resulted in 83 regenerated plants. The integration of the *iaaM* gene was still not detected. The development of two additional constructs was started. These constructs will express the barnase gene (*Bacillus amyloliquefaciens*) tissue specific under the control of the embryo sac specific promotor *pZMES4* (*Zea mais*) and the endosperm specific promotor *D-hor* (*Hordeum vulgare*), respectively. The promotor fragments were isolated and cloned into the vector *pGreen0029_Barnase*.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Zierpflanzenzüchtung, Ahrensburg, Debener; Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Großhansdorf, Fladung; Max-Planck-Institut, Institut für Züchtungsforschung, Köln, Sommer; TU Würzburg, Institut für Pharmazeutische Biologie, Roitsch; Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik und Botanischer Garten, Angewandte Moleku-

larbiologie der Pflanzen (AMP II), Dresselhaus; TU München Lehrstuhl für Zierpflanzenbau, Weihenstephan, Fischer; Südwestdeutsche Saatzucht AG, Dr. Hans Rudolf Späth; University of California, Berkeley, USA, Weigel und Cho; Syngenta Seeds AG, Schweiz; Nippon Paper Industries, Japan.

2.5 Charakterisierung der Regeneratpflanzen aus der Haploidenerzeugung bei Apfel Characterization of regenerants of haploid induction in apple

Höfer, M.; Grafe, Ch.

Zielstellung/Aim:

Mit dem Ziel, die Effizienz der Selektion und damit den gesamten Züchtungsprozess bei Apfel effektiver zu gestalten, wurden im Institut für Obstzüchtung homozygote Linien über die drei Methoden der Haploidenerzeugung, Antheren- und Mikrosporenkultur sowie *In-situ* Parthenogenese, erzeugt. Um die Regeneratpflanzen aus der Haploidenerzeugung im kombinierten Einsatz mit den klassischen Züchtungsmethoden zu nutzen, ist die Charakterisierung im Hinblick auf den Ploidie- und Zygotiegrad (Nachweis der Reinerbigkeit), die Morphologie, die Fruchtparameter sowie die Resistenzeigenschaften (Schorf und Mehltau) von größter Bedeutung. Nach positiver Selektion, der Veredlung im Freiland und der Erfassung der Fertilität wird ein Zuchtschema erarbeitet.

The aim is to investigate the regenerants from haploid induction in apple regarding ploidy level, zygosity, morphology and resistance traits (scab and mildew). After positive selection, grafting in the orchard and determination of fertility, a breeding approach will be established to test further possibilities for increased the efficiency of selection combining employment of classical breeding and haploid production.

Ergebnisse:

Zum gegenwärtigen Zeitpunkt existieren 74 Linien aus der Antheren- und Mikrosporenkultur sowie aus Versuchen der *In-situ*-Parthenogenese bei Apfel, von denen 41 erfolgreich ins Versuchsfeld überführt wurden.

Zur Erfassung des Ploidiegrades wurden an allen induzierten Embryonen bzw. späteren Regenerationsstadien und Blättern von *In-vitro*-Sprossen flowcytometrische Untersuchungen durchgeführt. Während alle parthenogenetischen Linien ausschließlich diploid waren, zeigten die androgenen Linien im Ergebnis dieser Untersuchungen für jeden Donorgenotyp in den untersuchten Linien eine Verteilung des Ploidiegrades vom haploiden, diploiden, triploiden bis tetraploiden Niveau. Statistische Berechnungen belegen signifikante Unterschiede zwischen den getesteten Donorgenotypen und zwischen der gewählten Methode, Antheren bzw. Mikrosporenkultur für einen Genotyp.

Die Untersuchung der Homozygotie mittels Isoenzymen und SSR-Marker wurde fortgesetzt. Besonderes Augenmerk galt der Untersuchung der Linien parthenogenetischen Ursprungs. Nach den Isoenzym-Analysen der vergangenen Jahre wurden alle Linien mit Hinweis auf Heterozygotie eliminiert. Die diesjährigen SSR-Analysen belegen jedoch, dass in einzelnen Linien neben einem Allel des Donors (Mutter) zum Teil der Vater (bestrahlter homozygot dominanter Rotmarker) mit einem Allel und auch ein bis zwei unspezifische Allele auftraten, deren Ursprung ungeklärt ist. Bei einer androgenen Linie wurde 2003 erster Fruchtansatz beobachtet.

Abstract:

At present, 74 lines of apple from anther and microspore culture exist and 41 of them were transferred to the orchard. To determine the ploidy level, flowcytometrical analyses were performed using all induced embryos, regeneration stages and leaves of *in vitro* shoots. All parthenogenic lines are diploid, while a distribution of the ploidy level could be observed between the investigated lines of one donor genotype derived from androgenesis. Statistical calculations demonstrated significant differences between the genotypes and methods used (anther and microspore culture) for the same genotype. The investigation of homozygosity using isoenzymes and SSR-markers were continued. The SSR-analyses of the parthenogenic lines showed in addition to one allele of the maternal genotype one or two aspecific alleles which could not be explained by the irradiated pollen of the father (red marker TNR). The first fruits were observed in one androgenic line.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft; INRA Angers, Frankreich; INIA Madrid, Spanien

(BAZ-4124)

2.6 Entwicklung von molekularen Markern für die Züchtung dauerhaft schorf- und mehlttauresistenter Apfelsorten

Development of molecular markers for breeding apple cultivars with durable scab and powdery mildew resistance

Dunemann, F.

Zielstellung/Aim:

Vor dem Hintergrund des starken Pflanzenschutzmitteleinsatzes im kommerziellen Apfelanbau ist dauerhafte Resistenz gegen Apfelschorf (*Venturia inaequalis*) und Echten Mehltau (*Podosphaera leucotricha*) eines der Hauptzuchtziele in der Apfelsortenzüchtung. Aufgrund der bei beiden Pathogenen möglichen Entstehung neuer Erregerrassen ist eine Erweiterung der genetischen Basis der Resistenz eine wichtige Grundlage für zukünftige Resistenzzüchtungsstrategien. Da neben der Verwendung polygener Resistenzen insbesondere die gezielte Akkumulation von verschiede-

nen monogen vererbten Resistenzen in einem Genotyp angestrebt wird, sind diagnostische DNA-Marker für die beteiligten Gene unerlässlich. Neben der phytopathologischen und resistenzgenetischen Charakterisierung von neuen, monogen dominant vererbten Schorf- und Mehlttauresistenzen, aber auch von polygenen Resistenzen, sollen eng gekoppelte DNA-Marker für die beteiligten Gene identifiziert werden, die für eine markergestützte Frühselektion in Apfel-Sämlingspopulationen eingesetzt werden können.

Durable resistance against scab and powdery mildew, caused by the fungi *Venturia inaequalis* and *Podosphaera leucotricha*, is one of the main objectives in apple breeding. In the case of apple scab the occurrence of new virulent races that are able to overcome the Vf resistance has forced the search for new resistance sources as well as the better characterization of already known resistances. Also in powdery mildew the existence of physiological races has already been described. Beside the usage of polygenic resistances in future apple breeding programs, the pyramiding of different specific monogenic resistances in one single genotype is already in progress. Especially the latter strategy needs the availability of a set of diagnostic DNA markers to detect the desired gene combinations in a resistant plant. Therefore the research is aimed at the phytopathological and genetically characterization of the resistance sources involved and the development of molecular markers suitable for marker assisted selection.

Ergebnisse:

Aufgrund der auch in Deutschland zunehmenden Häufigkeit von Berichten über die Brechung der Vf-Schorfresistenz, der ersten züchterisch aus *Malus floribunda* in Kulturapfelsorten eingeführten Schorfresistenz, wird auch am Institut für Obstzüchtung intensiv an der Erforschung alternativer Schorfresistenzen gearbeitet, welche mittelfristig die Vf-Resistenz ersetzen oder zumindest komplementieren sollen. Als eine besonders wertvolle Resistenz wird in diesem Zusammenhang die Vr-Resistenz aus dem so genannten „russischen Sämling“ R12740-7A, einer zurzeit taxonomisch nicht genau zu definierenden *M. pumila*-Herkunft, gesehen.

Im Institut für Obstzüchtung sind in den vergangenen Jahren einige neue Sorten, wie z. B. 'Regia', 'Realka' und 'Remura', entstanden, die eine gute Schorfresistenz aufweisen und offenbar auch den Schorffrasen 6 und 7, welche die Vf-Resistenz überwinden, Widerstand leisten. Auch die Vr-Resistenz geht wahrscheinlich auf nur ein oder zwei „starke“ Resistenzgene zurück, wodurch allerdings prinzipiell auch bei dieser Resistenzquelle die Gefahr besteht, dass im Rahmen eines ausgedehnten Anbaus von resistenten Sorten neue Erregerrassen auch diese Resistenz erneut brechen. Als Lösung für dieses Problem wird zurzeit die gezielte Akkumulation von zwei oder sogar drei verschiedenen Schorfresistenzen, wie z. B. Vf-Vr oder Vf-Vr-Va (Va, Resistenz aus 'Antonowka'), ange-

strebt. Bei einer rein phänotypischen Selektion der resistenten Sämlinge im ersten Jahr nach der Aussaat ist es nicht möglich, die „doppelt resistenten“ Genotypen zu identifizieren. Dies wäre im Prinzip unter Verwendung aufwendiger phytopathologischer Testmethoden und des Einsatzes definierter Erregerstämme zwar möglich, ist aber im Zuge der praktischen Apfelzüchtung nicht oder nur in sehr geringem Umfang zu realisieren. Aus diesem Grund wird eine DNA-markergestützte Selektion angestrebt. Die im Vorjahr gefundenen ersten molekularen Marker für die *Vr*-Resistenz wurden im Berichtsjahr weiterhin bearbeitet, vor allem um einen technisch möglichst einfachen DNA-Ansatz zu entwickeln, der sowohl die *Vf*-Resistenz als auch die *Vr*-Resistenz in nur einem einzigen PCR-Ansatz gemeinsam detektiert. Daneben standen Untersuchungen zur Resistenzgenetik und Genkartierung im Vordergrund, da es von großem wissenschaftlichen wie auch praktischem Interesse ist, genauere Informationen über die genetischen Zusammenhänge im Wirt-Pathogensystem *Malus-Venturia inaequalis* zu erhalten.

Die nach „Bulked-Segregant-Analyse“ auf der Basis von drei verschiedenen Apfelnachkommenschaften mit ‘Regia’ als resistentem Elter identifizierten RAPD-Marker AD13₉₅₀ und Q7₁₅₀₀ wurden herangezogen, um aus ihnen SCAR- (sequence characterized amplified region) Marker abzuleiten. Bislang gelang dies nur für den Marker AD13₉₅₀. Trotz mehrfacher Versuche und unter Verwendung von Sequenzen der RAPD-Fragmente des resistenten und anfälligen Elters gelang es beim RAPD Q7₁₅₀₀ bislang nicht, einen Polymorphismus zu amplifizieren. Für die markergestützte Selektion auf *Vr* stellt dies jedoch kein Problem dar, da beide Marker eng gekoppelt sind und mit hoher Wahrscheinlichkeit auf der gleichen Seite des Resistenzlocus liegen. Auf Basis der bislang vorliegenden Schorf- und Markerdaten kann von einer Rekombinationsfrequenz von etwa 5 % (5 cM) ausgegangen werden. Der codominante SCAR AD13 stellt einen wertvollen Marker dar, weil er nicht nur die genaue Allelkonfiguration am Resistenzlocus beschreibt sondern darüber hinaus mindestens zwei weitere Allele in verschiedenen *Malus*-Sorten und Arten amplifiziert, die für taxonomische Untersuchungen herangezogen werden können (Abb. 1). Während dieser Arbeiten deutete sich z. B. an, dass unter Umständen ein verwandtschaftlicher Zusammenhang zwischen dem „Russian seedling“ und Herkünften von *Malus sieversii* bestehen könnte, einer in Zentralasien (Kasachstan) vorkommenden *Malus*-Art, die maßgeblich an der Entstehung des Kulturapfels beteiligt war. Dies wäre eine wertvolle Information im Hinblick auf eine in der Zukunft stärkere Berücksichtigung dieses Apfelforfahrs im Rahmen der Sortenzüchtung.

Um gleichzeitig eine Markeranalyse für die beiden zurzeit wichtigsten Schorfresistenzen *Vf* und *Vr* durchführen zu können, d. h. die erwünschten Genkombinationen innerhalb von *Vf* x *Vr*- Kreuzungsnachkommenschaften identifizieren zu können, wurde ein PCR-Multiplex-Assay ent-

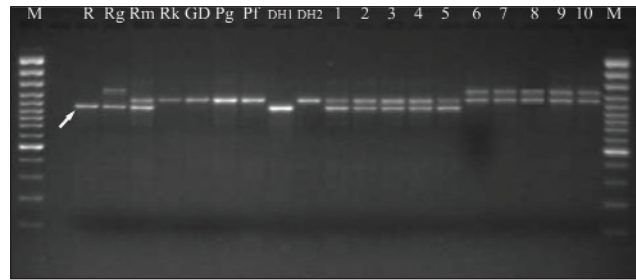


Abb. 1: PCR-Bandenmuster des SCARs AD13 in verschiedenen Apfelsorten, zwei DH-Linien und Nachkommen der Kreuzung ‘Regia’ x ‘Pingo’ (Spuren 1-10)

Fig. 1: PCR amplification patterns obtained with the AD13-SCAR primers for the *Vr* donor R12740-7A (R), several *Vr* resistant cultivars: Regia (Rg), Remura (Rm), Reka (Rk, no *Vr* marker), susceptible cultivars: Golden Delicious (GD), Pingo (Pg), Pi-flora (Pf), two DH-lines (DH1, DH2) and selected progeny plants of the population ‘Regia’ x ‘Pingo’; M: size standard; 1 Kb- ladder

wickelt, der mit Hilfe des bereits publizierten codominanten *Vf*-SCARs AL07 (Tartarini et al., Plant Breeding 118, 1999, 183-186) und des AD13 SCAR ein sehr aussagefähiges Markerprofil liefert. Wie Abb. 2 zeigt, können mit Hilfe einer einzigen PCR die zweifach resistenten Sämlinge identifiziert werden. Die Markeranalysen in Nachkommenschaften aus *Vf*-resistenten Sorten mit *Vr*-resistenten Sorten, wie z. B. die Kreuzung ‘Rebella’ x ‘Realka’, bestätigten auch die Vermutung, dass in den Apfelanlagen des Institutes für Obstzüchtung in Dresden-Pillnitz die *Vf*-bre-

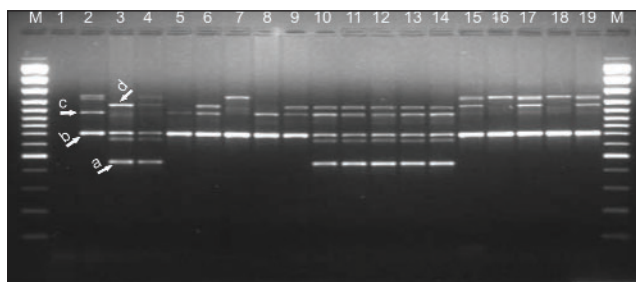


Abb. 2: Multiplex-PCR mit zwei verschiedenen Schorfresistenz-SCARs (AL07-SCAR and AD13-SCAR); Spuren 10 -14: zweifach-resistente Genotypen (Allele a + c)

Fig. 2: PCR multiplexing using two SCAR primers (AL07-SCAR and AD13-SCAR); arrows a (resistant allele) and b (susceptible allele) are corresponding to the AL07-SCAR ; arrows c (resistant allele) and d (susceptible allele) to the AD13-SCAR, respectively; lanes from left to right: 1-water; 2 -Regia (*Vr*), 3- Rebella (*Vf*), 4 to 19 - selected progeny plants of the population ‘Regia’ x ‘Rebella’ ; lanes 10 to 14: genotypes possessing both scab resistances (alleles a + c); M: size standard; 1 Kb-ladder

chenden Rassen 6 und/oder 7 präsent sein müssen. Während Genotypen nur mit *Vr* bzw. *Vr* + *Vf* nach Schorfrest mit einem lokalen gemischten Inokulum nicht befallen waren, waren Pflanzen, die nur *Vf* bzw. überhaupt kein Resistenzallel trugen, anfällig. Diese Tendenz war in mehreren Nachkommenschaften zu beobachten und lässt den Schluss zu, dass auch im Raum Dresden die *Vf*-Resistenz als alleinige Basis für die Realisierung dauerhafter Schorfresistenz nicht mehr ausreichen dürfte.

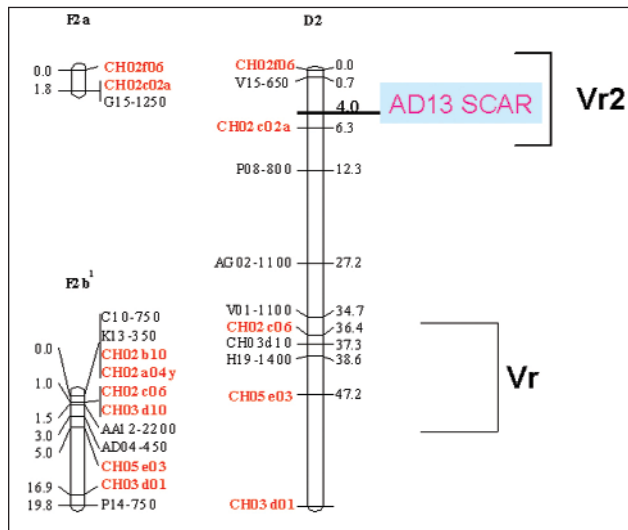


Abb. 3: *Malus*-Kopplungsgruppe 2 (nach Liebhardt et al. 2002, *Molecular Breeding* 10: 217-241) mit Positionen von *Vr* (Hemmat et al. 2002, *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 127: 365 -370) und *Vr2*/AD13-SCAR

Fig. 3: *Malus* linkage group 2 (according to Liebhardt et al. 2002, *Molecular Breeding* 10: 217-241) with positions of *Vr* (Hemmat et al. 2002, *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 127: 365 -370) und *Vr2*/AD13-SCAR

Die genetische Kartierung mit Hilfe von publizierten SSR-Markern führte zur Lokalisierung des *Vr*-Resistenzfaktors auf der Kopplungsgruppe 2 von *Malus* (Abb. 3). Interessanterweise scheint es sich dabei nicht um das bereits von einer amerikanischen Arbeitsgruppe beschriebene „eigentliche“ *Vr*-Gen zu handeln, welches sich ebenfalls auf der Kopplungsgruppe 2 befindet, sondern um ein zweites Gen (*Vr2* genannt) am oberen Ende der Kopplungsgruppe 2 mit enger Kopplung zu den Mikrosatellitenloci CH02f06 und CH02c02a. Zwei weitere Arbeitsgruppen, die an der *Vr*-Resistenz arbeiten, haben ebenfalls festgestellt, dass es sich bei dem Phänomen „*Vr*“ um ein Merkmal handelt, welches wenigstens durch zwei Gene kontrolliert wird. Die genaue Position des *Vr2*-Gens wird allerdings zurzeit noch widersprüchlich beschrieben. Vor diesem Hintergrund ist die Positionierung eines zweiten starken *Vr*-Resistenzgens aus 'Regia', ebenfalls auf Kopplungsgruppe 2, ein wichtiger Beitrag zur Aufklärung der Genetik der Schorfresistenz(en) aus dem „russischen Sämling“. Noch ist allerdings nicht klar, ob die Pillnitzer Re-Sorten mit *Vr*-Abstammung zusätzlich auch das *Vr*-Gen tragen. Es ist auch offen, ob es sich nicht vielleicht bei *Vr2* um ein eigen-

ständiges starkes Schorfresistenzgen handelt, welches auch ohne Beteiligung von *Vr* seine volle Wirkung entfalten kann.

Im Bereich der polygenen Schorfresistenz wurde weiterhin die Nachkommenschaft C3 ('Discovery' x 'Prima') mit 'Discovery' als schorf- und mehлтаuresistentem Elter im Freiland auf Schorf- und Mehлтаubefall bonitiert. Mit den Befallsdaten des Jahres 2003 stehen jetzt insgesamt Schorf- und Mehлтаubdaten für die Jahre 1999 - 2003 zur Verfügung. Es wurde damit begonnen, die bereits existierende Markerkarte, die noch eine Reihe von Lücken und Ungenauigkeiten aufweist, zu optimieren, damit eine abschließende QTL-Analyse möglich wird. Bereits jetzt, nach vorläufiger QTL-Kartierung, ist deutlich zu erkennen, dass z. B. auf der Kopplungsgruppe 17 sehr starke Resistenzfaktoren (Majorgene?) für beide Pilze lokalisiert sein müssen. Diese Kopplungsgruppe soll im weiteren Verlauf der Arbeiten näher untersucht und auch für die Klärung der Frage herangezogen werden, inwieweit eine markergestützte Selektion auf starke QTLs im Rahmen der praktischen Züchtung möglich ist.

Für zukünftige Kartierungsarbeiten weiterer, zum größten Teil bislang nicht näher charakterisierter Schorf- und Mehлтаuresistenzgene wurden im Frühjahr 2003 umfangreiche Kreuzungsarbeiten durchgeführt. Nach erster Auswertung der geernteten Früchte und Samen kann davon ausgegangen werden, dass im Winter 2004 insgesamt drei größere ($n > 150$) und eine etwas kleinere Population von ungefähr 100 Individuen für die geplanten Untersuchungen angezogen werden können:

- 'Golden Delicious' (*Vg*-Schorfresistenz, nur Rasse 7 avirulent) x 'Antonowka'
- (*Va*-Schorfresistenz, unbekannte Mehлтаuresistenz)
- 'McIntosh' (anfällig) x 'Antonowka' (*Va*-Schorfresistenz, unbekannte Mehлтаuresistenz)
- 'Cox Orange' (anfällig) x *Malus baccata jackii* (*Vbj*-Schorfresistenz; unbekannte Mehлтаuresistenz)
- 'Idared' (anfällig) x *Malus coronaria* (unbekannte Schorf- und Mehлтаuresistenzen)

Abstract:

Durable resistance against scab, caused by the fungus *Venturia inaequalis*, is one of the main objectives in apple breeding. The occurrence of new virulent fungal races that are able to overcome the *Vf* resistance has forced the search for new resistance sources as well as the further genetic and molecular characterisation of already known strong resistances. The *Vr* resistance derived from the Russian seedling R12740-7A may be a valuable alternative or supplement to *Vf* in approaches to accumulate different major scab resistance genes in a single apple genotype. Molecular marker development for *Vr* was based on the RAPD marker technique. Bulked-segregant analysis was performed using three apple progenies segregating for *Vr*

in a backcross situation. The resistant parent in the crosses was the cultivar 'Regia'. Two polymorphic markers were identified on the basis of resistant and susceptible pools (AD13₉₅₀ and Q7₁₅₀₀). Based on the sequence data of the cloned AD13₉₅₀ fragment SCAR primers were developed. The conversion of Q7₁₅₀₀ into an easy-to-use marker assay is still in progress. The codominant AD13-SCAR can be used to differentiate heterozygous resistant from homozygous resistant plants as well as resistant from susceptible doubled-haploid apple lines. In addition, more than two alleles were amplified in different apple cultivars and *Malus* species making this multi-allelic marker highly informative for molecular investigations of taxonomic relationships in *Malus*. A multiplexing PCR assay using the *Vr*-SCAR AD13 together with the *Vf*-SCAR AL07 in the same PCR reaction was developed for an efficient molecular screening of seedlings obtained from crosses between *Vf*- and *Vr*-resistant apple parents. Marker analyses performed with apple seedlings derived from crosses between *Vf*- and *Vr*-resistant parents, as for example the cross 'Rebella' x 'Realka', indicated, that the *Vf*-resistance alone was not sufficient to cause a strong resistance phenotype. There was also in other progenies a tendency, that only plants carrying *Vr* alone or in combination with *Vf* had a satisfactory degree of scab resistance. The reason for this observation might be the presence of scab race 6 and/or 7 in the orchards at Dresden-Pillnitz that are known to be able to overcome the *Vf* resistance.

The S22-SCAR marker recently published by Hemmat et al. 2002 (*J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 127: 365-370) for a second locus involved in *Vr* resistance was found to be linked with about 5 % recombination frequency to the AD13-SCAR suggesting that this *Vr* factor is contributing to a major part of the scab resistance in cultivar 'Regia' and that we have mapped not the „real“ *Vr* gene linked to the SSR locus CH02b10 but a second strong scab resistance gene. Analysing the two SSR loci CH02f06 and CH02c02a located on top of the apple linkage group 2 (Liebhard et al. 2002, *Molecular Breeding* 10: 217-241), a clear linkage to AD13-SCAR as well as to S22-SCAR was found (i.e. Ch02f06 - AD13-SCAR < 5 cM). This results strongly support the already assumed situation that the phenomenon *Vr* resistance is genetically controlled by at least two different genes. However, it could be shown that both *Vr* and the second gene, called *Vr2*, are located with a large distance on the *Malus* linkage group 2.

In Zusammenarbeit mit: HortResearch, Palmerston North, Neuseeland, Bus, Gardiner

(BAZ-4131)

2.7 Phytopathologische und molekulare Charakterisierung von Virulenzunterschieden beim Erreger des Echten Mehltaus am Apfel Phytopathological and molecular characterization of virulence differences in apple powdery mildew

Lesemann, S.; Dunemann, F.

Zielstellung/Aim:

Dauerhafte Resistenz gegen Echten Mehltau (*Podosphaera leucotricha*) ist eines der Hauptzuchtziele in einer auf nachhaltigen Obstanbau zielenden Apfelzüchtung. Aufgrund der Existenz verschiedener Rassen des Erregers besteht grundsätzlich die Gefahr, dass die in langjähriger züchterischer Arbeit in Kultursorten eingebrachten Resistenzen aus *Malus*-Wildarten gebrochen werden könnten. Im Rahmen des EU-Projektes SMADIA (Sustainable production of apple and pear in Asia: understanding biology of scab and powdery mildew for developing integrated approaches of disease management) soll in enger Kooperation mit den europäischen und asiatischen Partnern die Variabilität des Mehltaupilzes untersucht werden. Dafür sollen insbesondere hocheffiziente molekulare Markersysteme für den Apfelmehltaupilz adaptiert bzw. entwickelt werden, die es erlauben, die genetische Variabilität auf Populationsebene zu evaluieren und damit Aussagen über die Verbreitung möglicherweise besonders gefährlicher Rassen möglich zu machen.

Resistance to powdery mildew (*Podosphaera leucotricha*) is one of the major aims in apple breeding. In order to improve breeding strategies for creating apple cultivars allowing sustainable fruit production it is necessary to get a better understanding about the host-pathogen relationships, fungal population structures and the virulence behaviour of different races. Therefore, one of the main objectives within the framework of the EU project SMADIA (Sustainable production of apple and pear in Asia: understanding biology of scab and powdery mildew for developing integrated approaches of disease management) is to analyse the population genetics of two important diseases on apple, scab and powdery mildew. The major task for the Institute for Fruit Breeding is to develop suitable molecular markers for the analysis of the genetic variability of apple powdery mildew populations in Europe and Asia.

Ergebnisse:

Die zwei Hauptarbeitsgebiete im Berichtsjahr waren die Etablierung von weiteren Einsporlinien des Echten Mehltaupilzes mit außereuropäischer Herkunft sowie die Entwicklung von molekularen Markersystemen für die im zweiten Teil des Vorhabens (ab Winter 2003/2004) geplanten DNA-Analysen auf der Basis von Mehltau-Freilandproben aus europäischen und asiatischen Apfelnbaugebieten.

Neben einer Sammlung von europäischen Referenzisolaten wurden mittlerweile 15 Einsporlinien des Apfelmehl-

taus von Proben aus Indien angelegt. Auch diese Isolate werden in Dualkultur auf *In-vitro*-Sprosskulturen der anfälligen Apfelsorte 'Gibb's Golden Gage' kultiviert. Zur Erhaltung der Isolate, vor allem aber zur Vermehrung des Materials für DNA-Markeranalysen und für phytopathologische Tests wurden regelmäßig Subkulturen durchgeführt. Im weiteren Verlauf der Arbeiten des Projektes soll die Zusammensetzung von Mehltaupopulationen innerhalb von Apfelanlagen an mehreren Standorten untersucht und ihre genetische Diversität beschrieben werden. Dazu wurden 2003 an jeweils drei Standorten in Asien (China: Yangling und Laiyang; Indien: Kullu) und zwei Standorten in Europa (Deutschland: Dresden/Pirna, Großbritannien: East Malling) insgesamt weit mehr als 1.000 mehltaubefallene Blattproben aus zwei, jeweils einige Kilometer voneinander entfernten, sortenreinen Apfelbeständen von den Projektpartnern gesammelt und dem Institut für Obstzüchtung für die weiteren molekularen Untersuchungen zugesandt. Dabei wurde sowohl der Primär- als auch der Sekundärbefall durch zwei unterschiedliche Entnahmezeitpunkte (Frühjahr und Sommer) berücksichtigt.

Die Arbeiten zur Etablierung molekularer Markersysteme für *Podosphaera leucotricha* konzentrierten sich weiterhin auf die Mikrosatellitenmarker (SSR), welche in der praktischen Anwendung im „Massenscreening“ eine Reihe von technischen Vorteilen haben, allerdings nur vergleichswei-

se aufwändig zu entwickeln sind. Da bei pilzlichen Organismen in der Vergangenheit nicht sehr intensiv an SSR-Markertechniken gearbeitet wurde und daher auch nur wenige einschlägige Protokolle zur Identifizierung der erwünschten SSR-Sequenzen in Pilzgenomen vorhanden waren, gestaltete sich die Etablierung eines entsprechenden Systems für *Podosphaera* zunächst als schwierig und zeitraubend. Es gelang schließlich, eine für SSR-Motive angereicherte DNA-Bibliothek zu erstellen und entsprechende positive Klone zu selektieren (Abb. 1).

Das hierbei verwendete Anreicherungsverfahren basiert auf der Verwendung von Streptavidin-ummantelten „magnetic beads“. Die mit einem Restriktionsenzym verdaute genomische DNA des Pilzes wurde mit Biotin-markierten SSR-Oligonucleotidsonden hybridisiert und anschließend die SSR-Sequenzen enthaltenden Fragmente, die nun an die „beads“ gebunden waren, mit Hilfe eines Magneten isoliert und in einen Plasmidvektor kloniert. Um überflüssige Sequenzierungen von „falsch-positiven“ Klonen zu vermeiden, wurde eine zusätzliche Selektionsstufe, basierend auf einem einfachen PCR-Ansatz mit einem SSR-Oligonucleotidprimer in Kombination mit einem M13-Sequenzierungsprimer durchgeführt. Nach dieser PCR-Selektionsmethode wurden 123 von 440 Klonen als positiv für ein Mikrosatelliten-DNA-Motiv eingestuft. Mehr als 85 % der bislang sequenzierten Klone (64 von 73) enthiel-

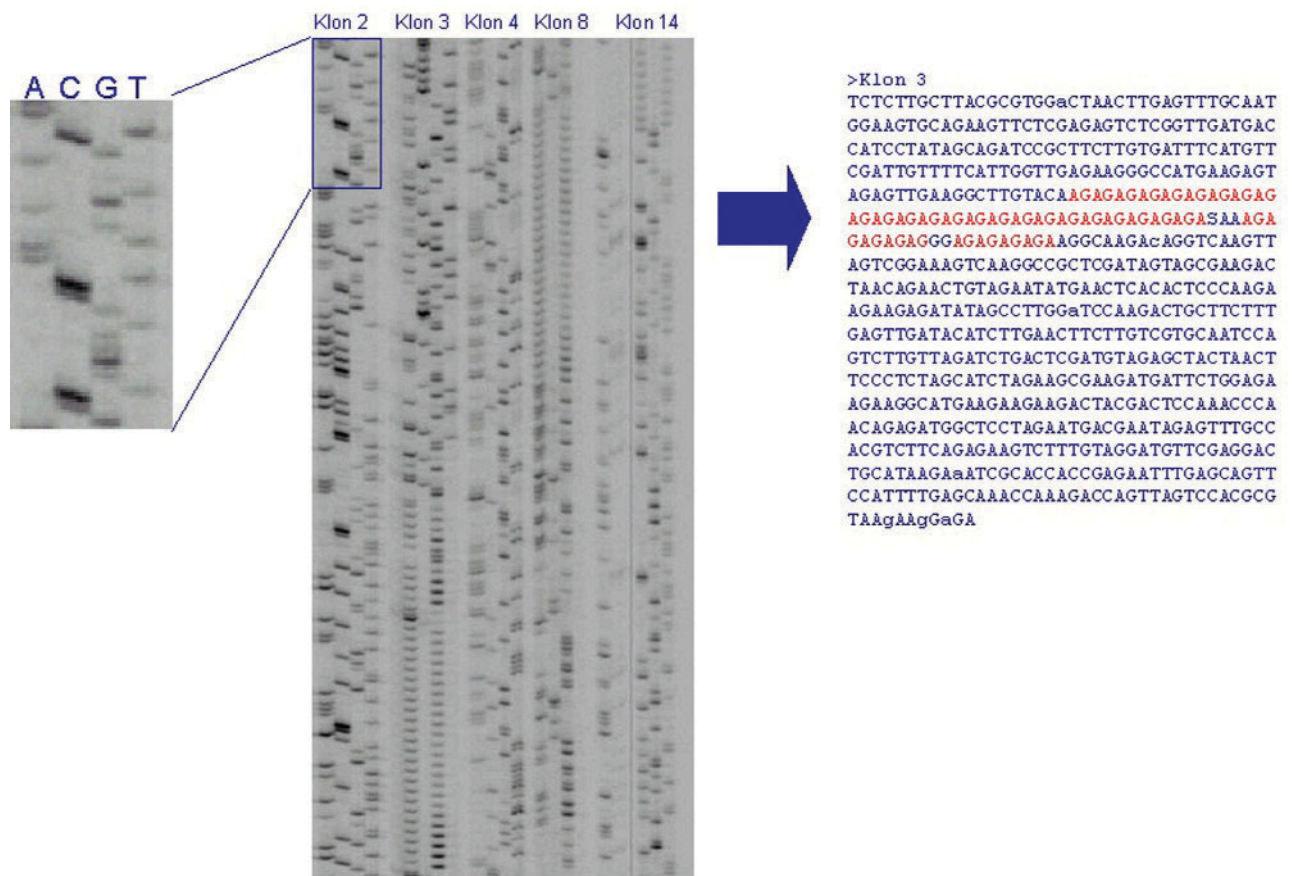


Abb. 1: Mehltau-DNA-Klone mit Dinucleotid-Repeat-Sequenzen
Fig. 1: Powdery mildew DNA clones containing dinucleotide repeats

ten ein Mikrosatellitenmotiv. Aufgrund der Auswahl der Motive für die Anreicherung [(CA)₁₀, (CT)₁₀, (ACC)₈, (GAA)₈ und (TAA)₈] wurden vor allem DNA-Klone mit diesen Di- und Trinukleotid-Wiederholungen gefunden, wobei die Häufigkeit in etwa gleich war. Es wurden nur sehr wenige andere Repeat-Motive gefunden, wie z. B. ein Hexanucleotid-Repeat. Die Anzahl der Wiederholungen der jeweiligen Motive variierte zwischen fünf und 51 Wiederholungen für die verschiedenen SSR-Motive. Obwohl sich in einigen Klonen die Repeat-Sequenz im Hinblick auf ein spezifisches PCR-Primerdesign an einer eher ungünstigen Stelle befindet, scheint die große Mehrzahl für eine Primerableitung geeignet zu sein. Erste PCR-Primer wurden erstellt und getestet. Obwohl die erwarteten PCR-Fragmentgrößen beobachtet wurden, konnten bislang noch keine Polymorphismen zwischen den als Testset verwendeten fünf europäischen Mehltausisolaten gefunden werden. Dieser vorläufige Befund ist im Einklang mit den bisherigen molekularen Untersuchungen der genetischen Diversität des Echten Mehltaupilzes, welche insgesamt eine ausgesprochen niedrige genetische Variabilität gezeigt hatten.

Als eine Alternative zum SSR-Ansatz wurde parallel an der Entwicklung genspezifischer Marker gearbeitet, welche als CAPs- (cleaved amplified polymorphism) oder SNP- (single nucleotide polymorphism) Marker für die avisierte Aufgabenstellung des molekularen Screenings von Mehltau-Freilandproben geeignet sind. Diese Strategie wurde u. a. bereits mit Erfolg beim Gerstenmehltau (*Blumeria graminis* f. s. *hordei*) eingesetzt. Da für den Apfelmehltau noch keine Daten in den einschlägigen Gendatenbanken vorhanden sind, wohl aber für den Echten Mehltau der Gerste, wurde versucht, publizierte *Blumeria*-Sequenzen für die Identifizierung der analogen *Podosphaera*-Gene zu nutzen. Mehr als 2.700 cDNA-Sequenzen (Expressed Sequence Tags, ESTs) von *Blumeria graminis* sind in der COGEME-Datenbank (<http://cogeme.ex.ac.uk>) dokumentiert. Diese Sequenz-Datenbank wurde im Hinblick auf *Blumeria*-ESTs gescreent, die eine hohe Homologie zu Sequenzen anderer Pilze aufweisen. Der Schwerpunkt wurde dabei auf Sequenzen gelegt, die eine hohe Homologie zu codierenden Genen, aber auch zu LTR-Retrotransposons (LTR; Long-Terminal-Repeat) aufweisen. Bei letzteren handelt es sich um mobile Elemente, welche oftmals in hoher Kopienzahl im Genom von Pflanzen und Tieren vorkommen und auch in Pilzen nachgewiesen sind. Sie werden als geeignet angesehen, um Variabilität auf molekularer Ebene aufzuspüren und für Zwecke des DNA-Fingerprintings eingesetzt zu werden. Insgesamt wurden 13 *Blumeria*-Sequenzen und zwei weitere aus anderen phytopathogenen Pilzen ausgewählt, PCR-Primer abgeleitet und auf eine Amplifikation in *Podosphaera leucotricha* getestet. In acht Fällen wurde ein DNA-Fragment mit der erwarteten Fragmentgröße amplifiziert, kloniert und sequenziert. Die Klonierung der Fragmente erfolgte dabei parallel für zwei genetisch diverse Mehltausolate.

Die Analyse der erhaltenen *Podosphaera*-Sequenzen zeigte, dass in den meisten Fällen das erwartete Gen bzw. die Retrotransposonsequenz erhalten wurde. So wurde z. B. ein Ausschnitt eines LTR-Retrotransposons namens REAL (Kaneko et al. 2000, *Mol. Gen. Genet.* 263: 625-634) kloniert, welcher mit dem in der Literatur beschriebenen Retrotransposon eine hochsignifikante Homologie (Aminosäure-Identität) von 72 % aufweist. Der nächste Schritt ist nun die Identifizierung von kleinen Sequenzunterschieden (SNPs) zwischen den verschiedenen Mehltausolaten, um rassenspezifische PCR-Ansätze zu entwickeln.

Um bei den molekularen Untersuchungen der gesammelten Mehltauproben möglichst auf eine aufwändige DNA-Isolierung verzichten zu können, wurde das bereits getestete Chelex-Verfahren weiter verfeinert. Chelex ist ein chelatisierendes Granulat, welches geeignet ist, um ohne einen mechanischen Aufschluss die DNA-Extraktion aus sehr kleinen Probenmengen, wie z. B. dem Mehltaumycel auf getrocknetem Blattmaterial, durchzuführen. Hierzu werden die Proben in einer 5-prozentigen Chelex-Suspension autoklaviert und der Überstand nach dem Abzentrifugieren direkt für die PCR verwendet. Es gelang mit dieser Methode sogar, bei einer minimalen Ausgangsmenge von etwa nur 20 ng (normal sind etwa 300 ng) eine modifizierte AFLP (amplified fragment length polymorphism)-Methode zu etablieren. Es konnten informative Bandenmuster erhalten werden (Abb. 2), die zwar nicht in allen Fällen hinsichtlich der bereits „konven-

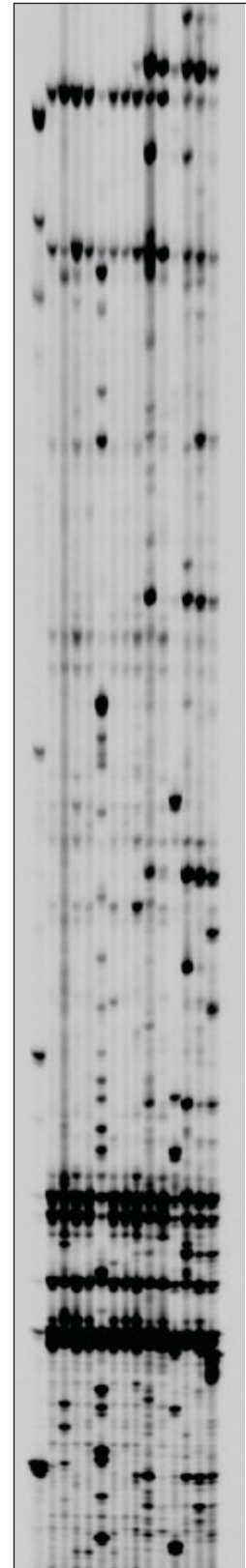


Abb. 2: AFLP-Analyse von Chelex-DNA-Proben europäischer und indischer Isolate des Apfelmehltaus mit polymorphen Markern

Fig. 2: AFLP analysis of Chelex-DNA-probes of European and Indian powdery mildew isolates showing some polymorphic markers

tionell“ erstellten AFLP-Bandenmuster vergleichbar waren, insgesamt aber wohl geeignet sind, um AFLP-Analysen aus wenig Mehlmaterial durchzuführen und erste Aussagen über das Ausmaß der vorliegenden genetischen Diversität zu erhalten. Als ein erstes wichtiges Ergebnis der AFLP-Analysen kann festgehalten werden, dass polymorphe AFLP-Marker gefunden wurden, welche offenbar die bislang vorhandenen indischen Isolate von den meisten europäischen Isolaten unterscheiden können.

Abstract:

The main task for IOZ Dresden-Pillnitz during this report period was to continue the development of molecular markers to characterize genetic variations in European and Asian populations of apple powdery mildew. New isolates from diseased leaves obtained from India have been established. So far, 15 Indian isolates have been transferred onto tissue culture plants of apple, are continuously being propagated to harvest fungal materials for extracting DNA and for conducting pathological tests. Field sampling was started in 2003. Fungal probes were sent from three locations in Asia (China and India) and have also been collected at East Malling (United Kingdom) and Dresden (Germany). Samples of secondary infections have been taken from two commercial orchards close to Dresden from the varieties 'Idared', 'Jonathan' and 'Pinova'. A DNA library of *P. leucotricha* enriched with microsatellite motives has been created and screened for the presence of fragments including a repeat. In total, 123 out of 440 clones were positive in this first screening. More than 85 % (64 out of 73) of the so far sequenced clones positive in the screening did contain a repeat. Enrichment was carried out using different repeat types [(CA)₁₀, (CT)₁₀, (ACC)₈, (GAA)₈, (TAA)₈] and di- and trinucleotide repeats were found in the fragments at almost the same ratio. It seems that a large part of the sequences will be suited for specific PCR primer design. The first primers tested on a small set of fungal isolates didn't produce polymorphic markers so far indicating again that the genetic diversity within and between populations of apple powdery mildew might indeed be very small. Previous attempts to develop SSR markers for apple powdery mildew succeeded in only a single primer pair which also did not show polymorphisms, but it seems to be highly specific for powdery mildew (it was also tested on apple and scab DNA). Therefore it can be used for testing if the samples prepared by the Chelex method contain enough DNA of the fungus for PCR. Chelex is a chelating resin and it is used for extracting DNA from small samples or also plant pathogens on dried leaf material. The samples were autoclaved in a 5 % Chelex preparation and the supernatant after centrifugation was applied in PCR. Using the Chelex protocol it was possible to perform an AFLP analysis starting from a minimum amount of DNA (about 20 ng). The patterns obtained by this method were basically not comparable with the conventional AFLP procedure but were homogeneously enough within the Chelex probes to allow a first check of the molecular variability. Even specific AFLP markers that were

obviously only present in Indian isolates could be found. As a supplement to the SSR approach, attempts have been started to develop gene-specific PCR primers for *P. leucotricha* by using sequence data from *Blumeria graminis* and other fungal pathogens. About 2.700 ESTs available at the COGEME database were screened for interesting sequences that might be converted to *Podosphaera*-specific DNA markers. A focal point was laid on retrotransposons. Among transposable elements, the retrotransposons constitute the largest group. They are divided into two main classes depending on the presence or absence of flanking long terminal direct repeats (LTRs). The LTR-retrotransposons are present in high copy numbers and have been suggested for DNA fingerprinting in plants, animals and human genomes. Seven *Blumeria* LTR sequences were selected from COGEME and PCR primers were developed. In four cases, fragments of the correct sizes could be found also in apple powdery mildew. These fragments were cloned in a parallel way from two genetically different mildew strains (one from Italy, one from Greece; with relatively large genetic diversity as shown by AFLP analysis). In most cases the *Podosphaera* sequences showed a very high homology to the original sequences. PCR primers have also been designed and tested successfully in *Podosphaera* for a specific fungal gene, which is involved in fungicide metabolism (CYP51, cytochrome P450 sterol 14 α -demethylase) and is a target site of a major group of sterol biosynthesis inhibiting fungicides. Work to identify some SNPs (single nucleotide polymorphisms) that could be used as molecular markers for the *Podosphaera* genome is in progress.

In Zusammenarbeit mit: HRI, East Malling, Großbritannien, Xu; HRI, Wellesbourne, Großbritannien, Barbara; NSTUAF, Yangling, China, Yang; UHF-SOLAN (HP), Mashobra, Indien, Thakur; PPIHAS, Budapest, Ungarn, Kiss; LYAC, Laiyang, China, Li

(BAZ-4109) EU-Projekt ICA4-2000-1001; SMADIA

2.8 Phänotypische und molekularbiologische Charakterisierung von Fruchtqualitätsmerkmalen des Apfels

Phenotypic and molecular characterization of fruit quality traits in apple

Boudichevskaja, N.; Dunemann, F.

Zielstellung/Aim:

Ausgehend von den Bedürfnissen einer nachhaltigen Apfelproduktion wurden in den letzten Jahren zunehmend krankheitsresistente Apfelsorten vorgestellt, welche hinsichtlich der Ansprüche des Verbrauchers an die Fruchtqualität oft noch nicht überzeugen konnten. Um die Anbauflächen von resistenten Sorten zu vergrößern, sind neue Sorten erforderlich, die sich hinsichtlich der Fruchtqualitätseigenschaften nicht mehr von den zurzeit auf dem Weltmarkt gehandelten, in der Regel nicht resistenten Apfelsorten unterscheiden. Im Rahmen des EU-Projektes Hi-

DRAS (High-quality Disease Resistant Apples for a Sustainable Agriculture) sollen die genetischen und molekularbiologischen Grundlagen erarbeitet werden, welche eine effiziente und unter Einsatz molekularer Selektionstechniken betriebene Qualitätszucht ermöglichen. Die molekularbiologische Charakterisierung von Genen des Kulturapfels, die für verschiedene Fruchtqualitätsparameter wie Geschmack, Inhaltsstoffe (Zucker, Säuren, Vitamine), Lagerfähigkeit und „shelf life“ codieren, wird mittels abstammungsorientierter Kartierungsstrategien (pedigree-based QTL-analysis) und spezifischer Ansätze zur funktionellen Genomanalyse in enger Kooperation mit den beteiligten europäischen Einrichtungen durchgeführt.

In recent years several disease resistant apple varieties have been released which require only a very restricted use of pesticides. In reality the area cultivated with such resistant varieties is limited and pesticide input reduction is negligible. The reason for such a restricted success of the resistant varieties has to be found in the insufficient quality of the fruit. The EU-project HiDRAS (High-quality Disease Resistant Apples for a Sustainable Agriculture) aims at the identification of the genetic factors controlling apple fruit quality. The efficiency of breeding new apple cultivars that combine disease resistance and high-quality will be enhanced if molecular breeding strategies such as marker assisted selection can be used. HiDRAS is based on an innovative mapping approach (pedigree-based QTL-analysis) to identify genetic loci and allelic series controlling the most important parameters of fruit quality. Traits considered in the project are: fruit size, taste, fruit firmness, juiciness, acidity, sugar content, vitamins, flesh texture, storability and shelf-life. A part of the project will be directed to a functional genome analysis.

Ergebnisse:

Das Projekt HiDRAS ist in mehrere Arbeitspakete unterteilt, von denen zu Beginn vor allem das Arbeitspaket 1 (Phänotypische Evaluierung von Fruchtqualitätsmerkmalen) eine sehr wichtige Rolle spielt. Die molekularen Kartierungsarbeiten, die auf der Basis von ausgesuchten und das gesamte *Malus*-Genom abdeckenden Mikrosatellitenmarkern (SSR-Marker) erfolgen werden, sind erst zu einem späteren Zeitpunkt möglich, wenn eine umfassende phänotypische Charakterisierung aller interessierenden Fruchtmerkmale erfolgt ist. Parallel zu den Fruchtbeurteilungen werden ab 2004 für alle im Projekt involvierten etwa 1.800 Apfelgenotypen SSR-Kartierungen durchgeführt. Das Institut für Obstzüchtung ist dabei für etwa ein Drittel aller SSR-Daten verantwortlich und wird in PCR-Multiplexansätzen und mit Hilfe eines automatischen DNA-Sequenziersystems insgesamt 35 Mikrosatelliten-Loci im Hinblick auf die jeweiligen Allelkonfigurationen analysieren. Das HiDRAS-Projekt beinhaltet ein für Pflanzen vergleichsweise neues Kartierungskonzept, welches nicht mehr auf der Erstellung von detaillierten Markerkarten auf Populationsebene und nachfolgender QTL-Kartie-

rung beruht sondern die Strategie einer „pedigree-based QTL-analysis“ verfolgt. Hierbei wird unter Ausnutzung des Wissens über die Abstammung von Apfelsorten und darauf zurückgehendes Zuchtmaterial, d. h. vor allem Kreuzungsnachkommenschaften, nach genetischen Kopplungen zwischen bestimmten Mikrosatelliten-Allelen und phänotypischen Fruchtmerkmalen gesucht und der „Allelfluss“ innerhalb der Abstammungsbäume über die Generationen hinweg verfolgt. Auf diese Weise wird der Zusammenhang zwischen dem jeweiligen SSR-Allel und dem Merkmal verifiziert. Am Standort Dresden-Pillnitz wurden insgesamt 118 Apfelsorten (Tab. 1) und etwa 270 Individuen aus drei Nachkommenschaften (‘Discovery’ x ‘Prima’, ‘Pinova’ x ‘Reanda’ und ‘Rewena’ x ‘Pirol’) für das Projekt ausgewählt. Im Sommer 2003 wurde die DNA dieser knapp 400 Bäume und darüber hinaus von weiteren 240 Individuen der drei Nachkommenschaften ‘Gala’ x ‘Pinova’, ‘Gala’ x ‘Cripps Pink’ und ‘Fuji’ x ‘Pinova’ isoliert. Letztere Nachkommenschaften stehen am Standort Laimburg in Südtirol und werden in enger Kooperation zwischen dem dortigen Land- und Forstwirtschaftlichen Versuchszentrum LFW und dem Institut für Obstzüchtung gemeinsam bearbeitet.

In Kooperation mit den Projektpartnern wurde ein Profil der zu analysierenden Fruchtmerkmale erstellt und der zeitliche Ablauf der Untersuchungen festgelegt.



Abb. 1: Messung der Fruchtfestigkeit am Penetrometer
Fig. 1: Measurement of fruit firmness with a penetrometer

Die in Tabelle 2 aufgeführten Fruchtparameter wurden an einer Stichprobe von normalerweise 10 repräsentativen Früchten unmittelbar zum Zeitpunkt der Ernte ermittelt. Es wurden genügend Früchte geerntet, um auch während der Lagerung nach zwei und vier Monaten konventioneller Kühlung bei 4 °C erneut einen Großteil der Parameter zu erfassen. Ein vierter Probenentwurf ergab sich durch die Untersuchung der Haltbarkeitseigenschaften der Früchte unmittelbar nach der Auslagerung. Das so genannte „shelf life“, d. h. die Haltbarkeit der Äpfel im Handel oder beim Endverbraucher direkt nach der Auslagerung,

wurde nach zwei Monaten Lagerdauer bestimmt, wobei die Früchte vor der Untersuchung 10 Tage bei 20 °C aufbewahrt wurden. Zu diesem Untersuchungstermin wurden, abweichend zu den drei übrigen Terminen, nur die instrumentellen Messungen von Festigkeit, Zucker- und Säuregehalt durchgeführt. Diese Laboranalysen wurden für alle Proben an allen Untersuchungsterminen und nach standardisierten Protokollen durchgeführt. So wird die Festigkeit des Fruchtfleisches z. B. mit Hilfe eines mechanischen Penetrometers (Abb. 1) gemessen, der Säuregehalt durch Titration und der Zuckergehalt über den so genannten BRIX-Wert photometrisch bestimmt. Im Gegensatz dazu wurde die Bonitur der Parameter für die äußere Qualität nur einmal, nämlich direkt nach der Ernte, durchgeführt. Die Bestimmung der inneren Qualität erfolgte sensorisch parallel durch jeweils zwei Mitarbeiter zum Zeitpunkt der Ernte und nach zwei und vier Monaten Lagerdauer. Alle nicht instrumentell ermittelten Daten wurden mittels einer 5-stufigen Boniturskala erfasst.

Die ersten Fröhsorten wie ‘Discovery’, ‘Helios’, ‘Piros’ und ‘Early McIntosh’ wurden ab 04. August geerntet, als letzte Sorten wurden am 13. Oktober die Sorten ‘Braeburn’, ‘Goldrush’ und ‘Lady Williams’ geerntet. Innerhalb der drei Nachkommenschaften variierte der Reife- und damit Erntezeitpunkt erheblich. So wurden die ersten Bäume der Nachkommenschaft C3 (‘Discovery’ x ‘Prima’) bereits am 07. August geerntet, wogegen die letzten Individuen dieser Population erst vier Wochen später geerntet wurden. Bis Ende November 2003 wurden insgesamt etwa 280 Sortenproben und 450 Nachkommenschaftsproben nach dem oben aufgeführten Untersuchungsschema analysiert. Insgesamt wurden bislang mehr als 700 Laboranalysen (Zucker, Säure, Festigkeit) und etwa 500 sensorische Untersuchungen vorgenommen. Die Arbeiten werden im Winter 2004 fortgesetzt, da sich zurzeit noch viele Proben im Kühllager befinden, für welche die Evaluierung der Qualität nach vier Monaten Lagerdauer noch aussteht. Da am Institut für Obstzüchtung einer der Schwerpunkte der späteren molekularen Arbeiten die Haltbarkeit im Lager sein soll, werden die Proben bis zur maximal möglichen Lagerdauer aufbewahrt. Lagerkrankheiten und physiologische Störungen wie Fleischbräune, Stippigkeit, Welke und Glasigkeit werden ebenso bonitiert wie Schorf- und Mehлтаubefall der Früchte (Abb. 2).

Die phänotypischen Daten werden in einer Datenbank aufgenommen, damit später eine Zusammenführung mit den genotypischen Daten der Markeranalysen erfolgen kann.

Tab. 1: Apfelsorten für die phänotypische und molekulare Charakterisierung von Fruchtqualitätseigenschaften

Table 1: Apple cultivars used for a phenotypic and molecular characterization of fruit quality traits

Akane	Idared	Peasgood Nonsuch
Alkmene	Ingrid Marie	Pia
Angold	Ivette	Pilot
Apollo	Jamba	Pinova
Ariwa	James Grieve	Pirol (= Pirella)
Arlet	Jerseymac	Piros
Bancroft	Jester	Prima
Baujade (= X3183)	Jonadel	Primula
Beauty of Bath	Jonagram	Priscilla
Berlepsch	Jonamac	Quinte
Braeburn	Jonathan	R12740-7A‘Russian seedl’
Clivia	Jongrimes	Realka
Cox Orange	Jupiter	Reanda
Dayton (= Coop 21)	Karmijn de Sonnaville	Red Delicious
Delicious	Katja	Red Winter
Delorina	Kendall	Regia
Discovery	Kent	Regine
Dukat	Kidd's Orange Red	Reglindis
Ecolette	Korei	Reka
Elan	Kurzcox (Cox o.p.)	Remo
Elstar	Lady Williams	Renora
Empire	Linda	Resi
Falstaff	Lord Lambourne	Rewena
Fantazja	Macoun	Ribston Pippin
Fiesta	Malus floribunda 821	Rubin
Fuji	McIntosh	Sansa
Gala	McIntosh Early	Santana
Glockenapfel	Melba, Red Melba	Shinsei
Gloster	Melrose	Spartan
Golden Delicious	Meran	Spencer
Goldrush(= Coop 38)	Merton Charm	Summerland
Granny Smith	Milton	Sundowner
Greensleeves	Minjon	Topaz
Helios	Mio	Tydemans' Early Worc.
Herma	Monroe	Undine
Holiday	Murasaki	Wagenerapfel
Horei	Mutsu	Weißer Wintertaffetapfel
Howgate Wonder	Odin	Winston
Idagold	Oldenburg (Dr. Oldenburg)	
Idajon	Ozark Gold	

Tab. 2: Untersuchte Fruchtqualitätsparameter
Table 2: Fruit quality traits under investigation

Äußere Qualität/ External Quality	Innere Qualität / Internal Quality
Fruit size	Maturity
Fruit weight	Firmness*
	Crispness
<u>Fruit colour:</u>	Texture Quality
Ground colour	Juiciness
Overcolour	Sugar content*
% Overcolour	Acidity level*
Type Overcolour	Flavour
	Global taste
Attractiveness	Bitter pit
	Water core
Fruit shape	Browning
Amount of russetting	
Fruit Cracking	* auch instrumentell/ also instrumental
Scab, powdery mildew	



Abb. 2: Symptome des Fruchtschorfbefalls
Fig. 2: Fruit scab symptoms

Abstract:

The main objectives of the HiDRAS project are to supply apple breeders with new and powerful tools, such as molecular markers linked to fruit quality parameters and to extend the knowledge about the genetics of fruit quality traits as well as the function of genetic factors identified by gene mapping. One of the key aspects to the identification of genetic loci controlling complex characters such as fruit quality is to produce accurate assessments of many fruit quality components related to taste, storage, shelf-life, physiological disorders, and disease resistance on a large collection of related apple genotypes. Within Workpackage 1 a large set of 118 apple cultivars growing in the fruit tree gene bank and three related F₁ progenies with together 270 individuals will be phenotypically examined over three years (2003-2005) at Dresden-Pillnitz. Nearly all

cultivars and two of the F₁ progenies were analyzed for three groups of fruit quality traits: internal and external quality, traits to be measured by instrumental methods such as fruit firmness, sugar content and acidity. Screening was performed during the harvest, after two months of storage and, additionally, after two months plus ten days out of the fridge. The final step of phenotypic assessments (4 months after storage) will be accomplished in the nearest time. A large variation between the cultivars were observed. The first results can be illustrated by the following examples: The cultivars 'Reglindis', 'Prima', 'Appolo' and 'Sansa' demonstrated good firmness, crispness, juiciness and a high global taste during the harvest analysis. But after two months they showed storage problems. They were lacking firmness and juiciness and had a mealy texture and a bad global taste. The cultivars 'Topaz', 'Gala', 'Murasaki', 'Empire', 'Pinova' and 'Kidd's Orange' combined excellent taste, good firmness, crispness and juiciness even after 2 months of storage. The cultivars 'Summerland', 'Ozark Gold' and 'Elstar' were lacking crispness, but they had a fine texture quality, juiciness and a high global taste after 2 months of storage. Our search also showed that the so-called „Re-cultivars“ 'Reka' and 'Realka' combine a good resistance to scab with a fine texture quality, satisfactory crispness, a good firmness, middle flavour and a satisfactory global taste after 2 months in storage. As a first step for the SSR marker-based genotyping to be started in 2004 about 650 DNA isolations were performed.

In Zusammenarbeit mit: Universität Mailand, Italien, Gianfranceschi; DCA-BO Bologna, Italien, Tartarini, Sansavini; LFW Laimburg, Südtirol, Guerra; Plant Research International, Wageningen, Niederlande, Van der Weg; INRA, Angers, Frankreich Laurens; ETH, Zürich, Schweiz Gessler, Patocchi; HRI, Wellesbourne, Großbritannien, Seymour; CRA, Gembloux, Belgien, Lateur; SGGW - Universität Warschau, Polen Tomala; RIFP, Skierniewice, Polen, Zurawicz

(BAZ-4134), EU-Projekt QLRT-2001-01492; HiDRAS

2.9 Evaluierung gentechnisch veränderter Gehölzpflanzen (*Malus domestica* und *Rhododendron spec.*)

Evaluation of genetically modified plants (*Malus domestica* and *Rhododendron spp.*)

Riedel, M.; Hanke, V.; Dunemann, F.

Zielsetzung/Aim:

Agrobacterium-vermittelte transgene Linien von Apfel (*Malus domestica*) und *Rhododendron*-Arten werden mittels molekulargenetischer Methoden hinsichtlich Integration, Transkription und Expression der transformierten Gene analysiert. Die beim Apfel transformierten Zielgene dienen vor allem der Erhöhung der phytopathologischen Widerstandsfähigkeit gegen bakterielle und pilzliche Schaderreger. Zur Verbesserung der Resistenz gegenüber

dem bakteriellen Erreger des Feuerbrandes (*Erwinia amylovora*) beim Apfel wurden Gene transformiert, welche für antibakteriell wirkende Proteine codieren. Dabei handelt es sich um das Seidenraupenprotein Attacin E sowie Lysozym aus dem Bakteriophagen T4. Um eine Verbesserung der Resistenz gegenüber pilzlichen Schaderregern wie dem des Apfelschorfes (*Venturia inaequalis*) zu erzielen, wurden für Chitinasen codierende Gene (Endo- und Exochitinase) übertragen.

Rhododendron-Arten wurden gentechnisch transformiert, um die Toleranz gegenüber abiotischem Stress, verursacht durch kalkhaltige Böden, zu verbessern. Die hohen pH-Werte kalkiger Böden verursachen eine verminderte Eisenaufnahmefähigkeit der Pflanzen. Zur Verbesserung der Effizienz der Eisenaufnahme wurden aus *Arabidopsis thaliana* bzw. Tomate stammende Gene in *Rhododendron* übertragen. Diese in den Eisenstoffwechsel involvierten Gene (*FRO2* und *IRT1*) sollen durch konstitutive Expression durch den Promotor 35S aus CaMV eine verbesserte Eisenaufnahmeeffizienz bewirken.

Der molekulare Nachweis der Integration, Transkription und Expression der transformierten Genkonstrukte geschieht mittels PCR-Methoden, Southern- bzw. Western-Blot-Analyse.

Genetically modified lines of apple (*Malus domestica*) and *Rhododendron* are analysed to detect the integration, transcription and expression of transferred genes. In apple, these genes are expected to enhance the resistance against bacteria and fungi. To improve the resistance to fire blight in apple (*Erwinia amylovora*), genes coding for proteins with antibacterial properties were transferred. These proteins are attacin E originating from the giant silk moth and lysozyme from T4 bacteriophage. An improvement in resistance to fungi like apple scab (*Venturia inaequalis*) is expected by transferring genes coding for chitinase which hydrolyses chitines located in the cell walls of many fungi. *Rhododendron* was genetically modified to enhance its tolerance to lime. Due to the high pH-values of lime soil, the iron uptake of the plants is reduced. To improve this, *Arabidopsis thaliana* and tomato originating genes involved in the iron metabolism were transferred into *Rhododendron* and expressed under control of the constitutive 35S promoter from CaMV. Verification of integration, transcription and expression is carried out with PCR, Southern- and Western blots respectively.

Ergebnisse:

Auf eine Integration der Fremdgene Attacin E, T4-Lysozym, Endo- oder Exochitinase wurden 106 transgene Apfelinien mittels Southern-Blot-Hybridisierung untersucht. Des Weiteren wurden die Blots mit Sonden für die Marker gene nptII und GUS hybridisiert. Bei 103 Linien wurde mindestens eine Integration von T-DNA nachgewiesen, wobei bei mehr als der Hälfte der Apfel-Linien unvollständige Mehrfachintegrationen der T-DNA beobachtet wur-

den. Bei 103 Linien konnte mindestens eine Kopie des Fremdgens nachgewiesen werden (Abb. 1), wobei unvollständige Mehrfachintegrationen des Fremdgens bei 16 von 103 transgenen Linien beobachtet wurden. Die Variation der Kopienzahl der Fremdgene reicht nach bisherigen Ergebnissen von 0 bis 6. Die abschließenden Untersuchungen zur Integrationsanalyse werden zurzeit durchgeführt.

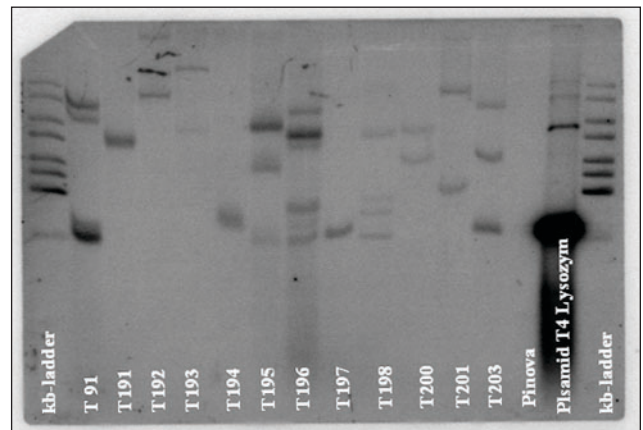


Abb. 1: Southern Blot Hybridisierung von T4-Lysozym transgenen Apfelinien, Sonde: T4-Lysozym
Fig. 1: Southern blot hybridization of T4-lysozyme transgenic apple lines, probe: T4-lysozyme

Mittels PCR wurden 35 transgene *Rhododendron*-Linien (31 *FRO2*-Linien und 4 *IRT*-Linien) auf die Integration der Fremdgene (*FRO2* bzw. *IRT*) und Marker gene (nptII bzw. bar) untersucht. Bei allen *FRO2*-Linien konnten mittels Insert-PCR transgene Pflanzen nachgewiesen werden. Allerdings wurden auch immer wieder einzelne Pflanzen ohne nachweisbare Fremdgenintegration gefunden. Eine Integration des *IRT*-Gens war bei den entsprechenden vier Linien nicht nachweisbar. Bei einer *FRO2*-Linie konnten auffällige Wachstumsunterschiede zwischen einzelnen Pflanzen beobachtet werden. Schwachwüchsige und starkwüchsige Pflanzen dieser Linie wurden mittels PCR untersucht, wobei bei den starkwüchsigen Pflanzen sowohl das Marker gene (nptII) als auch das Fremdgen (*FRO2*), bei den schwachwüchsigen hingegen nur das Marker gene nachgewiesen werden konnte (Abb. 2 und 3). Diese Beobachtung könnte auf die Expression des *FRO2*-Gens bei den starkwüchsigen Pflanzen hinweisen. Zur Verifizierung der Genwirkung des *FRO2*-Konstrukts wurde von allen Linien Blattmaterial entnommen, um in weiteren Untersuchungen mögliche Unterschiede zwischen transgenen und nicht transgenen Pflanzen hinsichtlich des Gesamt-Fe-Gehaltes festzustellen.

Abstract:

Using Southern blot hybridizations 106 transgenic apple lines were analysed for an integration of the genes attacin E, T4-lysozyme, endo- or exochitinase. Additional hybridizations with probes for the marker genes (nptII and GUS) were performed. In more than 50 % of the analysed lines incomplete integration of T-DNA could be observed.

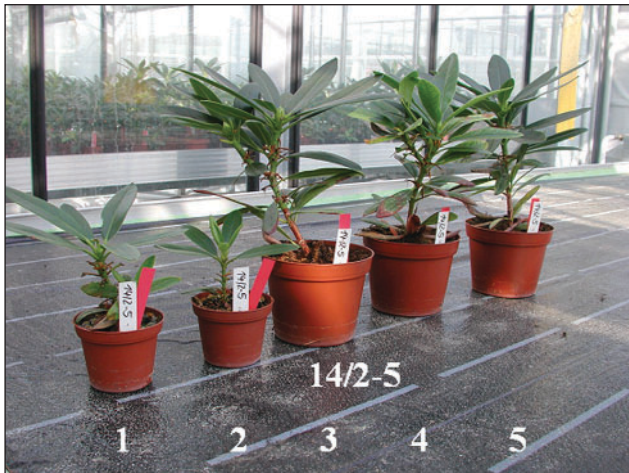


Abb. 2: *Rhododendron FRO2*-Linie 14/2-5, Pflanzen mit Wuchsunterschieden in einer vegetativ vermehrten Linie

Fig. 2: *Rhododendron FRO2*-line 14/2-5, showing different plant growth

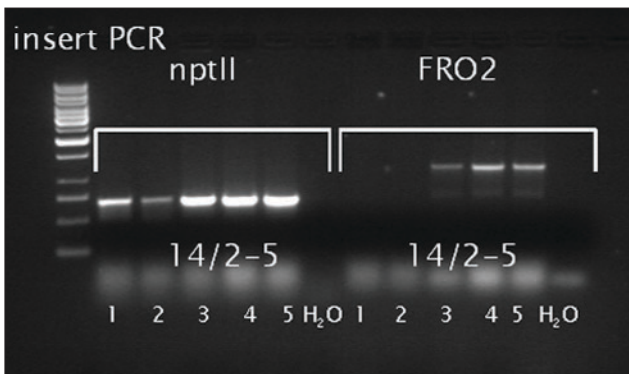


Abb. 3: Insert-PCR der *Rhododendron-FRO2*-Linie 14/2-5 zum molekularen Nachweis von Fremd- und Markergenen (Pflanzenmuster entsprechend Abb. 2)

Fig. 3: Insert-PCR of *Rhododendron FRO2*-line 14/2-5, for the detection of target- and marker genes (numbering of plants according to Fig. 2)

103 of 106 apple-lines showed at least one integration of the target gene. In 16 of these lines an incomplete integration of the target gene could be observed. The variation of copy numbers of the target genes ranged from 0 to 6 (Fig. 1). Transgenic *Rhododendron* lines were analysed with PCR to verify the integration of the target genes *FRO2* and *IRT* as well as the marker genes *nptII* and *bar*, respectively. Among all 35 analysed *FRO2*-lines transgenic plants could be found. Integration of the *IRT*-gene could not be proved for the 4 *IRT*-lines with PCR. One *FRO2*-line showed clear differences in growth. Plants with a reduced growth and plants with a very fast growth were analysed by PCR. The plants with very fast growth showed amplification products for marker gene (*nptII*) as well as for the target gene (*FRO2*) whereas plants with reduced growth showed only amplification products for the marker gene (Fig. 2, 3). This could be an incidence for an existing effect of the *FRO2* gene construct in *Rhododendron*.

To evaluate the effect of the *FRO2*-gene, a plant analysis of the total iron content is in progress.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Richter; MPI für Zellbiologie, Ladenburg, Geider; Conell-University, USA, Aldwinckle Kim; Universität Oldenburg, Schmidt

(BAZ-4140)

Institut für landwirtschaftliche Kulturen

Institute of Agricultural Crops

Groß Lüsewitz

Zwei der neun Institute der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) sind in Mecklenburg-Vorpommern nahe der Hansestadt Rostock am Standort Groß Lüsewitz eingerichtet. Dieser Standort steht in einer mehr als fünfzigjährigen Tradition von Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, die auf die Gründung des damaligen Instituts für Pflanzenzüchtung im Jahr 1948 unter seinem ersten Direktor Rudolf Schick, einem Schüler von Erwin Baur, zurückgeht. Mit der nach der Wiedervereinigung vorgenommenen Restrukturierung der agrarwissenschaftlichen Forschung in den neuen Bundesländern und der Gründung der BAZ wurde Groß Lüsewitz das Zentrum der Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturpflanzen im Ressortbereich des BMVEL. Von Vorteil für die wissenschaftliche Arbeit ist die unmittelbare Nachbarschaft der Genbank-Außenstelle Nord des IPK Gatersleben mit den Ressourcen bei Kartoffeln (Groß Lüsewitz) und Raps (Malchow), mit denen sich eine fruchtbare Zusammenarbeit entwickelt hat. Der Standort bringt sich mit seiner Kompetenz als Mitglied in den „Rat für Agrarwissenschaften Mecklenburg-Vorpommern“ ein, einem in Deutschland einzigartigen Gremium, welches sämtliche im Land ansässigen agrarwissenschaftlichen Institutionen vernetzt.

Das Institut für landwirtschaftliche Kulturen (Abb. 1) hat die Aufgabe, unter Erarbeitung und Anwendung aktueller Verfahren der Züchtungsforschung die systematische züchterische Erschließung pflanzengenetischer Ressourcen zu entwickeln und die genetische Basis ausgewählter landwirtschaftlicher Kulturpflanzen unter den Aspekten „Gesunde Pflanze“, „Produktqualität“ und „Nachwachsende Rohstoffe“ zu verbreitern. Die Arbeiten dienen als Grundlage für die Entwicklung von Nutzpflanzen, deren Eigenschaften die langfristigen agrarpolitischen Anstrengungen zur Verwirklichung einer ökologisch verträglichen, nachhaltigen Landbewirtschaftung unterstützen und die zur Erhaltung der genetischen Diversität unter unseren landwirtschaftlichen Kulturpflanzen beitragen. Die Auswahl der Kulturarten orientiert sich am langfristigen Forschungsbedarf sowie an den ökologischen und pflanzenbaulich-züchterisch relevanten Gegebenheiten.

Gegenwärtige Forschungsschwerpunkte und -ansätze sind:

- Erschließung und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen für ausgewählte Nutzpflanzen zur Erzeugung von adaptiertem Keimplasma mit erhöhter Resistenz gegen pilzliche, virale und bakterielle Schaderreger sowie verbesserter Produktqualität. Diese Arbeiten erfolgen in enger Zusammenarbeit mit den querschnittsorientierten BAZ-Instituten in Aschersleben und greifen auf die dort evaluierten Genbankherkünfte und bereitgestellten Ressourcen an Resistenztestmethoden und Pathogensammlungen zurück;
- Entwicklung und Einsatz molekularer Züchtungsmethoden für die effiziente Selektion auf züchterisch bedeutsame Merkmalsgene;



Abb. 1: Das Institut für landwirtschaftliche Kulturen mit Teilen seiner Gebäude und Gewächshäuser

Fig. 1: The Institute of Agricultural Crops with part of its buildings and glasshouses

- Überführung von Ergebnissen der grundlagenorientierten Genomanalyse an Modellgenomen in die objektbezogene Anwendung zur Entwicklung züchterisch adaptierten Keimplasmas;
- Somatische Hybridisierung durch Protoplastenfusion bei Solanaceen und Brassicaceen zur Herstellung neuartiger Merkmalskombinationen;
- Anwendung und Optimierung gentechnischer Verfahren bei Raps und Kartoffel in Verbindung mit Freisetzungsversuchen im Hinblick auf nachwachsende Rohstoffe und Verbraucherschutz.

Die Erschließung pflanzengenetischer Ressourcen mit aktuellen Züchtungsmethoden, eine Kernaktivität des Instituts für landwirtschaftliche Kulturen, ist in 2003 vorangeschritten.

Die züchtungsmethodisch anspruchsvolle und daher langfristig angelegte Nutzbarmachung des sekundären Genpools der Gerste ist im Berichtszeitraum sehr erfolgreich fortgeführt worden. Inzwischen konnten zwei Resistenzgene gegen bodenbürtige Gelbmosaikviren identifiziert und chromosomal lokalisiert werden. Für eines dieser Gene, *Rym14^{Hb}*, konnte die Wirksamkeit gegenüber dem gesamten in Europa verbreiteten Viruskomplex nachgewiesen werden (Ruge et al. 2003); das Wirkungsspektrum des zweiten Gens wird zur Zeit ermittelt (Abb. 2). Darüber hinaus konnten für verschiedene, aus der Wildart *Hordeum bulbosum* in die Kulturgerste eingeführte Gene, welche Resistenz gegenüber Mehltau und Zwergrost vermitteln, die Vererbung aufgeklärt und molekulare Selektionsmarker für die Überführung dieser wertvollen Erbfaktoren in adaptiertes Keimplasma entwickelt werden. Das jüngste Forschungsprojekt zum sekundären Genpool der Gerste befaßt sich mit Resistenz gegenüber *Rhynchosporium secalis*. Auch für dieses wichtige Merkmal liegt bereits ein introgressiertes Gen im genetischen Hintergrund der Gerste vor; die Entwicklung von Selektionsmarkern ist zur Zeit im Gange.



Abb. 2: Bonitur von Gerstenlinien auf Gelbmosaikvirusresistenz im Freilandtest

Fig. 2: Evaluation of barley introgression lines for yellow-mosaic virus resistance in the field

Schwerpunkt in der züchterischen Bearbeitung der Kartoffel bleibt polygen bedingte Resistenz gegen *Phytophthora infestans*, dem Erreger der Kraut- und Braunfäule. Die BAZ mit ihrer für Europa einzigartigen Kontinuität und Breite der Forschungsaktivität auf diesem Gebiet bringt seit März 2003 ihre Kompetenz in EUCABLIGHT ein, einer von der EU geförderten konzertierten Aktion zur Harmonisierung von Methoden zur Bewertung von Resistenz- bzw. Pathogenitätsmerkmalen im Hinblick auf die Kraut- und Braunfäule der Kartoffel. Gegenwärtig sind 24 Institutionen aus 14 Ländern in EUCABLIGHT integriert.

Eine im „Postgenomzeitalter“ zunehmend dringend werdende Frage ist, wie der rasante Erkenntnisfortschritt in der pflanzlichen Genomforschung der züchterischen Verbesserung unserer Kulturpflanzen zugute kommen kann. Die Lücke zwischen der grundlagenorientierten Forschung an Modellgenomen wie *Arabidopsis thaliana* oder Reis und der Umsetzung ihrer Erkenntnisse in der Züchtungspraxis klafft weit auseinander. Dies liegt zum einen an den unterschiedlichen Begriffswelten, die eine Kommunikation zwischen Genomforschern und Pflanzenzüchtern erschweren. Ein zweiter Grund ist, daß die verfügbaren Ressourcen an genomischen Daten für die meisten Kulturarten - welche

nicht zu den bevorzugt bearbeiteten Modellsystemen der Genomforschung zählen - noch vergleichsweise bescheiden ausfallen. Ein weiterer Grund mag darin liegen, daß im Vergleich zur Grundlagenforschung die angewandte Forschung wissenschaftlich weniger attraktiv und zudem kaum im Rahmen kurzfristig orientierter Drittmittelprojekte nachhaltig durchführbar ist. Neben der Erschließung pflanzengenetischer ist daher die Nutzbarmachung genomischer Ressourcen für landwirtschaftliche Kulturpflanzen eine weitere Kernaktivität des Instituts. Im Berichtszeitraum konnten wir am Fallbeispiel des Roggens zeigen, wie die vorhandenen, international verfügbaren Ressourcen an genomischen Daten aus Reis, Gerste und Weizen durch vergleichende Genomansätze, u.a. durch In-silico-Kartierung, für den Roggen nutzbar gemacht werden können und durch diesen Transfer von Wissen und Methoden die Lücke zwischen Grundlagenforschung und Pflanzenzüchtung mit überschaubarem Aufwand überbrückt werden kann.

Für das Jahr 2004 steht eine Erweiterung des am Institut bearbeiteten Kulturartenspektrums an. Nach vorbereitenden Arbeiten Ende 2003 (Abb. 3) wird im Januar 2004 ein Forschungsprojekt zur züchterischen Verbesserung von agronomischen Merkmalen der Blauen Süßlupine (*Lupinus angustifolius*) starten. Gleichzeitig beginnt am Schwesterinstitut des Standorts eine neue Forschungsaktivität im Hinblick auf den Eiweißgehalt dieser Fruchtart. Mit der Blauen Süßlupine wird das in Groß Lüsewitz bearbeitete Spektrum an Öl- und Eiweißpflanzen um eine eiweißreiche Futterpflanze bereichert, welche, insbesondere im Hinblick auf die leichteren Standorte, für den konventionellen und ökologischen Landbau gleichermaßen interessant ist.

Of the nine research institutes at the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ), two institutes are situated in Mecklenburg-West Pomerania, at the site of Groß Lüsewitz near the Hanseatic town of Rostock. The location of Groß Lüsewitz stands in a long tradition of plant breeding in agricultural crops which traces back to 1948 when the former Institute of Plant Breeding was founded with its first director Rudolf Schick, a disciple of the famous Erwin Baur. After the reunification of Germany and the reorganization of agricultural research in the New Länder the location of Groß Lüsewitz with its BAZ institutes became a centre for breeding research on agricultural crops in the scope of the present Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture. The BAZ location of Groß Lüsewitz is integrated in the biotechnology region *BioCon Valley* and as such, also in the international nordic *ScanBalt Alliance*.

The Institute of Agricultural Crops (Fig. 1) is charged with unlocking plant genetic resources by use of efficient breeding methods to broaden the genetic bases of selected crops in respect to plant health, quality aspects and renewable resources. Adapted germplasm created under these aspects as well as other scientific results of our research are meant to support federal policies in warranting en-



Abb. 3: Oben: Samenproben von unterschiedlichen Lupinenarten; unten: Embryo Rescue interspezifischer Kreuzungsnachkommen von *L. angustifolius*

Fig. 3: Above: seed samples from different lupin species; below: Embryo rescue of offspring from interspecific crosses with *L. angustifolius* as a parent

vironmentally friendly and sustainable agriculture. The spectra of agricultural crops considered is a function of long-term requirements of breeding research in Germany.

The institute's research is currently focussed on the following aspects:

- Unlocking genetic resources to create germplasm with resistances to fungal, viral and bacterial diseases and improved product quality;
- Development and application of molecular breeding methods for marker-assisted introgression and selection of important trait genes;
- Transfer of knowledge from basic genomics to crop-specific applications in plant breeding;
- Somatic hybridization by protoplast fusion in *Solanum* species and Brassicaceae;
- Genetic engineering in oilseed rape and potato in connection with field releases in respect to renewable resources and consumer production.

In 2003, our efforts towards unlocking plant-genetic resources with actual breeding methods have been continued.

One of our long-term research activities is directed to the secondary gene pool of barley. The secondary gene pool is made up by the wild species *Hordeum bulbosum*. Unlocking of this plant-genetic resource has proved to be very successful to date. Meanwhile, two resistance genes to soil-borne yellow-mosaic viruses have been identified and mapped. For one of these genes, *Rym14^{Hb}*, effectiveness against the entire European virus complex could be demonstrated (Ruge et al. 2003). The second gene is currently being characterized in this respect (Fig. 2). In addition, a number of genes conferring resistance to powdery mildew and leaf rust, respectively, were genetically analyzed and molecular selection markers in respect to these genes were developed. The most recent research project is dedicated to resistance against the fungus *Rhynchosporium secalis*. For this trait, too, a gene from *H. bulbosum* has been introgressed into the barley-genetic background, and molecular-marker development is in progress.

In potato, our breeding-research efforts are still focussed on durable resistance to *Phytophthora infestans*. Since March 2003, the BAZ is member of EUCABLIGHT and makes a competence input in this complex research field. EUCABLIGHT is an EU concerted action, presently involving 24 institutions from 14 countries, to harmonize methods of assessment of blight resistance and pathogenicity, respectively, in potato.

In the „post-genomics era“, a point of growing concern is how to make use of the rapidly evolving gain-of-knowledge in plant genomics in favour of practical plant breeding. There is a wide and ever-growing gap between basic genome research on model genomes like those of *Arabidopsis thaliana* or rice and the materialization of genomic knowledge in the plant breeder's nursery. The reasons for this are manifold, e.g., (i) different „scientific cultures“ of genome researchers and plant breeders making fruitful communication between them difficult, (ii) a lack of original genomic resources in those crop species which do not represent model systems of plant-genome research, or (iii) humble scientific reputation of applied breeding research compared to basic genomics, in association with the long-termed horizon of plant-breeding research which makes it more difficult to deal with within the scope of short-term project funding. A further core-research activity of our institute is, thus, to unlock the genomic resources developed for model plant genomes and make use of them in respect to the breeding in agricultural crop species. Using rye as an example and comparative genome analysis as an approach we demonstrated how the wealth of genomic data which has been develo-

ped for model genomes at an international scale, can be exploited to push breeding research in underrepresented crop species and to bridge basic genomics and plant breeding.

As a prospect for 2004, the range of crop species worked on at the two institutes in Groß Lüsewitz will be broadened. After preparative work at the end of 2003 (Fig. 3) two novel projects will be launched in 2004 on the improvement in agronomical traits and the assessment of protein contents, respectively, of narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius*). With narrow-leafed lupin a forage crop will be added to our research portfolio which appears interesting both for conventional and organic farming schemes, especially in respect to the farming under light-soil conditions.

1. Pflanzengenetische Ressourcen/Adaptiertes Keimplasma

Plant-Genetic Resources/Adapted Germplasm a) Gerste/Barley

1.1 Erschließung des sekundären Genpools der Gerste als genetische Ressource für neue Resistenzen Unlocking the secondary genepool of barley as a genetic resource for novel resistances

Ruge, B.; Linz, A.

Zielsetzung/Aim:

Ziel der Projekte ist die markergestützte Erschließung von neuen Resistenzen gegen pilzliche Blattkrankheiten (*Erysiphe graminis*, *Puccinia hordei*) sowie gegen den Komplex der bodenbürtigen Gelbmosaikviren (BaMMV, BaYMV-1 und -2). Die Entwicklung informativer Marker erlaubt eine effektive Übertragung der Resistenzgene in züchterisch adaptiertes Material.

The aim of the project is to search for novel resistance genes in the secondary genepool, the latter of which is represented by *Hordeum bulbosum*. Novel resistances against leaf rust, powdery mildew as well as the soil-borne virus complex shall be transferred via marker-assisted approaches.

Ergebnisse:

Durch interspezifische Kreuzungen zwischen *H. vulgare* und *H. bulbosum* wurden neue, bisher in der Gerstenzüchtung nicht genutzte Resistenzgene gegenüber dem Gelbmosaikviruskomplex auf den Chromosomen 6HS und 2HL sowie Resistenzgene gegen Mehltau und Zwergrost auf den Chromosomenarmen 2HS, 2HL und 5HL kartiert. Der für das Virusresistenzgen *Rym14^{Hb}* diagnostische STS-Marker *Xiac500* konnte bereits erfolgreich in züchterischen Rückkreuzungsprogrammen sowie in der Doppelhaploiden-Produktion von züchterisch adaptiertem Material eingesetzt werden. Dieser effiziente Marker wurde aus einem differenziell transkribierten cDNA-AFLP-Fragment entwickelt. Diese Technik wurde auch für verschiedene 2HS- und 2HL-Introgressionslinien mit Resistenz gegenüber Mehltau und Zwergrost zur Markerentwicklung eingesetzt. Nach Inokulation ganzer Pflanzen mit dem Pathogen wurde nach 24h Blattmaterial entnommen und daraus mRNA isoliert. Der Umschreibung in cDNA folgte eine

selektive PCR mit 64 Primerkombinationen. Insgesamt wurden 75 differenziell exprimierte cDNA-AFLP-Fragmente nach Silberfärbung aus dem Gel isoliert. Nach Sequenzanalyse und BLAST-Recherche wurden für 38 cDNA-AFLP-Amplicons PCR-Primer abgeleitet. Zurzeit werden die PCR-Produkte an ausgewählten Genotypen über PAGE- und SSCP-Analyse auf Längen- bzw. Konformationspolymorphismen untersucht, um informative Marker für die Gerstenzüchtung zu entwickeln.

Dank der guten Absättigung mit *H.-bulbosum*-spezifischen Markern konnten für die bislang analysierten Introgressionen in Selbstungsnachkommenschaften solche Genotypen identifiziert werden, welche eine resistenzbedingende Introgression mit rekombinativ reduzierter Ausdehnung tragen. Dies ist im besonderen dann von Bedeutung, wenn - wie im Fall der 2HL-Introgression - ein mit der Resistenz gekoppelter Letalfaktor auf der Introgression lokalisiert ist, welcher die Entwicklung homozygot-resistenter Gerstengenotypen vereiteln würde. Durch eine Rekombination im Bereich des Letalfaktors konnte letzterer erfolgreich eliminiert werden.

Abstract:

Enhancement of the genetic diversity in our crops is of major importance especially in respect to disease resistance. To ensure sustainable resistances in barley against leaf pathogens and soil-borne viruses, novel resistance genes have to be introgressed. The secondary genepool of barley, *Hordeum bulbosum*, is a rich source of disease-resistance traits. Novel resistance genes shall be introgressed into barley by using molecular-marker techniques. Novel resistance genes for soil-borne virus resistance were identified on chromosomes 6HS and 2HL. Leaf-rust as well as powdery-mildew resistance genes were found to reside in 2HS, 2HL and 5HL introgressions. For the resistance gene *Rym14^{Hb}* the diagnostic marker *Xiac500* was derived from a cDNA-AFLP analysis and is currently successfully used in backcross programmes

In Zusammenarbeit mit: Crop & Food Research, Neuseeland, Pickering, R.; Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH, Vaupel, J.; Saatzzucht Bauer GmbH, Ramgraber, L., BBA, Klein Machnow, Flath, K.

(BAZ-3115, BAZ-3134, BAZ-3151)

1.2 Erweiterung der genetischen Variabilität für die Resistenz gegen *Rhynchosporium secalis* durch markergestützte Erschließung des sekundären Genpools der Gerste

Broadening the genetic variability for *Rhynchosporium secalis* resistance by unlocking the secondary gene pool of barley

Ruge, B.; Ackermann, P.

Zielsetzung/Aim:

Der sekundäre Genpool der Gerste kann einerseits nur mit hohem methodischen und züchterischen Aufwand erschlossen werden, bietet aber andererseits eine Reihe einzigartiger Resistenzgene gegen verschiedene Krankheiten der Gerste, u. a. gegen *Rhynchosporium secalis*. Resistenzgene gegen diesen wichtigen Krankheitserreger im Gerstenanbau sollen in die Gerste eingekreuzt werden, um markergestützt züchterisch adaptiertes, resistentes Keimplasma für die Züchtung gesunder Gerste schaffen zu können.

The secondary gene pool of barley, *Hordeum bulbosum*, represents a potential resource for the selection of novel resistance genes in barley. Resistances against *Rhynchosporium secalis* shall be identified and transferred into cultivated barley via marker-assisted backcrosses.

Ergebnisse:

Erste Ergebnisse zeigen, dass eine dominant vererbte Resistenz gegenüber *R. secalis* durch eine Introgression von *H. bulbosum*-Chromatin auf Chromosom 4HS in das Gerstengenom übertragen wurde. Für die Markeranalyse wird zurzeit eine umfangreiche Kartierungspopulation (N= 200) erstellt. Die bislang durchgeführten Resistenztests zeigten, dass es sich um eine sehr wirksame Resistenz handelt.

Die Analyse der Eltern genotypen mit RFLP-Ankermarkern und STS-Markern ergab Hinweise auf eine sehr kleine Introgression im telomeren Bereich des Gerstenchromosoms 4H. Nur die beiden distalsten Loci auf 4HS, *RFLP1* und *RFLP2*, bzw. die davon abgeleiteten STS-Marker zeigten einen Polymorphismus zwischen *H. bulbosum* und dem Kulturgersten-Elter (Abb. 1). Derzeit wird versucht, kosegregierende Marker mit Hilfe der cDNA-AFLP-Methode zu entwickeln. Diese Marker sollen eine markergestützte Rückkreuzung ermöglichen.

Auf der Pathogenseite wurden Einzelsporen von *R. secalis* isoliert, um in weiterführenden Untersuchungen mit Hilfe von Einzelsporisolen die Resistenz auf ihre Beständigkeit zu untersuchen.

Abstract:

An introgression genotype could be selected which carried a scald-resistance factor on chromosome 4HS. Mapping populations are being developed for molecular-marker analysis. A screening of the parents with RFLP-anchor markers revealed that a relatively small segment of *H. bul-*

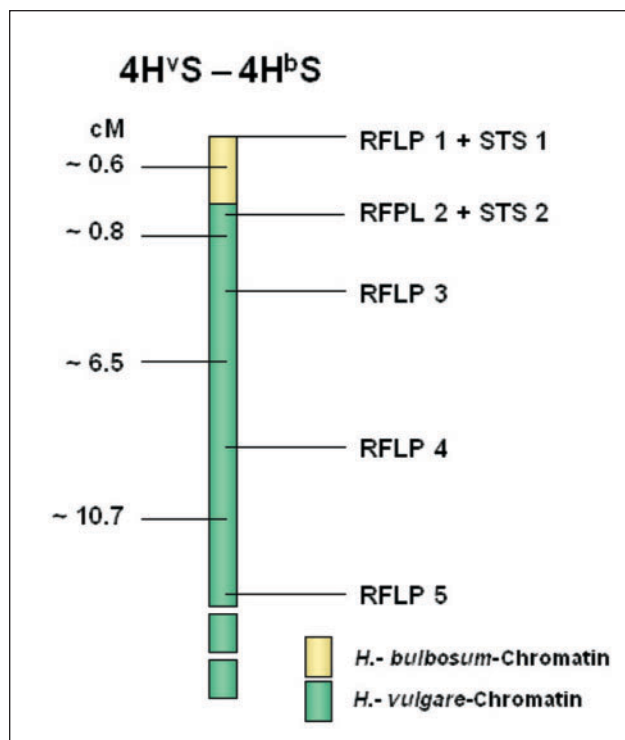


Abb. 1: Introgression auf Chromosom 4HS, die Resistenz gegen *Rhynchosporium secalis* vermittelt

Fig. 1: Introgression on chromosome 4HS conferring resistance to scald (*Rhynchosporium secalis*)

bosum had been introgressed into barley chromosome 4H (Fig. 1). Only the distally located loci *RFLP1* and *RFLP2* were polymorphic between the parent genomes. Resistance tests demonstrated a high effectivity of the novel scald resistance.

In Zusammenarbeit mit: Crop & Food Research, Neuseeland, Pickering, R.; Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH, Vaupel, J.; Saatzucht Bauer GmbH, Ramgraber, L., LFL-Freising-Weihenstephan, Schweizer, G.

(BAZ-3161)

1.3 Erzeugung und Charakterisierung neuer interspezifischer Hybriden zwischen *Hordeum vulgare* und *H. bulbosum* zur Übertragung wertvoller Merkmale

Generation and characterization of novel interspecific hybrids between *Hordeum vulgare* and *H. bulbosum* for transfer of valuable traits

Scholz, M.

Zielsetzung/Aim:

Die Wildart *Hordeum bulbosum* wird bislang in der züchterischen Bearbeitung der Gerste kaum genutzt, obwohl sie eine Reihe wertvoller Merkmale, insbesondere Krankheits- und Schädlingsresistenzen, aufweist, die sie zu einer wertvollen, potenziellen genetischen Ressource für die Sicherung einer nachhaltigen Resistenzzüchtung bei der

Gerste machen. Kreuzungsbarrieren zwischen *H. vulgare* und *H. bulbosum* erschweren allerdings die Nutzung der Wildart in der Gerstenzüchtung. Um die Erschließung dieser genetischen Ressource zu forcieren, wurde ein Hybridisierungsprogramm zur Erzeugung neuer interspezifischer Hybriden zwischen *H. vulgare* und *H. bulbosum* begonnen. Die Hybriden sollen als Ausgangsmaterial für die stabile Introgression von Merkmalsgenen in die Kulturgerste dienen.

The wild-barley species, *Hordeum bulbosum*, has scarcely been used in breeding although it is a carrier of a number of valuable traits, especially disease resistances which render this wild species a potential genetic resource for sustainable resistance breeding in barley. Deployment of *H. bulbosum* for breeding purposes is, however, hampered by crossing barriers between this wild species and cultivated barley. To expedite use of this potential genetic resource a hybridization programme was started. Interspecific hybrids shall serve as a basis for the stable introgression of trait genes from *H. bulbosum* into *H. vulgare*.

Ergebnisse:

Im Rahmen des interspezifischen Kreuzungsprogramms wurden siebzehn autotetraploide (4x, BBBB) *H.-bulbosum*-Akzessionen aus dem eurasischen Raum, Osteuropa, Australien und Südamerika, mit drei diploiden (2x, VV) *H.-vulgare*-Sorten und einem tetraploiden Genotyp (4x, VVVV) gekreuzt. Die reziproken Kreuzungen erfolgten auf dem 2x × 4x- und 4x × 4x-Ploidieniveau. Von allen *H.-bulbosum*-Akzessionen wurden Nachkommen erhalten. Aus der Kreuzung VV × BBBB gingen bis auf eine tetraploide Pflanze ausschließlich triploide, aus den VVVV × BBBB-, BBBB × VV- und BBBB × VVVV-Kreuzungen triploide und tetraploide Nachkommen hervor.

Alle triploiden und zahlreiche tetraploide Kreuzungsnachkommen waren steril. Von acht 4x-Arthybriden, die auf vier *H.-bulbosum*-Akzessionen zurückgehen, wurden F2-Generationen erhalten. Darunter befanden sich 3x- und 4x-Genotypen, von denen wiederum nur die 4x-Genotypen zur F3-Generation geführt werden konnten. Bisher gelang es nur über Rückkreuzungen fertile, euploide Nachkommen mit 14 Chromosomen zu erzeugen. Durch Antheren- und Mikrosporenkultur wurden von vier interspezifischen Kreuzungshybriden und acht diploiden Rückkreuzungsnachkommen zahlreiche grüne Pflanzen regeneriert. In zytologischen Tests wurden bisher tetraploide und polyploide Regeneratpflanzen identifiziert. Davon erwiesen sich drei als fertil. Weitere bisher im Anbau befindliche Genotypen schoben keine Ähren oder waren steril.

Bisher gelang es nur mit Hilfe der Mikrosporenkultur, zwei Nachkommen von sterilen 3x-Arthybriden zu erhalten. Diese Pflanzen waren allerdings albinotisch. In weiteren Arbeiten soll geprüft werden, ob die Mikrosporenkul-

tur als Verfahren zur Gewinnung fertiler euploider Nachkommen mit 14 Chromosomen von 3x- und 4x-interspezifischen Hybriden geeignet ist.

In Resistenztests wurden triploide Arthybriden mit einer kombinierten Resistenz gegenüber dem Gelbverzwergungsvirus (BYDV) und Zwergrost ermittelt. Es gelang, von diesen resistenten Hybriden Rückkreuzungsnachkommen zu erzeugen. Der Nachweis einer möglichen Introgression von *H.-bulbosum*-Chromatin steht noch aus. In einer F2-Generation aus der BBBB × VV-Kreuzung traten Genotypen auf, die hinsichtlich Fertilität (Anzahl Körner je bestäubte Blüte) aufspalteten (F2: 4,5 %; F3: 0-45,4 %).

Abstract:

Interspecific crosses involving seventeen autotetraploid (4x, BBBB) *H. bulbosum* accessions from Eurasia, Eastern Europe, Australia and South America and three diploid (2x, VV) *H. vulgare* cultivars as well as one tetraploid *H. vulgare* genotype (4x, VVVV) have been performed. Reciprocal crosses were made between diploid and autotetraploid cytotypes of the two species. Progenies were produced from all *H. bulbosum* accessions. Apart from one plant which was tetraploid, all crosses between VV and BBBB yielded triploid plants. In VVVV × BBBB, BBBB × VV and BBBB × VVVV crosses, triploid and tetraploid progeny plants were produced. All triploid and most of the tetraploid plants were sterile. F2 generations were obtained from eight 4x offspring plants from interspecific crosses. These F2 genotypes were triploid or tetraploid. Only from the tetraploid ones F3 genotypes could be generated. To date, euploid fertile progeny plants with 14 chromosomes could only be obtained using backcrossing methods. By means of anther and microspore culture plants could be regenerated from four interspecific hybrids and eight diploid backcrossed genotypes. The regenerants were tetraploid or polyploid. Three of them were fertile. The microspore culture proved to be successful in obtaining progenies from sterile 3x interspecific hybrids. The first regenerants, however, were albinotic. It has to be verified whether microspore culture can be used to recover diploid recombinant barley genotypes with introgressed *H. bulbosum* chromatin from 3x and 4x interspecific hybrids.

Triploid interspecific hybrids with combined resistances to barley yellow dwarf virus (BYDV) and leaf rust were identified in resistance tests. Backcross progenies could be obtained from these hybrids. F2 progeny plants from BBBB × VV crosses segregated for fertility (number of kernels per ear)(F2: 4,5 %; F3: 0-45,4 %).

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Habekuß, A.

(BAZ-3149)

b) Hafer/Oat

1.4 Erstellung von Basismaterial bei Hafer mit Resistenz gegen Echten Mehltau und Gerstengelverzwergungsvirus

Development of oat germplasm with resistance to powdery mildew and barley yellow dwarf virus

Herrmann, M.

Zielstellung/Aim:

Zur Erschließung neuer Resistenzquellen werden erstens noch nicht untersuchte Genbankakzessionen geprüft und zweitens gefundene Resistenzen für Mehltaresistenz und Toleranz gegen Barley Yellow Dwarf Virus (BYDV) durch geeignete Kreuzungsprogramme auf leistungsfähige Saathafersorten übertragen. Parallel dazu werden die Vererbungsmodi der Resistenzen aufgeklärt.

To develop germplasm with new resistances to powdery mildew and barley yellow dwarf virus, genebank accessions are being screened and known resistances will be introgressed to *Avena sativa* cultivars by appropriate crossing programmes. In addition, resistances will be analyzed genetically.

Ergebnisse:

Zur Prüfung der Mehltaresistenz von 298 bisher nicht untersuchten *A. sativa*-Akzessionen der Genbank des IPK Gatersleben wurden diese im Gewächshaus angezogen und mit Hilfe des Blattsegmenttests untersucht. Lediglich 7 Herkünfte zeigten im Blattsegmenttest partielle Resistenz, die sich jedoch im adulten Stadium nicht bestätigte.

Zur Untersuchung der Vererbung der Mehltaresistenzen in Nachkommenschaften mit Resistenz aus *A. pilosa* und *A. macrostachya* wurden 194 bzw. 564 F3-Familien mit je 15 Keimpflanzen im Keimpflanzen-Blattsegmenttest geprüft. Die Ergebnisse bestätigen die in der F2 gefundenen Spaltungswerte, die für beide Resistenzquellen nur mit einem monogen dominanten Erbgang der Resistenz erklärbar sind.

Im Zuchtgarten wurden erstmalig 197 BC2F3-Stämme der Kreuzung *A. occidentalis* CAV3889 x Neklan auf Mehltaresistenz und agronomische Leistung geprüft. Selektiert wurden 32 Stämme mit Mehltaresistenz und guter Standfestigkeit, die aufgrund der aus CAV3889 stammenden Langstrohigkeit bei deutlicher Spaltung in der BC2F3 eher selten gegeben war.

Zur Übertragung der Mehltaresistenz aus der *A. strigosa*-Herkunft AVE128 auf Saathafer wurden die im Vorjahr erzeugten Kreuzungsnachkommen verklont und ohne Kastation mit Saathaferpollen bestäubt. Die Fertilität der verschiedenen Bastarde (BC1; F2) war auch in der zweiten Selbstungsgeneration unverändert extrem niedrig, da von 10 Pflanzen nur eine Karyopse geerntet wurde. Bei der *A. strigosa*-Herkunft AVE488 wurde eine fertile oktaploide

Brückenform aus der Kreuzung mit (*A. strigosa* x *A. longiglumis* CW57) erzeugt, die sich möglicherweise besser zur Erzeugung fertiler Rekombinanten mit *A. sativa* eignet.

Abstract:

A screening of 298 *Avena sativa* accessions from the IPK genebank for resistance to powdery mildew revealed no novel resistance sources. The inheritance of the resistance to powdery mildew in *A. sativa* lines with resistances from *A. macrostachya* and *A. pilosa* CAV0128 was investigated using 194 and 564 F3-populations, respectively. Results confirmed a monogenic dominant inheritance of both resistance sources.

Hybrids of powdery-mildew resistant *A. strigosa* accessions AVE128 with *A. sativa* genotypes were selfed and/or backcrossed with *A. sativa*. High sterility of the BC1 and F2 plants was visible and only one karyopse from 10 plants were obtained. An octoploid bridge hybrid from *A. strigosa* AVE488 x (*A. strigosa* x *A. longiglumis* CW57) displayed fertility and will be used for further backcrosses with *A. sativa*.

In Zusammenarbeit mit: Saatzeit Bauer GmbH, Stephan, U.

(BAZ-3118)

1.5 Züchterisch-genetische Optimierung der ernährungsphysiologischen Qualität von Hafer

Optimization of the nutritional quality of the oat grain by breeding research

Herrmann, M.

Zielstellung/Aim:

Eine Kombination klassischer und molekularer Züchtungsmethoden soll zu konkurrenzfähigen Hafergenotypen mit signifikant höherem Gehalt an β -Glucan führen. Hierfür sollen möglichst viele PCR-gestützte Marker entwickelt und kartiert werden, um eine AB-QTL-Analyse bei hoher Abdeckung des Hafergenoms zu ermöglichen.

A multistage strategy shall lead to competitive oat lines with elevated β -glucan contents. For this sake, as much as possible DNA markers will be mapped and used for an AB-QTL analysis.

Ergebnisse:

Erstmalig wurden 238 BC2F5-Linien aus der Kreuzung der Sorte 'Iltis' mit der glucanreichen Genbankherkunft IAH611-477 an drei Standorten des Projektpartners Nordsaat Saatzeit GmbH auf agronomische Leistung geprüft. Gleichzeitig wurden am ILK 40 Gersten- und 144 Hafermikrosatelliten auf Polymorphismus zwischen den Eltern der Kartierungspopulation gescreent. Die Fragmentanalyse erbrachte insgesamt 27 polymorphe SSR-Marker, was jedoch erst einen Bruchteil der für die avisierte AB-QTL-

Analyse notwendigen Anzahl informativer Marker darstellt. Um zeitnah weitere PCR-gestützte Marker zu finden, wurde mit AFLP-Analysen auf dem LI-COR-Sequencersystem begonnen. Von den bislang analysierten 128 *EcoRI*+3- und *MseI*+3-Primerkombinationen zeigten 32 Primerpaare insgesamt 176 polymorphe Banden.

Abstract:

In the course of the AB-QTL analysis, a BC2F5 population derived from the cross 'Iltis' x IAH611-447 (the donor for high β -glucan content) was examined in three different nurseries of the project partner Nordsaat Saatzucht GmbH. The marker development at the ILK was started with a screening of 40 barley and 144 oat SSRs, of which 27 displayed polymorphism between the parents of the mapping population (BC2S1). Additionally, 128 *EcoRI*/*MseI* AFLP primer combinations were analyzed, of which 32 led to a total of 176 polymorphic bands between the parents. The polymorphic SSR markers and AFLP markers, together with STS markers which will be derived from available RFLP markers, will be used to genotype the 238 BC2S1 individuals.

In Zusammenarbeit mit: Nordsaat Saatzucht GmbH, Beuch, St.; Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Weber, W. E.

(BAZ-3160)

c) Roggen/Rye

1.6 Prüfung und Nutzung nicht adaptierter Herkünfte für die züchterische Bearbeitung wirtschaftlich bedeutender Merkmale bei Roggen

Evaluation and use of non-adapted accessions for breeding on economically important traits in rye
Roux, S. R.

Zielstellung:

Bisher für die Roggenzüchtung wenig erschlossenes Genbankmaterial wird hinsichtlich wirtschaftlich bedeutender Merkmale geprüft. Hierbei sind zusätzlich zu agronomischen Merkmalen Resistenzen gegen Braunrost, Mehltau, *Rhynchosporium*-Blattflecken und Schwarzrost von vorrangigem Interesse. Neben der Überführung wertvoller Merkmale aus selektierten Akzessionen in züchterisches Basismaterial steht die Charakterisierung dieser Merkmale im Vordergrund.

Accessions rarely employed in rye breeding to date will be tested in respect to economically important traits. In addition to agronomic traits, resistances to leaf rust, powdery mildew, scald and stem rust are of high interest. Besides the transfer of valuable traits from selected accessions into basic breeding material, the characterisation of these traits is the major goal.

Ergebnisse:

Entsprechend den vergangenen Versuchsjahren wurden im Berichtsjahr 2003 weitere 59 Genbankakzessionen weltweiter Herkunft auf ihren Befall mit Braunrost (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*), Schwarzrost (*Puccinia graminis*) und Mehltau (*Erysiphe graminis*) unter natürlichem Infektionsdruck geprüft. Zusätzlich zum Anbau in Mikroprüfungen (1,5 m², Dünnsaat) zur Selektion potenzieller Resistenzquellen erfolgte die Erfassung agronomischer Merkmale (Standfestigkeit, Wuchshöhe, TKG usw.) in einer zweiten Prüfparzelle in normaler Saatstärke.

Auf Grund des warmen Frühsommers trat in 2003 Schwarzrost am Prüfstandort Groß Lüsewitz wiederum stark auf. Im Evaluierungsanbau zeigten zwei Genbankherkünften einen nur schwachen Befall und sollen zur Erschließung möglicher Resistenzen weiter bearbeitet werden. Spaltende F2-Populationen aus Kreuzungen einer anfälligen Inzuchtlinie und weiteren potenziellen Donoren von Schwarzrostresistenz sind erstellt und werden zur genetischen Analyse der zugrunde liegenden Resistenzen unter standardisierten Prüfbedingungen eingesetzt werden.

Wie im Versuchsjahr 2002 konnten die genetischen Ressourcen auch 2003 aufgrund des kräftigen natürlichen Auftretens von Mehltau gegenüber diesem Pathogen beurteilt werden. Dabei wiesen bei mittelstarkem Befall der Standardsorte 'Motto' drei Akzessionen einen nur schwachen Befall auf. Diese Herkünfte können in weiteren Arbeiten als potenzielle Resistenzquellen gegen Mehltau genutzt werden.

Im Berichtsjahr 2003 traten *Rhynchosporium*-Blattflecken (*Rhynchosporium secalis*) im Vergleich zu den vergangenen Versuchsjahren später und schwächer auf. Auf Grund dessen konnte im Evaluierungsanbau der genetischen Ressourcen keine differenzierende Bonitur durchgeführt werden. Einige Inzuchtlinien aus dem in Groß Lüsewitz entwickelten Liniensortiment zeigten im Vergleich zu mittelstark befallenen Standards kaum Befall und wurden in Kreuzungen mit einer hochanfälligen Inzuchtlinie eingesetzt. Durch die Etablierung von Resistenztests unter Klimakammerbedingungen soll zukünftig eine standardisierte Methode zur Untersuchung potenzieller Resistenzen gegen *Rhynchosporium secalis* zur Verfügung gestellt werden.

Auch in 2003 war am Prüfstandort ein starker natürlicher Braunrostbefall zu verzeichnen, der durch den mittleren Befall der als wenig anfällig geltenden Standardsorte 'Motto' dokumentiert wurde. Bei sehr starkem Braunrostbefall der Mehrzahl der untersuchten Akzessionen konnte eine Population mit nur schwachen Symptomen selektiert werden. Der Schwerpunkt der Projektarbeiten lag auch 2003 auf der weiteren Bearbeitung der bereits in den vergangenen Jahren selektierten Resistenzquellen gegen Braunrost, der als bedeutendstes windverbreitetes pilzliches Pathogen bei Roggen eingestuft werden muss.

Genetische Analysen mit Hilfe von In-situ-Blattsegmenttests (BST) mehrerer spaltender F2-Familien aus der Kreuzung einer hochanfälligen Inzuchtlinie mit jeweils einer resistenten Einzelpflanze verschiedener Donor-Populationen führten in den vergangenen Jahren zum Nachweis der genetischen Kontrolle der jeweiligen Resistenz durch zwei unabhängige, dominant wirkende Resistenzgene. Zur Vereinzelung dieser Resistenzgene wurden im Berichtszeitraum F3-Familien, die durch Selbstung resistenter F2-Pflanzen gebildet wurden, in ausreichender Pflanzenzahl unter natürlichem Befallsdruck im Feld angebaut. Dabei konnten für drei der untersuchten Resistenzquellen monogen spaltende F3-Familien identifiziert werden, die im folgenden in ausreichendem Stichprobenumfang einer erneuten genetischen Analyse zum Nachweis einzelner dominanter Resistenzgene eingesetzt werden sollen.

Über BST wurden mittlerweile aus fünf in den vergangenen Jahren selektierten Resistenzdonoren nicht befallene Einzelpflanzen ausgelesen und diese in Kreuzungen mit der hochanfälligen Inzuchtlinie L301-N zur Bildung spaltender F2-Populationen eingesetzt. Bei Vorliegen dieser F2-Familien soll mittels BST die genetische Analyse dieser Resistenzen durchgeführt werden.

Blattsegmenttests in einer anderen spaltenden F2-Population führten kürzlich zur Identifikation eines weiteren dominanten Resistenzgens aus einer Resistenzquelle, die in Evaluierungsarbeiten der vergangenen Jahre selektiert wurde. Diese F2 kann zur chromosomalen Lokalisation und molekularen Markierung des Resistenzgens im Rahmen von Projekt BAZ-3140 direkt als Kartierungspopulation eingesetzt werden.

Die Klassifizierung von F2-Individuen im Rahmen der genetischen Analyse durch BST kann *a posteriori* durch Resistenztests der durch Selbstung der F2-Pflanzen hervorgegangenen F3-Familien verifiziert werden. Durch derartige Nachkommenschaftstests gelang es im Berichtszeitraum, die Individuen der jeweiligen, für *Pr-e*, *Pr-f* bzw. *Pr-n* segregierenden F2-Familien zu genotypisieren. Die ermittelten Häufigkeiten stimmten in Bezug auf die drei *Pr*-Gene jeweils mit der 1:2:1-Erwartung für *PrPr-*, *Prpr-* und *prpr*-Genotypen überein.

Homozygot resistente Träger der bereits kartierten Braunrostresistenzgene *Pr1*, *Pr2*, *Pr-c*, *Pr-g* und *Pr-h* wurden in Kooperation mit der BBA-Kleinmachnow im BST mit 23 Einzelpustelisolaten geprüft. Diese 23 Einzelpustelisolat wurden von der BBA-Kleinmachnow aus über 300 Einzelpustelisolaten ausgewählt und können als repräsentativ für die in Mitteleuropa vorhandenen Braunrostrassen angesehen werden. Keine dieser Rassen zeigte eine kompatible Reaktion gegenüber *Pr1*- oder *Pr2*-Resistenzträgern. Des Weiteren konnte aufgrund des differentiellen Reaktionsmusters darauf geschlossen werden, dass es sich bei *Pr-c*, *Pr-g* und *Pr-h* um nicht identische *Pr*-Gene handelt und diese auch nicht identisch mit *Pr1* und *Pr2* sind.

Zur Bildung nahezu isogener Linien wurde die Einlagerung der bereits kartierten Resistenzgene (*Pr1*, *Pr2*, *Pr-c*, *Pr-f*, *Pr-g*, *Pr-h* und *Pr-n*) sowie der weiteren über genetische Analysen identifizierten Resistenzgene (*Pr-d*, *Pr-e*, *Pr-o*, *Pr-p*) in die Inzuchtlinie L301-N fortgesetzt. In Bezug auf fünf Resistenzgene wurde bereits die angestrebte BC5-Generation erstellt. Derzeit wird bei diesem Material an der Erstellung fixierter Genotypen gearbeitet.

Die Arbeiten zur markergestützten Pyramidisierung unterschiedlicher *Pr*-Gene wurden weitergeführt. Dabei konnten für die *Pr*-Gen-Kombination *Pr1/Pr-c*, für die auf Grund der charakteristischen Resistenzreaktion der beiden Gene neben der molekularen auch eine phänotypische Differenzierung von Trägern der verschiedenen *Pr*-Gene möglich ist, mittlerweile für beide *Pr*-Gene fixierte *Pr1Pr1Pr-cPr-c*-Genotypen erstellt werden.

Abstract:

The objectives of this study are (1) to evaluate rye accessions which have been rarely employed in rye breeding to date, (2) to characterise valuable traits from selected accessions, and (3) to simultaneously transfer these traits into adapted germplasm.

Under natural infection pressure a total of 59 genebank accessions were tested for their resistance to leaf rust, stem rust and powdery mildew. One population displaying little to medium leaf-rust symptoms and two accessions, showing little stem-rust infestation were selected. Additional three populations were found to allow only little infestation with powdery mildew.

Detached-leaf tests of a segregating F2 family of an additional source of leaf-rust resistance resulted in the identification of one more dominant leaf-rust resistance gene. For the populations segregating with *Pr-e*, *Pr-f*, and *Pr-n*, respectively, the results of progeny tests verified the segregation of a single dominant resistance gene in each case.

By applying 23 single-pustule leaf-rust isolates in detached-leaf tests, the differentiation of several previously mapped *Pr* genes became feasible.

Concerning the *Pr* genes already mapped (*Pr1*, *Pr2*, *Pr-c*, *Pr-f*, *Pr-g*, *Pr-h*, and *Pr-n*) and further *Pr* genes which have been identified meanwhile (*Pr-d*, *Pr-e*, *Pr-o*, *Pr-p*), the development of nearly-isogenic lines on the basis of L301-N and the pyramiding of different *Pr* genes were continued.

In Zusammenarbeit mit: VIR (St. Petersburg), Solodukhina, O. V.; Universität St. Petersburg, Voylokov, A. V.; BBA, Kleinmachnow, Flath, K.; Universität Halle, Klocke, B.; BAZ, Inst. f. landwirtschaftl. Kulturen, Groß Lüsewitz, Ruge, B., Hackauf, B.

(BAZ-3140), (BAZ-3122)

1.7 Untersuchungen zur Nutzung und züchterischen Verbesserung von perennierendem Roggen **Investigations on the use and breeding improvement of perennial rye**

Roux, S. R.

Zielstellung:

Mit Hilfe eines rekurrenten Selektionsprogrammes soll die Perennierungsfähigkeit des bearbeiteten Materials verbessert werden.

The character 'perennial habit' shall be improved by the means of recurrent selection.

Ergebnisse:

Im Jahr 2001 war der 3. Zyklus eines rekurrenten Selektionsprogrammes zur Steigerung der Perennierungsfähigkeit im untersuchten Material abgeschlossen worden. Zur Vermeidung umweltspezifischer ökologischer Anpassung wurden die Selektionszyklen jeweils an zwei klimatisch divergenten Prüfstandorten durchgeführt.

Die jeweiligen Subpopulationen, die im Rahmen der rekurrenten Selektion über drei Zyklen an den beiden Selektionsstandorten Groß Lüsewitz (Mecklenburg-Vorpommern) und Oberer Lindenhof (Baden-Württemberg) erstellt worden waren, wurden in 2002 getrennt unter Isolierhauben vermehrt. Diese sechs Populationen wurden im Berichtsjahr gemeinsam mit der Ausgangspopulation im Vergleich zu zwei Standardsorten einer Feldprüfung an den beiden Selektionsstandorten unterzogen. Hiermit sollte der über drei Zyklen erzielte Selektionserfolg unter gleichen Umweltbedingungen bestimmt werden. Die rekurrent verbesserten Populationen wurden hierbei mit jeweils 120 Einzelpflanzen geprüft. Neben agronomischen Merkmalen wurde im Oktober 2003 die Anzahl neu ausgetriebener Einzelpflanzen erfasst. Die Perennierungsfähigkeit ergab sich aus der Anzahl neu ausgetriebener Einzelpflanzen im Oktober 2003 bezogen auf die Anzahl vorhandener Einzelpflanzen im April 2003. Am Prüfstandort Groß Lüsewitz konnte anhand der Feldprüfung 2003 eine Steigerung der Perennierungsfähigkeit aufgrund der rekurrenten Selektion von 75,7 % im Ausgangsmaterial auf durchschnittlich 94,8 % im durchkreuzten Material aus Zyklus 3 nachgewiesen werden. Die in Zyklus 3 am Standort Groß Lüsewitz selektierte Population zeigte dabei mit 96,6 % eine höhere Perennierungsfähigkeit als die am Standort Oberer Lindenhof selektierte Population (92,9 %). Neben der Perennierungsfähigkeit konnten durch das rekurrente Selektionsprogramm auch die agronomischen Merkmale 'Wuchshöhe' und 'Lagerneigung' im bearbeiteten Material leicht verbessert werden.

Abstract:

In 2001 the 3rd cycle of a recurrent selection programme to improve the character 'perennial habit' was completed. To avoid specific ecological adaptation the selection programme had been carried out at two divergent locations.

In the reporting year 2003 a field experiment was conducted at three locations to determine the success of selection of the three cycles of recurrent selection. Following the results of the experiment at the Groß Lüsewitz location, the 'perennial habit' (difference of the number of plants in spring and autumn of 2003) could be increased from 75,7 % in the initial population up to a mean of 94,8 % in the two current populations selected at two divergent environments.

Additional to the enhancement of the character 'perennial habit', a reduction in 'plant height' and 'lodging tendency' could be realized.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hohenheim, Stuttgart, Geiger, H. H.; Landessaatzuchtanstalt, Stuttgart, Miedaner, T.

(BAZ-3129)

d) Triticale/Triticale

1.8 Schaffung von Basismaterial bei Wintertriticale mit hoher Standfestigkeit, Krankheitsresistenz und Kornqualität

Development of basic genetic material in winter triticale with high lodging resistance, disease resistance and grain quality

Herrmann, M.

Zielstellung/Aim:

Zur Entwicklung von Triticalelinien mit hoher Standfestigkeit, Krankheitsresistenz und Auswuchsfestigkeit werden Nachkommen aus der Kreuzung primärer Triticale mit leistungsstarken sekundären Triticale züchterisch bearbeitet und vorhandenes Zuchtmaterial bezüglich der relevanten Merkmale untersucht. Ergänzend zur Nutzung primärer Triticale werden die Triticale-Sortimente der Genbanken des IPK und der BAZ hinsichtlich relevanter Merkmale evaluiert sowie Resistenzträger gegen Fusarium, Septoria (Blatt und Ähre), Braunrost und Gelbrost erschlossen.

To develop triticale lines resistant to lodging, preharvest sprouting and diseases, primary triticales are combined with high-yielding genotypes. Furthermore, accessions of the IPK genebank and BAZ genebank will be evaluated for important agronomical characters and resistances to scab and other pathogens.

Ergebnisse:

Für die häufig umstrittene und dennoch weltweit praktizierte Nutzung primärer Triticale zur Erweiterung der genetischen Basis bei Triticale gibt es bisher kaum methodische Empfehlungen, mit wie vielen Rückkreuzungen und in welcher Generation die Selektion von fertilen Linien begonnen werden sollte. Um einen Beitrag zur Lösung dieses komplexen Optimierungsproblems zu leisten, wurden in

den vergangenen Jahren drei Kreuzungsvarianten aufgebaut. Diese basieren auf klonierten F1-Pflanzen aus der Kreuzung zwischen primären Triticale und aktuellen Triticalesorten. Jeder Klon wurde erstens mit 'Trimaran', zweitens mit einer fertilen F1 von ('Kimon' x 'Hacada') x 'Lasko' gekreuzt und drittens geselbstet, womit sich die drei Varianten im Anteil des sekundären leistungsstarken Triticales deutlich unterschieden. Nach vier Generationen single seed descent und einem anschließenden Anbau im Gewächshaus wurden 170 BC1F5- bzw. F6-Einzelpflanzen selektiert, die 2003 im Zuchtgarten mit je einer Doppelreihe und zwei Wiederholungen geprüft wurden. Diese Prüfung im Zuchtgarten bestätigte das im Mittel deutlich spätere Ährenschieben und Reifeverhalten der rekombinierten Triticale sowie die schlechtere Kornfüllung und Fertilität, was sich in geringeren Einzelährenerträgen niederschlug. Dennoch gab es in jeder der drei Kreuzungsvarianten positive Nachkommenschaften, die für eine umfassendere Prüfung in 2004 selektiert wurden. Die guten Selektionsmöglichkeiten in Nachkommenschaften der einfachen Kreuzung primärer mit sekundärer Triticale bestätigte sich auch bei der Leistungsprüfung einer entsprechenden F6 einer weiteren Materialgruppe. Hier wurde ein sehr gutes Ausgangsmaterial für Kreuzungen zur Verbesserung in den Merkmalen Auswuchsfestigkeit, Fusariumresistenz, Kornzahl pro Ähre und Standfestigkeit entwickelt.

Das Programm zur Evaluierung der Genbankherkünfte wurde mit der mehrortigen Prüfung von 80 Akzessionen fortgesetzt, wobei in diesem Jahr zwei Akzessionen mit höherer Fusariumresistenz als 'Lasko' gefunden wurden. Diese Genbankakzessionen werden im Rahmen einer rekurrenten Selektion durch Kreuzung mit aktuellen Sorten züchterisch erschlossen.

Abstract:

Progenies of different types of crosses between primary triticale and triticale cultivars were developed until F7 and BC1F6 generation. Promising lines have been developed from one-way crosses with primary triticale, especially with high lodging resistance, preharvest-sprouting and scab resistance, respectively.

The joint programme to evaluate triticale accessions of the genebank of the IPK Gatersleben was continued. Significant variability was found in all traits investigated. Only a few accessions revealed higher scab resistance than the best standard cultivars and will be integrated in a recurrent selection programme.

In Zusammenarbeit mit: LSA Stuttgart, Thiemt, E.; SAKA GmbH, Wahle, G.; Nordsaat Saatzucht GmbH, Schachschneider, R.; Lochow-Petkus-GmbH, Schinkel, B.

(BAZ-3119)

1.9 Quantitativ-genetische Untersuchungen zur Kornqualität an Triticalehybriden und spaltenden Populationen

Investigation of quantitative-genetical parameters for kernel quality of triticale hybrids and segregating populations

Herrmann, M.

Zielstellung/Aim:

Im Mittelpunkt dieses Forschungsvorhabens steht die Frage nach dem Umfang der Heterosis für Fallzahl, Tausendkornmasse, Wuchshöhe und andere Merkmale. Ergänzend zur Heterosis werden die g.c.a.- und s.c.a.-Effekte sowie weitere quantitativ genetische Parameter an spaltenden Populationen geschätzt.

The aim of this experiment is to estimate the heterosis and quantitative-genetical parameters for falling number and other important characters in winter triticale hybrids and segregating populations.

Ergebnisse:

Für das zweijährige Experiment wurde ein Satz Triticalehybriden aus der diallelen Kreuzung von acht Triticalelinien mit unterschiedlicher Fallzahl an vier Orten geprüft. Die über manuelle Kreuzung gewonnenen Hybriden wurden je Ort in einer Doppelreihe mit zwei Wiederholungen ausgepflanzt und an zwei Ernteterminen beerntet. In beiden Versuchsjahren zeigte sich eine überwiegend positive relative Heterosis für Wuchshöhe (5 %) und Tausendkorngewicht (7 %) sowie eine im Durchschnitt negative Heterosis für Fallzahl (-15 %). Im Ährenschieben und der Auswuchsfestigkeit nach Provokation gab es nur geringe Abweichungen vom Elternmittel. Für Fallzahl und die anderen erfassten Merkmale dominieren die g.c.a.-Varianzen, während s.c.a.-Effekte deutlich schwächer ausgeprägt waren.

Abstract:

A set of eight winter triticale genotypes with different falling numbers were crossed in a diallelic scheme. Heterosis for important agronomic traits was assessed in a trial with four locations from 28 F1s without reciprocals. Over the years 2001 and 2002, negative mid-parent heterosis was found for falling number (-15 %) and positive effects for thousand-kernel weight (+7 %) and plant height (+5 %). Variance components were significant for g.c.a.-effects and of minor importance in s.c.a.-values.

In Zusammenarbeit mit: LSA Stuttgart, Thiemt, E.; SAKA GmbH, Wahle, G.; Lochow-Petkus-GmbH, Schinkel, B.

(BAZ-3148)

e) Futtergräser/Forage Grasses

1.10 Erschließung genetischer Variabilität zur Verbesserung der Resistenz gegen *Puccinia coronata* bei *Lolium* sp.

Investigation of genetic variability for improving resistance to *Puccinia coronata* in *Lolium* species
Lellbach, H.

Zielsetzung/Aim:

Die Erhöhung der genetischen Variabilität und die Verfügbarkeit von Resistenzgenen sind Anforderungen, die mit Nachdruck an die Pflanzenzüchtung gestellt werden. Die Evaluierung zahlreicher Genbank-Herkünfte und die Analyse der durch Gattungskreuzungen erzeugten Variabilität sind Bestandteile der Suche nach Resistenzen gegen den Kronenrost (*P. coronata*). Die Markierung der Resistenz durch molekulare Marker soll die Identifizierung der an der Ausprägung beteiligten Genloci ermöglichen und die Grundlagen für eine markergestützte Selektion schaffen.

The most challenging demands in forage-grass breeding are the increase of genetic variability and the availability of resistance genes to crown rust (*P. coronata*). To find resistances to crown rust in *Lolium* sp. it is necessary to evaluate many accessions and to analyze variability produced by intergeneric hybridization. Resistance loci shall be characterized by use of molecular markers to provide a basis for marker-assisted selection.

Ergebnisse:

Zur Charakterisierung der genetischen Variabilität von Sorten erfolgte eine Bewertung der Testergebnisse des Blattsegmenttests unter Laborbedingungen auf der Grundlage der Einschätzung des Resistenzverhaltens von 18 *L. multiflorum*- und 33 *L. perenne*-Sorten gegenüber dem Kronenrostbefall im Freiland an 23 europäischen Standorten (EUCARPIA Multisite Rust Evaluation). Dafür wurde unter Einbeziehung der resistentesten und anfälligsten Sorten eine Auswahl von 5 Welschen Weidelgrassorten (*L. multiflorum*) und 11 Deutschen Weidelgrassorten (*L. perenne*) auf Kronenrostresistenz geprüft. Es erfolgte die Prüfung von 96 Pflanzen/Sorte, deren auf Agar ausgelegten Blattsegmente mit Uredosporen des Kronenrostes inokuliert wurden. Nach 12 Tagen Inkubationszeit konnten die Pflanzen in 3 Reaktionstypen (1 = Chlorosen oder keine Symptome auf den Blättern, 2 = Chlorosen mit vereinzelter Pustelbildung und 3 = starke Pustelbildung mit Sporulation) unterteilt werden. Aufgrund der Spaltungszahlen zwischen den geprüften Pflanzen der Sorten ergaben sich nach Homogenitätstest bei beiden Weidelgrassorten homogene Gruppen (χ^2 -Test, $p=0,05$). Es konnten beim Welschen Weidelgras drei und beim Deutschen Weidelgras fünf homogene Gruppen identifiziert werden. Entsprechend dem Anteil resistenter Pflanzen in den Gruppen wurde die Rangfolge der Sorten (Sorten innerhalb einer Gruppe besitzen die gleiche Rangzahl) ermittelt und mit jener des EUCARPIA-Versuches verglichen. Es ergaben sich beim Welschen Weidelgras ein Rang-Korrelationsko-

effizient von $r_c = 0,99$ und beim Deutschen Weidelgras ein Koeffizient von $r_c = 0,79$. Die Sorten zeigen in der Anfälligkeit gegenüber dem Kronenrost somit eine sehr gute Übereinstimmung zwischen den Bewertungen im Freiland (EUCARPIA Multisite Rust Evaluation) und den Ergebnissen der Resistenzprüfung unter Laborbedingungen (Blattsegmenttest).

Abstract:

On the basis of the 'EUCARPIA Multisite Rust Evaluation' the rankings of 5 cultivars from *L. multiflorum* and 11 from *L. perenne* were compared with the ranking obtained with the leaf-segment test. The cultivars segregated significantly different for the reaction types 1 through 3. Segregation data was tested for homogeneity. Three groups of cultivars in *L. multiflorum* and five groups in *L. perenne* with different shares of resistant plants were classified. A high correlation of the rankings of cultivars in *L. multiflorum* and *L. perenne* was found between the leaf-segment test and the EUCARPIA Multisite Rust Evaluation. The rank-correlation coefficients were $r_c = 0,99$ and $r_c = 0,79$, respectively.

In Zusammenarbeit mit: Genbank IPK Gatersleben, Willner, E.

(BAZ-3110)

1.11 Erarbeitung von Selektionsmethoden und -modellen für Kronenrostresistenz bei *Lolium*-Arten Development of models and methods for selection of crown rust resistance in *Lolium* species

Lellbach, H.

Zielsetzung/Aim:

Die genetische Analyse zur Identifizierung der Resistenzgene *Cr1* und *Cr2* wird fortgeführt. Durch Nachkommenschaftstest resistenter Pflanzen aus F3 und anderen definierten Populationen erfolgt die weitere Verifizierung der Genotypen, die es erlauben sollen, Resistenzgene unter Verwendung molekularer Marker im *Lolium*-Genom zu kartieren. Es gilt weiterhin, Resistenzgene in anderen *Lolium*-Arten mit Hilfe genetischer Analysen zu identifizieren und auf ihre Identität zu den bisher beschriebenen Resistenzgenen zu testen. Außerdem ist die Rassenspezifität dieser Resistenzgene gegenüber einer Einzelpustelisolat-Kollektion zu überprüfen und die Beziehung zwischen der Resistenz im Blattsegmenttest und dem Freilandbefall zu analysieren.

Genetic analyses using F3 generation and other defined progenies will be continued to characterize genes for resistance and to develop molecular markers for mapping purposes and marker-assisted selection. Further on, resistance genes in other *Lolium* species shall be identified based on a genetic analyses for crown rust resistance and compared to previously described resistance genes.

Ergebnisse:

Analog zur genetischen Analyse der Kronenrostresistenz in *L. perenne* erfolgte zur weiteren Charakterisierung von Resistenzgenen eine Analyse in *L. multiflorum* (s. Jahresbericht 2002).

Es wurden jeweils fünf F2- und BC1-Nachkommenschaften erzeugt, die hinsichtlich ihrer Aufspaltungen in resistent:anfällig von 3:1 bzw. 1:1 die Wirkung eines dominanten Resistenzgens gegenüber dem Kronenrost vermuten lassen. Dieses Resistenzgen entspricht in seiner Wirkungsweise den Resistenzgenen *Cr1* und *Cr2*, die in genetischen Analysen bei *L. perenne* beschrieben und identifiziert wurden. Die Identität dieser Gene mit jenem in *L. multiflorum* wird mit Hilfe von SSR-Markern geprüft.

Für die Erstellung von Kartierungspopulationen in *L. multiflorum* wurden Nachkommenschaften durch Rückkreuzung der BC1- und F2-Pflanzen mit dem anfälligen Elter erzeugt und mit dem Blattsegmenttest auf Resistenz gegenüber dem Erreger des Kronenrostes (*P. coronata*) geprüft. Der Nachweis über Vorliegen einer Spaltung erfolgte an jeweils 20 Pflanzen der zu prüfenden Nachkommenschaften. Das Verhältnis von heterozygoten (resistenten) Genotypen zu anfälligen in den BC1-Populationen betrug 1:1. Auch in den F2-Populationen spalteten die homozygot und heterozygot resistenten sowie die anfälligen Pflanzen wie erwartet in einem 1:2:1-Verhältnis auf (Tab. 1).

Tab. 1: Aufspaltung von homo- und heterozygot resistenten und anfälligen Genotypen in BC1- und F2-Nachkommenschaften

Table 1: Segregation of homozygous and heterozygous resistant and susceptible genotypes in BC1 and F2 progeny

Population	n	Aufspaltungen			$\chi^2_{1:1/1:2:1}$
		hom. resist.	het. resist.	anfällig	
BC1	34		19	15	0,49
F2	18	3	11	4	1,44

In einem Anbauversuch mit genetisch definierten Populationen wurde die Wirkung der in *L. perenne* charakterisierten Resistenzgene *Cr1* und *Cr2* auf das Resistenzverhalten unter Freilandbedingungen untersucht. Es erfolgte die Prüfung homo- und heterozygoter Populationen im Vergleich zu homogen-anfälligen Linien. Die Populationen wurden mit je vier Wiederholungen an den Standorten Malchow (Poel) und Groß Lüsewitz im Frühjahr ausgepflanzt und zu je zwei Terminen auf Kronenrostbefall entsprechend der Skala 1-9 (1, kein Befall; 9, vollständiger Befall) bonitiert. In Tabelle 2 sind die Mittelwerte der Populationen der beiden Prüforde angegeben. Den geringsten Befall weisen die heterozygoten Pflanzen mit einem Gesamtmittel von 4,4 auf. Im Gegensatz zu den homozygoten Linien ist hier ein um ca. eine Boniturnote geringerer Kronenrostbefall zu verzeichnen. Die anfälligen Linien zeigen den erwarteten

hohen Befall mit einer durchschnittlichen Bonitur von nahezu 7,0. Die F1-Populationen (heterozygot) wiesen andererseits auch eine deutlich bessere Wüchsigkeit der Einzelpflanzen gegenüber jenen der homozygoten Linie auf. Dieser Heterosiseffekt könnte Einfluss auf das Abwehrverhalten der F1-Pflanzen gegenüber dem Kronenrost ausüben. Weitere Untersuchungen von Gendosiseffekten auf die Ausprägung der Resistenz unter Freilandbedingungen sind deshalb erforderlich.

Tab. 2: Mittlerer Kronenrostbefall homo- und heterozygoter Populationen im Freiland (Malchow, Poel und Groß Lüsewitz, Boniturskala 1-9)

Table 2: Average of crown rust infestation of homo- and heterozygous populations in the field (Malchow, Poel and Groß Lüsewitz, scale 1-9)

Popula-tion	Genotyp	Mittelwerte		
		Malchow	Groß Lüsewitz	Gesamt
1	<i>Cr1Cr1Cr2Cr2</i>	5,41	5,75	5,52
2	<i>Cr1cr1Cr2cr2</i>	4,68	3,88	4,40
3	<i>cr1cr1cr2cr2</i>	6,99	6,78	6,91

Abstract:

Analogous to genetic analysis of crown-rust resistance in *L. perenne*, an analysis was conducted for characterisation of resistance genes in *L. multiflorum*. Segregation analysis revealed that the resistance was controlled by a single dominantly acting gene. For the development of molecular markers for crown rust resistance. F2 and BC1 plants were progenytested. In F2 populations, homozygous and heterozygous as well as susceptible genotypes segregated as expected 1:2:1, whereas the BC1 populations displayed the expected 1:1 segregation of heterozygous to susceptible genotypes.

Homozygous and heterozygous populations with *Cr1* and *Cr2* resistance genes of *L. perenne* were tested in the field at two locations (Malchow, Poel and Groß Lüsewitz). The results show that the heterozygous F1 populations had less crown rust infestation than the homozygous lines. Effects of heterosis could have influenced the defence reaction of the plants against crown rust infestation in the field.

(BAZ-3106)

f) Raps/Rapeseed

1.12 Erweiterung der genetischen Basis bei Winter- raps und Erzeugung von verbessertem Keimplas- ma mit Eignung für den Food- und Non-Food- Bereich

Broadening the genetic basis of winter oilseed rape and creation of improved germ plasm for food and non-food utilization

Rudloff, E.

Zielsetzung/Aim:

Unter Nutzung der großen genetischen Diversität innerhalb der Familie der Brassicaceae werden Genotypen selektiert, deren spezifisches Fettsäuremuster für die gezielte Veränderung der Speicherlipidzusammensetzung von Winterraps geeignet ist. Es werden Linien selektiert, deren erwünschte Eigenschaften mit Hilfe der somatischen oder generativen Hybridisierung (Art- bzw. Gattungshybridisierung) in Winterraps eingelagert werden können.

Using the genetic diversity existing in the Brassicaceae, lines displaying specific fatty-acid composition shall be selected which are suited to systematically modify the seed-oil quality of oilseed rape.

Ergebnisse:

Die in 1999 aus dem Institut für gartenbauliche Kulturen der BAZ übernommenen Brassicaceen-Hybriden wurden, wie im Jahresbericht 2001 berichtet, zwecks Selektion geeigneter Typen hinsichtlich ihrer Fettsäurezusammensetzung analysiert. Im Vordergrund stehen dabei Formen mit extrem hohem bzw. niedrigem Erucasäuregehalt (C22:1). Neben Erucasäure sind als weitere Fettsäuren Ölsäure (C18:1), Linolensäure (C18:3) und Eicosensäure (C20:1) von Interesse. Unter den übernommenen Hybriden befinden sich synthetische Rapse (AACC), deren A- und C-Genome von diversen *B.-rapa*-Subspezies (ssp. *rapa* - Rüb-
sen, ssp. *pekinensis* - Chinakohl) bzw. *Brassica-oleracea*-Subspezies stammen. Damit ist im Hinblick auf Gene, welche in die Fettsäurebiosynthese und die Speicherlipidbildung involviert sind, aber auch auf solche für andere agronomisch wichtige Merkmale, eine vom herkömmli-

chen Winterraps verschiedene genetische Basis gegeben. Linien, die aus solchen Hybriden selektiert werden, stellen demzufolge ein wertvolles Keimplasma für die Erweiterung der genetischen Basis von Winterraps dar.

In 2003 standen 30 Nachkommen von winterannuellen und 52 von sommerannuellen Hybriden unterschiedlicher Kombinationen im Versuchsfeld. Die Ergebnisse zu den sommerannuellen Formen sind noch nicht verfügbar. Die in 2001 beobachteten hohen Erucasäuregehalte von deutlich über 50 % bestätigten sich nicht. Hybriden aus der intraspezifischen Kreuzung zwischen Rüb-
sen und Chinakohl hatten den höchsten Erucasäuregehalt mit einem Mittelwert von 47,3 % und Extremwerten von 40,9 % und 50,5 %. Der Maximalwert betrug bei den synthetischen Rapsen 50,0 % Erucasäure. Erucasäurefreie Formen wurden in synthetischem Raps gefunden, bei dem die erucasäurefreie Rüb-
sensorte 'Candle' als *B.-rapa*-Elter verwendet worden war. Hier sind drei Linien stabil erucasäurefrei und in weiteren zwei Nachkommenschaften wurden erucasäurefreie Individuen für den Linienaufbau selektiert. Aus der Kombination von Chinakohl mit *B. oleracea* konnten zwei erucasäurefreie Linien selektiert werden, während in 5 Nachkommenschaften ebenfalls erucasäurefreie Individuen festgestellt wurden. Tabelle 1 zeigt die Minima und Maxima für verschiedene Fettsäuren in dieser Materialgruppe.

Der unterschiedliche Erucasäuregehalt der beiden Typen von synthetischem Raps erklärt sich aus der Verwendung der erucasäurefreien Sorte 'Candle' als Rüb-
sen-Elter. Das Fettsäurespektrum der verwendeten Chinakohl-Eltern ist nicht bekannt. Das Auftreten erucasäurefreier Nachkommen könnte auf erucasäurefreie Chinakohlformen zurückgehen. Der Rüb-
sen-Elter der intraspezifischen *B.-rapa*-Hybriden war die tetraploide Sorte 'Pluto', die durch einen hohen Erucasäuregehalt gekennzeichnet ist; erucasäurefreie Nachkommen sind deshalb nicht zu erwarten.

In den Jahren 2000/2001 und 2001/2002 war ein Winter-
raps-Sortiment von ca. 270 Akzessionen unterschiedlicher Qualitäten (erucasäurereich/glucosinolatrich, erucasäure-
reich/glucosinolatarm, erucasäurefrei/glucosinolatarm) für die Erfassung der Variabilität im Gehalt wertbestimmender

Tab. 1: Spannweite des Gehalts ausgewählter Fettsäuren in *Brassica*-Hybriden unterschiedlicher Genom-Zusammensetzung

Table 1: Range of the fatty-acid contents in *Brassica* hybrids with different genomes

Kombination ¹⁾	Anzahl der Nachkommenschaften	Spannweite (%) für				
		Summe SFA ²⁾	C18:1	C18:2	C18:3	C22:1
AACC (C)	12	4,4-8,0	11,2-62,4	9,9-24,5	5,6-16,8	0-50,0
AACC (R)	4	4,9-9,9	17,7-65,3	14,3-26,6	7,1-16,1	0-33,9
AAAA	14	3,6-6,4	7,1-12,8	12,2-20,6	8,1-14,3	40,9-50,5

¹⁾ (C): A-Genom von Chinakohl (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*)

(R): A-Genom von Rüb-
sen (*Brassica rapa* ssp. *oleifera*)

²⁾ SFA: gesättigte Fettsäuren (saturated fatty acids)

Inhaltsstoffe angebaut worden. Davon wurden 40 Akzessionen auf Grund ihrer Fettsäurezusammensetzung ausgewählt und in 2002/2003 einzelpflanzenweise analysiert und reproduziert. In einigen Fällen wurde eine Fettsäurezusammensetzung ermittelt, welche diese Formen als Ausgangsmaterial für gentechnische Versuche zur weiteren Steigerung des Erucasäuregehaltes empfehlen. Dabei spielen folgende Kriterien eine Rolle:

- a) ein hoher Ölsäuregehalt als Substratbasis für die Elongationsschritte von C18:1 zu C22:1;
- b) ein geringer Eicosensäuregehalt bei hohem Erucasäuregehalt unter dem Aspekt der weitestgehenden Nutzung von Eicosensäure (C20:1) als Substrat für die Elongation zu C22:1;
- c) erucasäurereiche Linien aus spezifischen Kreuzungen zwischen DH-Linien und der erucasäurereichen Sorte 'Sollux', deren F1 einen exzeptionell hohen Erucasäuregehalt (> 35 %) hatten.

Tab. 2: Winterraps-Formen mit spezifischer Eignung als Ausgangsmaterial für gentechnische Experimente zur Steigerung des Erucasäuregehaltes (Ernte 2003)

Table 2: Winter-type oilseed rape with specific interest as recipients for the genetic engineering of erucic acid content (trial 2003)

Kriterium	Sort.-Nr.	Fettsäuregehalt		Bemerkungen
		Fettsäure	%	
a	WS 271	C18:1	64,5	DH-Linie
	WS 272	C18:1	67,7	dto.
	WS 274	C18:1	66,9	dto.
	WS 130	C18:1	65,5	
b	WS 090	C20:1	2,5	C22:1 53,2 %
	WS 085	C20:1	3,9	C22:1 52,4 %
	WS 047	C20:1	3,9	C22:1 51,5 %
c	WS 118	C22:1	53,8	DH-Linie
	WS 120	C22:1	53,0	dto.

Diese Formen werden in Transformationsversuche einbezogen, die im Rahmen des Verbundprojekts „Neuartige Öle“ mit dem Ziel der Steigerung des Erucasäuregehaltes durchgeführt werden. Bei den DH-Linien handelt es sich um Material, welches am ILK aus ölsäurereichen (Kriterium a; s. o.) bzw. erucasäurereichen Formen (Kriterium c) entwickelt wurde. Die nicht als DH-Linien gekennzeichneten Formen sind Genbankakzessionen.

Eine zentrale Aufgabe des Forschungsprojekts ist die Erfassung der Variabilität der Speicherlipidzusammensetzung in der Familie der Brassicaceae zur Identifizierung von neuartigem Keimplasma, das für die unterschiedlichen Anforderungen bei der Veränderung der Ölqualität von Winterraps eingesetzt werden kann. Hierfür werden in erster Linie sommerannuelle Brassicaceen verwendet. In 2003 wurden von 71 Linien je 20 Pflanzen nach Frühjahrsanzucht im Gewächshaus/Frühbeet ins Versuchsfeld gepflanzt. Die 17 Arten, aus denen die Nachkommenschaften stammen (Tab. 3), zeigten große Unterschiede im Habitus.



Abb. 1: Arten des Brassicaceen-Sortiments (links: *Brassica carinata*, rechts: *Malcomia chia*)

Fig. 1: Several species of the Brassicaceae collection (left: *Brassica carinata*, right: *Malcomia chia*)



Abb. 2: Arten des Brassicaceen-Sortiments (links: *Conringia orientalis*, rechts: *Eruca versicaria*)

Fig. 2: Several species of the Brassicaceae collection (left: *Conringia orientalis*, right: *Eruca versicaria*)

In den Fällen, in denen eine Reproduktion unter Isoliertüten gelang, wurde das daraus gewonnene Samenmaterial für die Analyse verwendet. Andernfalls wurde Material aus der offenen Abblüte verwendet. Die Fettsäurezusammensetzung war teilweise sehr unterschiedlich. Die Art *Conringia orientalis* zeigte im Chromatogramm zwei größere Peaks von unkalibrierten Fettsäuren mit einem Anteil von je 4-7 % des Gesamtfettsäuregehalts. Aus den zugehörigen Retentionszeiten ist zu vermuten, dass es sich dabei um Eicosadiensäure (C20:2) und Nervensäure (C24:0) handelt. Analysen zur Überprüfung des Sachverhalts sind eingeleitet. Der Palmitinsäuregehalt (C16:0) ist bei *Carrichteria annua* mit 7,0 % (max. 8,3 %) am höchsten. Im Ölsäure- (C18:1) und Linolsäuregehalt (C18:2) sind züchterisch relevante Besonderheiten nicht zu erkennen. *Malcolmia chia* erreicht bei einem mittleren C18:3-Gehalt von 20,3 % einen Maximalwert von 23,7 %. Demgegenüber

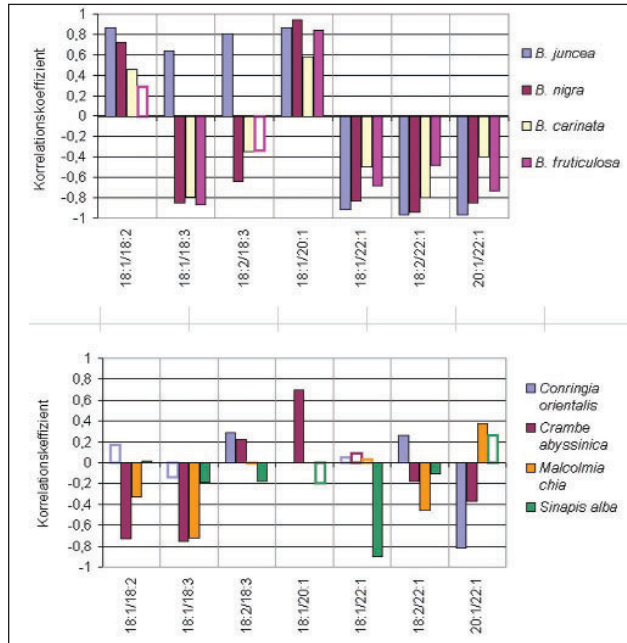


Abb. 3: Korrelation zwischen verschiedenen Fettsäuren bei Arten aus der Gattung *Brassica* (oben) und aus anderen Gattungen (unten)
(volle Balken: signifikant für $\alpha = 0,05$; leere Balken: Korrelation nicht signifikant)

Fig. 3: Correlation between the fatty acids in species of the genus *Brassica* (top), and of other genera (bottom)
(solid bars: correlation significant for $\alpha=0.05$; empty bars: correlation non significant)

fällt bei *Conringia orientalis* neben dem vermuteten Gehalt an C20:2 der mit 2,5 % sehr niedrige Gehalt an Linolensäure (C18:3) auf. Diese Fettsäure hat sowohl im Minimum (erhöhte Oxidationsstabilität) als auch im Maximum (selbsttrocknende Öle) eine Bedeutung. Bemerkenswert ist hier auch der hohe Eicosensäuregehalt (C20:1) von 22,4 %. Erucasäurefreie oder -arme Formen sind nicht zu beobachten, der niedrigste Gehalt ist 17,2 %. Erucasäurereich sind *Brassica fruticulosa* (max. 50,1 %), *Carrichtera annua* (max. 48,8 %), *Crambe abyssinica* (max. 55,9 %), die beiden *Eruca*-Arten mit maximal 48,7 bzw. 49,5 % und *Sinapidendron angustifolius* mit bis zu 56,9 %.

Auch in der Korrelation zwischen den Fettsäuren sind große Differenzen zu finden (Abb. 2). Aus Gründen der Übersichtlichkeit werden die Arten der Gattung *Brassica* (Abb. 2a) und einige Arten aus anderen Gattungen (Abb. 2b) in verschiedenen Diagrammen dargestellt. Es sind zum Teil deutliche Abweichungen von Raps (*Brassica napus*) zu erkennen. So ist die negative Korrelation zwischen C18:1 und C22:1 bei den Gattungen in Abb. 2b nur bei *Sinapis* signifikant negativ. Eine signifikante negative Korrelation gibt es auch bei *Eruca sativa* und *Hirschfeldia incana* ($r = -0,79$ bzw. $r = -0,72$).

Abstract:

To identify valuable germplasm suitable for modifying the seed-oil quality by means of introgression of desired traits into oilseed rape (*Brassica napus*), several species of Brassicaceae were screened for their seed-oil composition: 30 *Brassica* hybrids (winter type), a collection of 270 winter-type oilseed rape with different seed-oil quality, and a

Tab. 3: Fettsäurezusammensetzung des Samenöls in Sommer-Brassicaceen (Versuchsjahr 2003)
Table 3: Seed-oil composition in the collection of spring-type Brassicaceae (trial 2003)

Art	n ¹⁾	Fettsäuregehalt (%)									
		C16:0	C18:0	C18:1	C18:2	C18:3	C20:0	C20:1	C22:0	C22:1	C24:0
<i>Brassica carinata</i>	92	3,0	0,8	7,9	19,5	12,6	0,6	5,6	0,3	40,3	2,3
<i>Brassica fruticulosa</i>	26	3,0	1,6	10,8	15,6	12,1	1,3	6,3	0,2	44,6	0,6
<i>Brassica juncea</i>	147	2,4	1,0	13,4	19,7	15,1	0,7	8,0	0,4	31,0	2,0
<i>Brassica nigra</i>	86	3,2	1,0	9,5	16,7	17,9	1,0	6,5	0,7	34,1	2,5
<i>Brassica tournefortii</i>	4	2,8	1,5	10,2	17,0	11,1	1,5	6,6	1,3	43,0	2,0
<i>Carrichtera annua</i>	23	7,0	0,0	6,9	17,5	16,5	0,0	3,7	0,3	46,3	0,8
<i>Conringia orientalis</i>	131	2,1	0,0	5,5	27,3	2,5	0,1	22,4	0,0	26,4	4,6
<i>Crambe abyssinica</i>	12	1,5	0,6	14,8	8,1	7,3	0,7	2,3	0,2	55,0	1,4
<i>Eruca sativa</i>	12	4,2	0,5	13,6	10,1	14,7	0,0	6,4	0,6	45,9	2,4
<i>Eruca vesicaria</i>	4	4,6	0,2	12,4	9,5	14,8	0,0	5,9	0,5	47,2	2,7
<i>Hirschfeldia incana</i>	45	4,2	0,7	12,8	21,3	16,1	0,2	6,8	0,5	33,7	2,4
<i>Malcolmia chia</i>	59	5,0	0,0	8,0	19,8	20,3	1,3	18,6	0,1	21,8	0,0
<i>Rapistrum rugosum</i>	2	5,5	0,7	12,6	15,2	14,0	0,0	5,4	0,0	40,7	2,5
<i>Rhynchosinapis cheiranthoides</i>	10	3,4	2,6	21,4	18,7	16,5	1,3	9,4	0,0	23,1	1,8
<i>Sinapidendron angustifolius</i>	3	0,0	0,0	13,4	21,7	6,9	0,0	3,1	1,4	53,5	0,0
<i>Sinapis alba</i>	62	2,7	1,1	25,7	12,6	10,8	0,6	8,6	0,2	31,1	2,4

¹⁾ Anzahl der analysierten Einzelpflanzen

collection of 71 *Brassica* species from different genera. Zero-erucic individuals and lines have been selected in the offspring of synthetic *B. napus* containing the A-genome from *B. rapa* ssp. *pekinensis* and the B-genome from different *B. oleracea* vegetables. It is assumed that the hybrid genome differs from that of common oilseed rape. In the genebank collection of winter-type oilseed rape some rapeseed types have been identified displaying a particular seed-oil composition. That makes them interesting in respect to transformation with genes governing the biosynthesis of fatty acids and the formation of storage lipids, respectively. They are characterised either by high contents of oleic acid (67.7 %) or erucic acid (53.8 %), partly combined with a very low content of eicosenic acid (2.2 %). Some of them are already used in transgenic experiments. The collection of spring-type Brassicaceae displayed a high variability in respect to seed-oil composition, too. Of special interest are the species *Conringia orientalis* with a low content of linolenic acid (2.5 %) and high amounts of eicosenic acid (22.4 %), and *Malcolmia chia* with a very high content of linolenic acid (20.3 %). There were no zero-erucic or low-erucic types. The highest erucic-acid contents were observed in *Sinapidendron angustifolius* (56.9 %), *Crambe abyssinica* (55.9 %), and *Brassica fruticulosa* (50.1 %). Some of the species displayed correlations between specific fatty acids which differed from those observed in *B. napus*.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Sonntag, K.; Inst. f. Stressphysiologie und Rohstoffqualität, Groß Lüsewitz, Jürgens, H. U.; Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen, Frentzen, M.

(BAZ-3109)

g) Kartoffel/Potato

1.13 Entwicklung von züchterisch adaptiertem Keim- plasma der Kartoffel mit relativer *Phytophthora*- Resistenz (Kraut- und Braunfäule) auf breiter genetischer Basis (*Solanum*-Arten)

**Breeding of germplasm with relative resistance to
Phytophthora infestans (foliage and tubers),
adapted to long day conditions, using a wide
range of *Solanum* species**

Darsow, U.

Zielsetzung/Aim:

Das langfristige Programm beinhaltet das Auffinden neuer Resistenzquellen sowie die Einführung der Gene für relative Resistenz aus Wildarten in das Genom von *S. tuberosum* (= tbr) über einen langen Weg der Stammbaumzüchtung bis zur BC4. Dabei sollen die Resistenzgene erhalten bleiben, aber unerwünschte Wildallele für fast alle anderen Merkmale ersetzt werden. Die Kombinationszüchtung erfordert breite genetische Basis. Mehrjährige Resistenzprüfungen am Kraut und an den Knollen erfolgen nach angepassten Prüfungsmethoden.

The aims of a long-term programme are: discovery of new resources for relative late-blight resistance, introgression of resistance genes from wild potatoes into the *S. tuberosum* genome by clonal breeding up to BC4. Potato breeding for combining different traits requires a wide range of genetic resources. Several years of resistance tests on foliage and tubers are carried out by use of adapted methods.

Ergebnisse:

Was sich auf dem Zuchtweg von der Wildart zu abgabewürdigen BAZ-Klonen verändert, wird in Abb.1 beispielhaft für die Stolonenlänge, Knollenbildung, Knollenform und Augentiefe anschaulich.

Dabei wird eine schrittweise Änderung in Reife und Speiseeignung in dem Maße möglich, wie in der Tabelle 1 verzeichnet. Ein gleichzeitiger Abfall in der Resistenz ist nicht zu verhindern. Bei reiner Rückkreuzungsfolge, also schneller Merkmalsverbesserung, stellen sich die niedrigsten Resistenzwerte ein. Eine Kreuzungsfolge, die den Zeilen der Tabelle folgt, verbindet weitgehende Erhaltung hohen Resistenzniveaus mit langsamer Verbesserung in anderen Merkmalen.

Materialabgabe:

Im Jahre 2003 wurden der Sortenzüchtung über die GFP ein früher (BAZ-GL-97.7625.02), zwei mittelfrühe (BAZ-GL-96.7395.03, BAZ-GL-96.264.17) und zwei mittelspäte Vererber (BAZ-GL-96.7421.17, BAZ-GL-96.7426.01) mit Krautfäuleresistenz 7-8 und Braunfäuleresistenz 6-8 abgegeben. Zwei dieser Klone hatten Veredlungseignung nach Lagerung bei 4 °C, drei Speiseeignung, vier gute Ertragsleistung und hohe Resistenz gegen *Erwinia*-Naßfäule. Drei waren resistent gegen Krebs Pathotyp 1, zwei gegen *Globodera rostochiensis* Ro1 und zwei gegen *Fusarium*-Trockenfäule (Note 7). Die Klone BAZ-GL-88.6408.10



Abb. 1: *S. demissum*, Gewächshaus; Wildart x Sorte, Feld; 2. Rückkreuzung; 3. Rückkreuzung; 4. Rückkreuzung (von links nach rechts)

Fig. 1: *S. demissum*, greenhouse; Wild species x variety; Backcross 2; Backcross 3; Backcross 4 (from the left to right)

Tab. 1: Zuchtweg und Merkmalsbewertung in der *Phytophthora*-Resistenzzüchtung (Note 1: sehr spät, sehr gering; Note 9: sehr früh, sehr gut)

Table 1: Breeding steps and level of traits in breeding for blight resistance (score 1: very late, very poor; score 9: very early, highly resistant)

Kreuzung	Reifezeit	Krautfäule-resistenz	Braunfäule-resistenz	Speiseeignung
Wildart	1	9	9	1
Sorte	2,7-8	1-5,5	2-6	3,5-8
Artkreuzung	1-2	8-9	8-9	1-2
1. Rückkreuzung	1,5-2,5	7-8	7-8	1,5-2,5
2. Rückkreuzung	1,8-3	6-7,5	6-7,5	1,8-3,5
2. x 4. Rückkreuzung	2,3-4	5-8	5-8	1,8-3,5
3. Rückkreuzung	2,5-4,5	4,5-7	4-6,5	2,5-4
3. x 4. Rückkreuzung	2,5-4,8	4,5-8	4,3-8	2-4
4. Rückkreuzung	2,7-6	3,5-6	3-5,5	3,5-5
4. x 4. Rückkreuzung	2,8-6	4-7,7	4-7,7	2,8-5

und BAZ-GL-91.6753.03 wurden Dr. Polgar, University Vespem, Georgikon Faculty of Agriculture, Department of Potato Research in Keszthely überlassen.

Abstract:

The breeding system used in improving quantitative blight resistance of potato is illustrated by figures and results in the table. Five tetraploid prebreeding clones were handed over to variety breeders, which are characterised by scores of foliage-blight resistance of 7-8 and tuber resistance 6-8, maturity early up to middle late partly resistant to wart and nematodes.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Genbank Außenstelle Nord Groß Lüsewitz, Schüler, K.; BBA Braunschweig, Niepold, F.; Stachewicz, H.; BAZ Aschersleben, Kleemann, M.; dt. Zuchtfirmen, LPSA Rostock, Kruse, H.

(BAZ-3114)

**1.14 Kombination von Resistenz gegen *Globodera pallida* bzw. *Phytophthora infestans* mit spezifischen Qualitätsmerkmalen bei dihaploiden Kartoffeln
Combination of resistance to *Globodera pallida* and *Phytophthora infestans*, respectively, with quality traits in potato breeding on the diploid level**

Darsow, U.; Sonntag, K.

Zielsetzung/Aim:

Zuchtmethodische Vorteile der Dihaploidenzüchtung sollen zum Erreichen besonders schwieriger Merkmalskombinationen genutzt werden. Der Schwerpunkt der Bearbeitung liegt auf der Kombination von Qualitätsmerkmalen mit polygener Resistenz. Wo fehlende Fertilität die Züchtung begrenzt, wird somatische Fusion angewendet.

Breeding at the diploid level will be focused on troublesome combinations of traits. The aim of this project is to combine quality traits with polygenically determined resistance. Where lack of fertility hampers crossing somatic fusion will be used.

Ergebnisse:

Züchtung auf dihaploider Stufe scheint wegen hoher Arbeitsintensität international rückläufig. Das eigene Material zeichnet sich durch Speisequalität und z. T. Veredlungseignung aus. An der Kombination von Kaltlagereignung und langer Knollenform für die Pommes-frites-Herstellung wird gearbeitet. Gleichfalls erfahren Glattschaligkeit und Keimruhe stärkere Beachtung als bisher.

Gegen *Globodera pallida* erwiesen sich 9 dihaploide Klone und 28 tetraploide mehrjährig resistent, z. T. in Kombination mit Veredlungseignung, einzelne sogar mit *Phytophthora*-Resistenz. *G.-pallida*-resistente Sorten und neue Wildquellen sollen im Züchtungssystem zusammengeführt werden und sich ergänzen. In Richtung *Phytophthora*-Resistenz gelang bisher keine ausreichende Verbreiterung der genetischen Basis vor allem wegen Fehlens resistenter Bestäuber. In 2003 wurden 51 dihaploide Kreuzungskombinationen neu ausgesät und die Dihaploidenerzeugung aus tetraploiden Resistenzträgern (3114) durch Bestäubung mit *S. phureja* fortgesetzt.

Hybridisierungsexperimente mit halbwilden, dihaploiden Kartoffelklonen in vitro führten bei 70 bearbeiteten Fusionskombinationen zu 26 Kombinationen mit Pflanzenregeneration (= 37 %, Abb. 1). Nach SSR-Markeranalyse wurden 24% der regenerierten Pflanzen als Hybriden identifiziert. Von 17 verschiedenen Kombinationen wurden 125 Pflanzen ins Gewächshaus überführt, Resistenz- und Qualitätsprüfungen erfolgen später vom Freilandanbau.

Materialabgabe:

Über die GFP wurden aus der Vorlaufzüchtung dieses Projekts drei dihaploide, mittelfrühe, an Kraut (alle Note 8) und Knollen (zwei Note >8) hoch *Phytophthora*-resistente



Abb. 1: Sprossregeneration nach Fusion von *S. tuberosum* mit dihaploidem Rückkreuzungsbastard aus *S. demissum*

Fig. 1: Shoot regeneration after fusion of *S. tuberosum* with a dihaploid backcross hybrid from *S. demissum*

Klone an die Sortenzüchtung abgegeben: BAZ-GL-89.023.66, BAZ-GL-96.6991.09, BAZ-GL-93.6997.07. Zwei dieser Klone waren für die Pommes-frites-Herstellung nach Kaltlagerung (4 °C) geeignet, jedoch nur mit ovaler Knollenform ausgestattet. Weitere zwei dihaploide Klone mit ausgesprochener Pommes-frites-Eignung nach Kaltlagerung und guter Speiseeignung, hoher Virusresistenz und besonders geringer Neigung zu Schwarzfleckigkeit wurden über die GFP abgegeben: BAZ-GL-96.013.06, BAZ-GL-97.169.01. Die Klone BAZ-GL-96.7420.20 und BAZ-GL-96.7508.1 entsprachen dem Interesse an hoch virusresistenten mittelfrühen Speisekartoffeln. Dem Plant Breeding and Acclimatization Institute (IHAR), Mlochow Research Center, Platanowa St. 19, 05-831 Mlochow, Polen wurden 2003 zwei mittelspäte *Phytophthora*-resistente dihaploide Klone abgegeben: BAZ-GL-94.7171.62, BAZ-GL-96.7179.11.

Abstract:

In the breeding of diploid germplasm focal traits are table-potato quality and processing quality combined with suitable tuber form and size, smooth skin and deeper dormancy. Production of primary dihaploids from tetraploid late-blight resistant clones was continued. A fusion programme was continued to aid the crossing programme. A number of clones were handed over to German variety breeders in 2002: three second early dihaploids with late-blight resistance and partly suitability for processing after storage at 4 °C; two dihaploids suitable as table potato and for French fries after storage at 4 °C, low black spot and high resistance to viruses; two highly virus-resistant table potato clones. Two late-blight resistant dihaploids were delivered to IHAR Mlochow, Poland.

In Zusammenarbeit mit: BAZ Aschersleben, Kleemann, M.; BBA Braunschweig/Kleinmachnow, Niepold, F., Stachewicz, H.; IPK Gatersleben, Genbank Groß Lüsewitz, Schüler, K.; LPSA Rostock, Kruse, H.

(BAZ-3130)

1.15 Genetische Optimierung der Kartoffel als dominierender Stärkelieferant der Bundesrepublik Deutschland durch Züchtung, Zell- und Molekularbiologie. Teilprojekt Groß Lüsewitz: Kombination von relativer Kraut- und Braunfäulerresistenz mit verbessertem Kartoffelstärkegehalt

Genetic optimization of the potato by breeding, cell and molecular biology as main donor of starch in the Federal Republic of Germany. Sub-project: Combination of relative late-blight resistance (*Phytophthora infestans*) on foliage and tubers with higher level of starch content

Darsow, U.

Zielsetzung/Aim:

Vorhanden sind späte Stärkekartoffelsorten mit guter Krautfäulerresistenz. Das Ziel der Vorlaufzüchtung in der BAZ in diesem Projekt besteht in der Verbindung von relativer Kraut- und Braunfäulerresistenz mit mittelfrüher Reifezeit und hohem Stärkegehalt. Im Jahr 2003 sind von der BAZ zwei mittelfrühe Klone mit $\geq 17\%$ Stärke und Kraut- und Braunfäulerresistenz mit Note $\geq 6,5$ sowie zwei mittelfrühe bis mittelspäte Klone mit $\geq 19\%$ Stärke und *Phytophthora*-Resistenz ≥ 7 als Vererber für die Sortenzüchtung abzugeben. Im Jahr 2006 folgt eine weitere Materialabgabe aus diesem Projekt.

Late starch-potato varieties with good foliage-blight resistance exist in the German potato variety list. The aim of the starch-potato prebreeding consists in the combination of earliness, foliage and tuber-blight resistance with a high starch content. This project has to provide to variety breeders two potential crossing parents in 2003, which are second early, have a starch content of $\geq 17\%$ and blight resistance of foliage and tubers of ≥ 6.5 . Two additional ones have to be second early to middle late with $\geq 19\%$ starch and blight resistance ≥ 7 . Additional clones are planned to be handed over to variety breeding in 2006.

Ergebnisse:

Die *Phytophthora*-Resistenz des Materials der BAZ geht auf Herkünfte aus *S. demissum*, *S. stoloniferum* und andere Arten zurück. Dabei handelt es sich um hohe pathotypenunabhängige, quantitative, polygen bedingte *Phytophthora*-Resistenz, die als besonders dauerhaft gilt. Ausgangspunkt für dieses Teilprojekt waren Fortschritte an der BAZ bei Merkmalskombinationen der Kartoffel, die unter Sortenzüchtern für nicht realisierbar gehalten wurden, wie z. B. die Verbindung von mittelfrüher Reifezeit und hoher relativer (polygen bedingter) *Phytophthora*-Resistenz. Gezielte Kreuzungen und Aussaat sowie Beginn der Selektion waren ein Teilkomplex der Bearbeitung, während in einem anderen Teil aus vorhandenem Zuchtaufbau der Aussaatjahre 1996-1999 im Rahmen des Projekts die Merkmalsbewertung zur Auslese abzugebender Kreuzungspartner erfolgte. Im ersten Teil wurden 56 tetraploide Kreuzungskombinationen mit je 120-900 Samen erzeugt und ausgesät. Die Auswahl der Kreuzungspartner bevorzugte

Klone, die möglichst die Kombination von *Phytophthora*-Resistenz und Stärkegehalt aufweisen. Die Klone der BAZ zeichneten sich durch vorwiegend hohe Kraut- und Braunfäuleresistenz, nahezu mittelfrühe Reife sowie erhöhten Stärkegehalt aus. Die Selektion reduzierte den Bestand schon im Sämlingsjahr stark. Ausreichende Krautfäuleresistenz lag je nach Kombination bei 15-67 % der Nachkommen vor. Durch die Selektion auf Form, Augentiefe, Stolonenbildung und Knollengröße erfolgte eine weitere Reduktion um etwa 40 %. Braunfäuleresistenz war bei mehr als 60% nicht ausreichend ausgeprägt. Der erwartete Fortschritt in der beabsichtigten Merkmalskombination wird erst in den folgenden Jahren erkennbar.

Tab. 1: Aussaaten aus Kreuzungen zur Kombination von *Phytophthora*-Resistenz an Kraut und Knollen mit mittelfrüher Reife und hohem Stärkegehalt
Table 1: Sowing of cross combinations with high blight resistance, second earliness and high starch content

Jahr	2001	2002
Kombinationen insgesamt	30	26
davon Kreuzungen Sorte x Sorte	4	5
davon Kreuzungen Basismaterial x Basismaterial	5	4
davon Kreuzungen Sorte x Basismaterial	21	17
Samenzahl	18000	16800
Einzelstauden	608	392
A-Klone	92	-

Zur Auslese neuer Kreuzungseltern aus Material der Aussaaten 1996-1999 dienten Klone in der Leistungsprüfung, die aus Stärkekreuzungen hervorgingen. Bereits im vorjährigen Bericht wurden die vier Zuchtstämme charakterisiert, die eingangs verzeichnete Abgabekriterien erfüllten und als Forschungstransfer in die Praxis der Sortenzüchtung vorfristig zur Geltung kamen.

Abstract:

The project was finished successfully. Four late-blight resistant clones were handed over to variety breeders according to the tasks mentioned above. These prebreeding clones have a starch content and yield similar to cv. 'Producent', but are partly second early and highly resistant to soft rot, better in foliage-blight resistance as well as of much higher tuber-blight resistance. One part of the project was focussed on 56 cross combinations, sown in 2001 and 2002 to select inheritors until 2006 for the combination of tuber and foliage-blight resistance with good starch content and second early maturity.

In Zusammenarbeit mit: BBA Braunschweig/Kleinmachnow, Niepold, F.; Stachewicz, H.; GFP; IPK Gatersleben, Genbank Groß Lüsewitz, Schüler, K.; LPSA Rostock, Kruse, H.

(BAZ-3143), gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

2. Molekulare Züchtungsmethoden Molecular Breeding Methods

2.1 Molekulare Charakterisierung des gametophytischen 2-Faktor-Inkompatibilitätssystems beim Roggen

Molecular characterization of the gametophytic self-incompatibility system in rye

Hackauf, B.; Wehling, P.

Zielstellung/Aim:

Durch Erkenntnis- und Ergebnistransfer soll, unter Nutzung der genomischen Ressourcen bei Reis, Gerste und Weizen, die bestehende Lücke zwischen der grundlagenorientierten, internationalen Genomforschung und ihrer Anwendung für die klassische Pflanzenzüchtung am Beispiel der Selbstinkompatibilitätsgene des Roggens überbrückt werden.

The project aims at bridging the gap between basic genome research and plant breeding by transferring the genomic resources which are available for rice, barley, and wheat to fine-map the genomic regions bearing the SI genes in rye.

Ergebnisse:

In einer vergleichenden Genomanalyse gelang es, die Regionen des Roggengenoms um die beiden SI-Loci *S* und *Z* detaillierter als bisher mit exprimierten Triticeen-Markern zu charakterisieren. Hierbei erwiesen sich die deletionskartierten ESTs von Weizen und das sequenzierte Reisgenom als wertvolle Ressourcen für eine gezielte Markeranreicherung. Allerdings ergab die Betrachtung der *S*-Region auf Chromosom 1RS bzw. der *Z*-Region auf Chromosom 2RL Hinweise auf eine Unterbrechung der Kolinearität mit dem entsprechenden Reischromosom. Die Ergebnisse bieten nun die Grundlage für eine gezielte Feinkartierung der *S*- und *Z*-Region unter Berücksichtigung der physischen Kartierungsdaten aus Reis, Weizen und Gerste.

Desweiteren konnten spezielle Pflanzenmaterialien aus aufspaltenden Familien aufgebaut werden, so dass die Grundlagen für eine Feinkartierung der betreffenden Regionen nun gegeben sind. Darüber hinaus wurden *S*- und *Z*-Gene gefunden, die es aufgrund unterschiedlicher Temperatursensitivität ermöglichen, für züchtungsmethodische Zwecke die SI zeitweise in ihrer Wirksamkeit zu modulieren.

By use of known homoeology relationships between genomic regions among the grasses a number of closely linked markers for *S* and *Z* could be developed. However, for both genomic regions on chromosome 1RS and 2RL, respectively, chromosomal rearrangements between rye and rice could be observed that will complicate the use of rice as a model for cross-species transfer of information in non-conserved regions. Nevertheless, the obtained results, together specific plant materials consisting of segregating families with various functional, dysfunctional and temperature-sensitive SI alleles, respectively, provide a basis for the fine mapping of *S* and *Z* regions in rye.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hannover, Institut für Zierpflanzenbau, Baumschule und Pflanzenzüchtung, Wricke, G.

(BAZ-3111)

2.2 Entwicklung molekularer Marker für die Roggenzüchtung

Development of molecular markers for rye breeding

Hackauf, B.; Wehling, P.

Zielstellung/Aim:

Für den Einsatz in der angewandten Züchtungsforschung und Pflanzenzüchtung sollen DNA-Marker entwickelt werden, die bei hohem Informationsgehalt arbeits- und kosteneffizient darstellbar sind. Für diesen Zweck sollen PCR-gestützte, nicht-radioaktive Markertechniken angewandt werden. Im Rahmen der vergleichenden Genomanalyse wird geprüft, in welchem Umfang sich die Daten aus der Genomanalyse von Modellgenomen wie Reis und Gerste auf andere Kulturpflanzen aus der Familie der Poaceae, z. B. den Roggen, übertragen lassen, um für ökologisch wertvolle, züchterisch weniger intensiv bearbeitete Kulturarten die Lücke zwischen der schnell fortschreitenden, grundlagenorientierten Genomanalyse einerseits und der merkmalsorientierten, angewandten Züchtungsforschung andererseits zu schließen.

DNA-marker techniques shall be developed and adapted for their use in applied breeding research and plant breeding which are both informative and cost-efficient. To this end, PCR methods with a high sample throughput are needed. Gene tagging in rye as in other Triticeae crops is hampered by its large genome size and high amount of repetitive DNA. Comparative genome analysis is pursued to assess the potential of rice genomic data for targeted marker development in selected genomic regions of other members of the Poaceae, e. g., rye. The project shall bridge the present gap between basic genomic research on grasses and applied breeding research on rye.

Ergebnisse:

Die Analyse des Roggengenoms im Hinblick auf agrono-

misch relevante Merkmale wird, ebenso wie bei anderen kleinkörnigen Getreidearten, durch seine Komplexität sowie den hohen Anteil an repetitiver DNA erschwert. Genomanalytische Werkzeuge stehen speziell für Roggen nur in begrenztem Umfang zur Verfügung. Für die Identifizierung und Charakterisierung von wichtigen Merkmalsgenen im Roggengenom wird eine Strategie verfolgt, welche sich auf die Syntänie-Beziehungen innerhalb der Familie der Poaceae und die verfügbare Sequenzinformation aus Gersten- und Weizen-ESTs sowie auf die Reisgenomdaten stützt. Die Identifizierung konservierter Sequenzabschnitte in exprimierten Genen erlaubt das Design von PCR-Primern, welche die Amplifikation der orthologen Gensequenzen aus dem Roggengenom ermöglichen. Die auf diese Weise entwickelten Marker sind ein effizientes Werkzeug zur Genotypisierung großer Pflanzenpopulationen. Darüber hinaus ermöglichen sie es, ausgewählte Bereiche des Roggengenoms auf Sequenzebene zu charakterisieren. Der skizzierte Ansatz konnte bislang erfolgreich für die Entwicklung von STS-Markern auf den Chromosomen 1RS, 2RL, 4RL, 6RL und 7RL angewandt werden. Die etablierten Marker erlaubten die chromosomale Lokalisation einer Reihe von Merkmalsgenen im Roggen und repräsentieren wichtige Referenzpunkte im Roggen für die vergleichende Genomanalyse. Eine detaillierte Betrachtung von Bereichen auf den Chromosomen 1RS und 2RL zeigt allerdings, dass bisher nicht beschriebene, chromosomale Rearrangements zwischen dem Reis- und dem Roggengenom bei der Nutzung der Reisgenomdaten für die Übertragung von Informationen aus bestimmten Bereichen berücksichtigt werden müssen.

Abstract:

Gene tagging in rye as in other Triticeae crops is hampered by its large genome size and high amount of repetitive DNA. For grass species like rye where resources of genomic tools are limited, the wealth of resources and genomic information that is presently being developed for rice has opened new perspectives for genome research. A method based on DNA-sequence information, conserved genetics across the grasses, and the PCR, is applied, which facilitates gene tagging in rye. Selected primers within conserved sequence segments allow to directly amplify the corresponding gene sequences from genomic rye DNA. Amplification from genomic DNA facilitates cloning the target gene in the species of interest, characterization of sequence variation, and the screening of hundreds of genotypes efficiently. By use of known homoeology relationships between genomic regions among the grasses, STS markers could be developed for selected genomic regions on chromosomes 1RS, 2RL, 4RL, 6RL and 7RL. These markers allow to localize agronomical traits within the rye genome and serve valuable reference points for comparative genome analysis. A more detailed analysis of a region on rye chromosomes 1RS and 2RL provided evidence, though, that chromosomal rearrangements will complicate the use of rice as a model for cross-species transfer of information in nonconserved regions.

In Zusammenarbeit mit: Boreal Plant Breeding, Jokioinen, Nissilä, A. J.

(BAZ-3136)

2.3 Kartierung von Genen für Braunrostresistenz bei Roggen

Mapping of genes for leaf-rust resistance in rye

Wehling, P.; Hackauf, B.

Zielstellung/Aim:

Roggenbraunrost (*Puccinia recondita* Rob. ex Desm. f. sp. *secalis*) ist die bedeutendste Blattkrankheit im Roggen, welche im kontinentalen Klima Mitteleuropas Ertragsverluste bis zu 40 % verursachen kann. Im Vergleich zu Gerste und Weizen sind Braunrostresistenzgene im Roggen bislang kaum hinsichtlich ihrer Anzahl, Vererbung, Effektivität oder chromosomalen Lokalisation beschrieben. Ziel des Projekts ist die Identifizierung neuer Resistenzgene gegenüber Roggenbraunrost und ihre Kartierung im Roggengenom mit Hilfe molekularer Marker, um Möglichkeiten der markergestützten Selektion und Kombination von Resistenzgenen für die Pflanzenzüchtung zu eröffnen.

Leaf rust caused by *Puccinia recondita* Rob. ex Desm. f. sp. *secalis* is the most important windspread pathogen in rye and is endemic in all rye growing regions. Epidemic incidence of leaf rust has potential to result in distinct yield reduction. Under natural infection, yield losses were reported to mount up to 40 % under continental climate conditions. Compared to major cereals like wheat and barley, there is little information available on the inheritance of leaf-rust resistance in rye, the number of resistance genes, their genomic location and effectiveness. The project aims at the identification of novel resistance genes toward rye leaf-rust disease and their mapping by use of molecular markers. This shall result in versatile tools for marker-assisted selection and combination of disease-resistance genes in plant breeding.

Ergebnisse:

Braunrostresistenzgene (*Pr*-Gene) unterschiedlicher Herkunft wurden genetisch analysiert und auf 11 definierten Genomabschnitten des Roggens lokalisiert. Die Lokalisation dieser Gene auf bislang fünf der insgesamt sieben Chromosomen zeigt, dass im Roggengenom unterschiedliche *Pr*-Gene etabliert sind. Im Berichtszeitraum wurden die mit *Pr4* bzw. *Pr5* bezeichneten Braunrostresistenzgene auf Chromosom 1R näher charakterisiert. Mit Hilfe von Ankermarkern wurde ein Genombereich auf Chromosom 1R definiert, welcher in den für *Pr4* bzw. *Pr5* spaltenden Kartierungspopulationen 79,8 cM bzw. 92,6 cM genetische Distanz beschreibt. Beide *Pr*-Gene sind distal vom Mikrosatelliten-Marker *Xscm107* auf dem langen Arm des Chromosoms 1R lokalisiert. Ihre differenzierte Reaktion gegen unterschiedlich virulente Einsporisolate (s. Bericht BAZ-3122) legt den Schluss nahe, dass es sich bei *Pr4* und

Pr5 um unterschiedliche Gene mit Wirksamkeit gegen den Erreger des Roggenbraunrostes handelt. Die relative Position der beiden *Pr*-Gene zu den Markern *Xiag95* und *Xsec1* zeigt, dass *Pr4* und *Pr5* nicht identisch mit dem auf 1RS lokalisierten Gen *Lr26* sind, welches in T1BL.1RS-Translokationsweizenlinien Resistenz gegen den Weizenbraunrost bedingt. Die vorliegenden Kartierungsdaten der beiden *Pr*-Gene eröffnen nun die Möglichkeit einer detaillierten Charakterisierung dieses Genombereiches auf 1RL über die vergleichende Genomanalyse.

Abstract:

Linkage for seven out of the eleven mapped resistance genes effective towards *Puccinia recondita* (*Pr* genes) to sequence-tagged microsatellite markers is sufficiently close to allow for marker-assisted selection and combination. The mapping on 5 of the 7 chromosomes reveals that different *Pr*-gene loci are distributed over the rye genome. The genes designated as *Pr4* and *Pr5*, respectively, were located on chromosome 1R and studied in more detail. Both *Pr* genes are distally located from *Xscm107* on the long arm of rye chromosome 1R. Different race-specific reactions of both genes give evidence that *Pr4* and *Pr5* represent distinct leaf-rust resistance genes. The positions of *Pr4* and *Pr5* relative to *Xiag95* and *Xsec1* indicate that these *Pr* genes are not identical with *Lr26*, the latter of which is located on chromosome 1RS and confers resistance to wheat-leaf rust in T1BL.1RS translocation wheat lines. The mapping data obtained so far opens new perspectives for a more detailed characterization of this genomic region on 1RL by comparative mapping.

In Zusammenarbeit mit: VIR (St. Petersburg), Solodukhina O.V.; Universität St. Petersburg, Voylovkov A.V.; Universität Halle, Klocke B.; BAZ, Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Roux, S.R. (BAZ-3122)

(BAZ-3140)

2.4 Entwicklung und Kartierung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen

Development and mapping of microsatellite markers in rye

Wehling, P.; Hackauf, B.

Zielstellung/Aim:

Für die effektive markergestützte Selektion bei Roggen soll die bislang unzureichende Zahl verfügbarer Mikrosatellitenmarker wesentlich erhöht werden. Hierzu werden neuere Strategien der Mikrosatelliten-Entwicklung angewandt.

To support marker-assisted selection in rye the number of microsatellite markers available for the rye genome has to be considerably increased. Novel strategies shall be applied to this end.

Ergebnisse:

Nach bioinformatischer Prozessierung von ca. 8000 Roggen-ESTs aus unterschiedlichem Gewebe konnten perfekte, imperfekte, zusammengesetzte oder unterbrochene di-, tri-, tetra- und pentanukleotide SSRs in ca. 1300 ESTs identifiziert werden. Im Rahmen des Projekts wurden für 290 dieser ESTs PCR-Primer abgeleitet, von denen 180 erfolgreich zur Darstellung subgenomischer Fragmente genutzt werden konnten. Zusammen mit 157 zuvor aus diesem Datensatz von der Arbeitsgruppe etablierten *Secale cereale*-Mikrosatelliten (SCM) können somit mehr als 300 exprimierte Gene im Roggen PCR-gestützt angesprochen werden. Zusammen mit einigen genomischen SSR als Ankermarker wurden die SCM zur Etablierung einer Genkarte des Roggens genutzt, welche ausschließlich auf PCR-Marker gestützt ist. Diese so genannte „Genkarte der zweiten Generation“ hat eine Gesamtlänge von 790,2 cM und beschreibt die chromosomale Lokalisation von 281 SSR bzw. AFLP-Markern. Mehr als die Hälfte der Marker (51,2 %) stellen SSR dar. Die Mikrosatelliten zeigen sich relativ gleichmäßig über das gesamte Roggen-genom verteilt. Durch Einbeziehung einer zweiten Kartierungspopulation konnten mehr als 200 SSR kartiert werden. Erstmals können somit alle sieben Roggenchromosomen mit SSR angesprochen werden. Zusammengefasst erwiesen sich die Roggen-ESTs als wertvolle Ressource für die Entwicklung von SSR-Markern im Roggen. Neben der praktischen Anwendung der SCM zur Markierung von Merkmalsgenen eröffnet die konservierte Natur der zugrunde liegenden Sequenzinformation neue Perspektiven für die vergleichende Genomanalyse bei Roggen. Die entwickelten SCM-Marker können für nichtkommerzielle, wissenschaftliche Zwecke über die SCM-Datenbank auf der BAZ-Homepage abgerufen werden.

Abstract:

More than 8000 rye ESTs were processed using a state-of-the-art EST clustering pipeline with novel algorithms for the characterization of microsatellite-like features. Approximately 1300 ESTs bearing microsatellites with perfect, imperfect, compound or interrupted di-, tri-, tetra- or pentanucleotide repeats were identified as a potential resource for the development of SSR markers in rye. PCR primers have been derived for 290 of these ESTs and 180 primers yielded in scorable PCR assays. Together with the 157 *Secale cereale* microsatellites (SCM) already established from rye ESTs from our group, more than 300 expressed genes of the rye genome can be addressed via PCR. Using genomic SSR-anchor markers, the SCM were used to establish a second-generation linkage map of rye, which is solely based on PCR markers. The map covers 790.2 cM and describes the chromosomal position of 281 SSR as well as AFLP markers. The 144 mapped SSRs (51.2 %) appear to be quite evenly distributed across the entire rye genome with its seven chromosomes. Using a second population, mapping of more than 200 SSR in rye was achieved. Taken together, rye-EST sequences have proven to provide a valuable data mine for SSR-marker

development. Compared to microsatellites from genomic DNA, EST-derived SSR markers are advantageous in that they (i) represent expressed genes and, thus, are more likely associated with genomic regions of agronomic importance and (ii) provide a valuable tool for comparative mapping due to the conserved nature between evolutionary related species.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hohenheim, Geiger, H. H.; Landessaatzuchtanstalt Hohenheim, Miedaner T.; Munich Information Center for Protein Sequences (MIPS), Rudd, S.; Lochow-Petkus GmbH, Wilde, P.; Hybro GmbH, Wortmann, H.

(BAZ-3142)

3. Nichtkonventionelle Gentransfer-Verfahren/ Nonconventional Gene-Transfer Approaches

a) Kartoffel/Potato

3.1 Erzeugung und Selektion von Kartoffelgenotypen mit kombinierter Virus- und *Phytophthora*-Resistenz unter Einsatz biotechnologischer Verfahren Production and selection of potato genotypes with combined resistances to virus and *Phytophthora* by use of biotechnological methods

Thieme, R.

Zielstellung/Aim:

Das Ziel besteht in der Suche und Erschließung neuer Resistenzquellen für Virus-, Blattlaus-, Kraut- und Braunfäule-resistenz aus Kartoffelwildarten und Übertragung dieser Resistenzmerkmale in die Kulturkartoffel mit Hilfe biotechnologischer und konventioneller Methoden.

Zur Überwindung interspezifischer Barrieren zwischen Wildkartoffelarten und der Kulturkartoffel wird die Elektrofusion von Einzelzellen angewendet, um somatische Hybriden zu erzeugen. Zur Verbesserung der agronomischen Merkmale werden Rückkreuzungen vorgenommen und Untersuchungen zu Pathogenresistenzen des Materials durchgeführt.

The goal of this project is to use new sources of resistance to virus, aphids and late blight from wild potato species and to transfer valuable genes into the cultivated potato via biotechnological and conventional methods.

Ergebnisse:

Pflanzen einer Genbankakzession der Wildart *Solanum tuberosum* (*etb*) sind extrem resistent gegenüber dem Kartoffelvirus Y (PVY^O; PVY^{NTN}; PVY^N-Isolate: CH605, O/Jaros., O/Wilga). Neben dieser Resistenz weisen Akzessionen von *S. berthaultii*, *S. bulbocastanum*, *S. cardiophyl-*

lum, *S. tarnii* (*trn*) außerdem *Phytophthora*-Resistenz auf. Nach Protoplastenfusion und Pflanzenregeneration wurden im Berichtszeitraum weitere 156 somatische Hybriden zwischen diesen Wildarten und Zuchtklonen oder Kartoffelsorten mit Hilfe molekularer Marker identifiziert.

Hybriden und die mit der Kartoffelsorte 'Sonate' erzeugten Rückkreuzungsnachkommen, welche nach mechanischer Pfropfung und Blattlausübertragung sowie nach *Phytophthora*-Infektion im Einzelblatt-Test keinen oder nur geringen Befall zeigten (Abb. 1), wurden für weitere Kreuzungsschritte genutzt. Von den 108 BC1-Klonen der [*etb* (+) Klon 58]-Hybriden wurden 28 mit Krautfäulere-sistenz selektiert (Tab. 1).

Tab. 1: Ergebnisse der Krautfäulere-sistenzprüfung bei 108 BC1-Klonen der somatischen Hybriden *etb* (+) Zuchtklon 58

Table 1: Results of foliage-blight assessment among 108 BC1 clones of the somatic hybrid *etb* (+) clone 58

Genotyp	Ø Boniturnote (Einzelblatt-Test)	Merkmals-einschätzung Krautfäule
Zuchtklon 58	9,0	resistent
<i>Solanum tuberosum</i> 'Sonate'	4,4	anfällig
BC1-Klone (<i>n</i> = 73, 1. Testung)	≤ 7	anfällig
BC1-Klone (<i>n</i> = 35, 1. Testung)	≥ 7	resistent
BC1-Klone (<i>n</i> = 7, 2. Testung)	≤ 7	anfällig
BC1-Klone (<i>n</i> = 28, 2. Testung)	≥ 7	resistent

Erste elektronenmikroskopische Untersuchungen zur Ultrastruktur des durch *Phytophthora infestans* infizierten Zellgewebes zeigten beim Vergleich des Pflanzenmaterials Unterschiede in der Entwicklung des Pathogens und der Reaktion des Wirtes. Verglichen mit der anfälligen Sorte 'Delikat' wurden bei *trn* und den Hybriden weniger Hyphen und Haustorien gefunden (Abb. 2a, b). Die Abwehrreaktion der Wirtszellen der resistenten Pflanzen war durch das Auftreten von Papillen und eine Überlagerung des Haustoriums nach dem Eindringen des Pilzes gekennzeichnet (Abb. 2c).

Fünfundzwanzig der [*trn* (+) 'Delikat']-Hybriden waren PVY- und krautfäulere-sistent. In Abhängigkeit von der Valenzstufe wurden bei sieben dieser Hybriden nach Bestäubung mit 'Delikat' 89 Beeren geerntet und die Rückkreuzungsnachkommen durch Samen- und Embryokultur etabliert. Bei der Kombination *etb* (+) Zuchtklon T67 liegen Nachkommen der BC3 vor.



Abb. 1: Einzelblatt-Test auf Krautfäulere-sistenz: obere Reihe: resistenter Zuchtklon 58; mittlere Reihe: anfällige Wildart *S. tuberosum* - ein Donor für PVY-Resistenz; untere Reihe: BC1-Nachkommen der somatischen Hybride *etb* (+) Zuchtklon 58

Fig. 1: Single-leaf test for foliage-blight resistance. Upper row: Resistant potato clone 58; Middle row: Susceptible wild species *S. tuberosum*, a donor for PVY resistance; Lower row: BC1 progeny of the somatic hybrid *etb* (+) clone 58

Unter Feldbedingungen wurden auch agronomische Merkmale ausgewählter Genotypen geprüft. Im Vergleich zu *etb*-Nachkommen waren Knollenform und Ertrag bei Genotypen aus Fusionskombinationen mit *trn* bereits nach der ersten Rückkreuzung deutlich verbessert.

Die Untersuchungen zur Nahrungsaufnahme von Blattläusen auf Pflanzen von *S. tuberosum*, der Kulturkartoffel und den somatischen Hybriden durch EPG (Electronic Penetration Graph) wurden fortgesetzt. Die Blattläuse waren auf Pflanzen der Wildart und den untersuchten Hybriden nicht in der Lage, kontinuierlich Phloemsaft aufzunehmen. Außerdem zeigten Aphiden der Species *Aulacortum solani* auf diesen und einigen BC1- und BC2-Klonen eine längere Entwicklungszeit und einen geringeren relativen Fettgehalt, welches auf eine reduzierte biologische Leistung hinweist. Die durch Rückkreuzung mit dem Zuchtklon

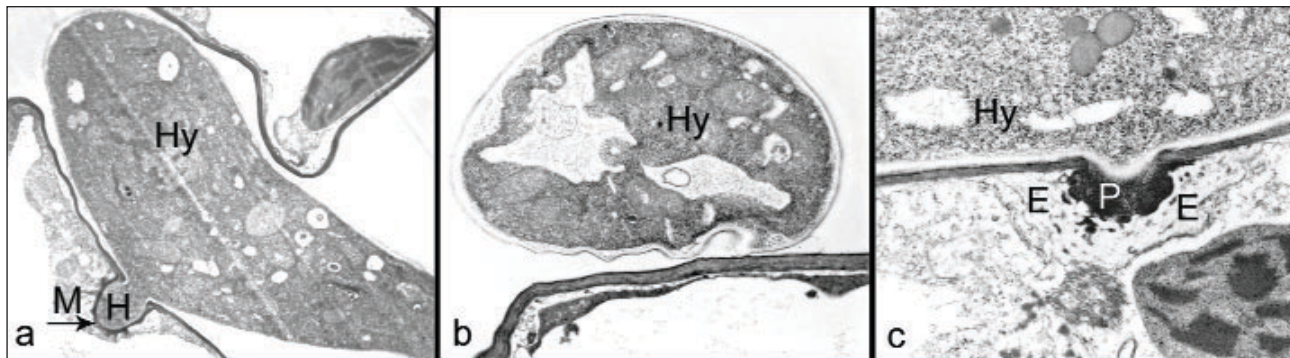


Abb. 2: Elektronenmikroskopische Aufnahmen von Pilzhyphen (Hy) im Blattgewebe der Kartoffel drei Tage nach Infektion mit *Phytophthora infestans*:

- (a) Haustorium (H) mit Matrix (M) bei der anfälligen Sorte 'Delikat'
- (b) Fehlen von Haustorien des Pilzes bei der resistenten somatischen Hybride *trn* (+) 'Delikat'
- (c) An der Eindringungsstelle des Pilzes in den Wirt (*trn*, Hybride) gebildete Papille (P) und Ablagerungen (E) um das Haustorium (Quelle: Kang, 2003)

Fig. 2: Electron-microscope analysis of hyphae (Hy) of the fungus in the leaf tissue of potato infected by *Phytophthora infestans* three days after inoculation

- (a) Haustorium (H) with matrix (M) in the susceptible cv. 'Delikat'
- (b) Absence of haustoria of the fungus in the resistant somatic hybrid *trn* (+) cv. 'Delikat'
- (c) A papilla (P) and encasement (E) detected in the penetration side of the host *trn* and the hybrid (Source: Kang, 2003)

T67 entstandene Reduzierung des E-Genoms in den BC-Klonen ging mit einem verringerten Gehalt des vom Wilderter stammenden Glykoalkaloids Tomatidin und einer Erhöhung des Solanidingehaltes der Kulturkartoffel einher. Eine Korrelation zwischen Aphidenresistenz und Glykoalkaloidgehalt sowie -zusammensetzung war am bisher untersuchten Material nicht nachweisbar.

Im Gegensatz zu sexuell erzeugten Hybriden wird die genetische Information des Zytoplasmas bei Hybriden aus Zellfusion biparental vererbt und damit die Chondriome und Plasmone beider Eltern vermischt. Um die somatische Hybridisierung letztlich für praktische Züchtungsprogramme der Kartoffel nutzbar zu machen, sind Kenntnisse zur genetischen Konstitution der Hybridgenotypen notwendig. Daher wurde begonnen, Kern- und Zytoplasmazusammensetzung von 240 symmetrischen interspezifischen Hybriden aus sechs Genotypkombinationen mit Hilfe von Mitochondrien- (mt) und Chloroplasten- (cp) genom-spezifischen PCR-Primern zu untersuchen. Erste Ergebnisse deuten auf hohe Variabilität unter den Hybridpflanzen auch innerhalb einer Fusionskombination hin.

Abstract:

Plants from a genebank accession of the wild species *Solanum etuberosum* (*etb*) displayed extreme resistance to Potato Virus Y (PVY). In addition, accessions of other wild *Solanum* species, like *S. tarnii* (*trn*) also showed *Phytophthora* resistance. In order to transfer these resistance traits to the cultivated potato *S. tuberosum* (*tbr*), somatic hybrids were produced by protoplast fusion and 156 interspecific hybrids were identified by molecular markers. Only those somatic hybrids and backcross progeny clones were used for further crossings, which showed no or low

infection after mechanical virus inoculation, grafting and transfer of aphids as virus vectors as well as after treatment with *Phytophthora* suspension using the single-leaf test. In order to improve the agronomic traits for [*trn* (+) cv. 'Delikat']-hybrids and [*etb* (+) potato clone T67]-hybrids the second and third backcross-progeny clones, respectively, were produced by seed and embryo culture.

Initial electron microscope analysis of *Phytophthora infestans* infected leaves from parental genotypes cv. 'Delikat', *trn* and the somatic hybrid indicated differences in the fungus development and host response. The leaves of the susceptible potato cultivar had more hyphae and haustoria than either *trn* or the hybrid. The host cell response to the pathogen was stronger in the somatic hybrid, than in cv. 'Delikat'.

Investigations on the feeding behaviour of aphids indicated that on plants of the wild species and the hybrids, the aphids discontinued feeding on phloem sap. Aphids of *Aulacorthum solani* which had been reared on plants of *etb*, the somatic hybrid *etb* (+) *tbr* and several BC1 and BC2 clones, respectively, displayed decreased growth development and reduced relative fat contents. This indicates inferior aphid-host properties of these genotypes compared to the cultivated potato-fusion parent.

First results of the study of the inheritance and compatibility of the mitochondrial and chloroplast genomes indicated high variability in interspecific somatic hybrids.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U.; BBA, Inst. f. Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland; Heimbach, U.; BTL

Bio-Test Labor Sagerheide, Thieme, T., Heinze, M.; Inst. f. Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Schliephake, E. Inst. f. Resistenzforschung und Pathogendiagnostik Aschersleben, Rabenstein, F., Schubert, J.; Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Gebhardt, C.; Wawilov-Institut, St.-Petersburg, Rußland, Antonova, O.; Gavrilenko, T.; MTT Agrifood Research, Jokioinen, Finnland, V.-M. Rokka, J. Laurila; Babes-Bolyai-Universität, Cluj-Napoca, Rumänien, Rakosy-Tican, L., Aurori, C., Nordwest Universität für Landwirtschaft und Forsten, Yangling, Shaanxi, China, Kang, Z.

(BAZ-3128)

b) Raps/Rapeseed

3.2 Rapstransformation mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuartiger Öle und zur Herstellung markergenfreier Pflanzen

Transformation of rapeseed with genes for development of plants with new oils and the production of plants without marker gene

Sonntag, K.

Zielstellung/Aim:

Mit Hilfe eines zuvor erarbeiteten, agrobakterienvermittelten Transformationssystems sollen Rapspflanzen mit einem erhöhten Gehalt an Ölsäure bzw. Erucasäure entwickelt werden. Die Realisierung dieser Aufgabe erfolgt im Rahmen eines von der FNR geförderten Verbundprojekts in Zusammenarbeit mit universitären Einrichtungen und Zuchtfirmen.

Die Anwesenheit von Antibiotikaresistenzgenen als Markergene, die bei der Pflanzentransformation erforderlich sind, wird unter Verbraucherschutzaspekten kritisch bewertet. Nur noch bis 31.12.2004 dürfen in den Verkehr zu bringende gentechnisch veränderte Pflanzen Gene enthalten, die Resistenzen gegen therapeutisch bedeutende Antibiotikaklassen bewirken. Im vorliegenden Projekt sollen durch die Kopplung eines induzierbaren negativen Selektionsmarkers mit einem Markergen schnell und effektiv markerfreie Pflanzen selektiert werden. Das Projekt ist Teil des Verbundvorhabens „Eliminierung von Transformationsmarkern durch Kopplung mit einem *N*-Acetylphosphinothricin-Deacetylasegen als induzierbarem negativem Selektionsmarker“, welches im Rahmen des BMBF-Förderschwerpunktes „Sicherheitsforschung und Monitoring“ durchgeführt wird.

This project is aimed at the enhancement of the oleic-acid and the erucic-acid contents, respectively, in rapeseed. Several constructs with genes of fatty-acid biosynthesis will be introduced into *Brassica napus* by use of *Agrobacterium tumefaciens*. Another aim is to develop a method for the production of marker-free transgenic plants through cotransformation. This is part of a research network funded by the programme „Biotechnology 2000“ of the Federal Ministry of Education and Research.

Ergebnisse:
Für die Bereitstellung von Hoch-Ölsäure-T1-Rapspflanzen durch agrobakterienvermittelten Gentransfer standen von der Universität Hamburg Hairpin-Antisense-Konstrukte zur Hemmung der mikrosomalen und plastidären Oleatdesaturase zur Verfügung. Die Transformationsexperimente wurden zu Jahresbeginn mit der Übergabe von insgesamt 410 unabhängigen Primärtransformanten an die Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG abgeschlossen. Dieses Material steht für weitere Evaluierungen und zur Bewertung der Ölsäureoptimierung bereit.

Ergebnisse:

Für die Bereitstellung von Hoch-Ölsäure-T1-Rapspflanzen durch agrobakterienvermittelten Gentransfer standen von der Universität Hamburg Hairpin-Antisense-Konstrukte zur Hemmung der mikrosomalen und plastidären Oleatdesaturase zur Verfügung. Die Transformationsexperimente wurden zu Jahresbeginn mit der Übergabe von insgesamt 410 unabhängigen Primärtransformanten an die Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG abgeschlossen. Dieses Material steht für weitere Evaluierungen und zur Bewertung der Ölsäureoptimierung bereit.

Um transgene Pflanzen mit erhöhtem Anteil an Erucasäure zu erhalten, wurden Transformationen mit dem Resyntheseraps 'RS306' durchgeführt. Durch den Kooperationspartner an der Universität Aachen wurden sowohl ATP:Citratlyase (ACL)-Konstrukte als auch Acetyl-CoA-Carboxylase (ACC)- und Diacylglycerin-Acyltransferase (DAGAT)-Konstrukte bereitgestellt. Im Vergleich zu 'Drakkar' konnten mit 'RS306' vor allem höhere Transformationsraten erzielt werden (Tab.1).

Tab. 1: Anteil der regenerierten und transformierten Pflanzen nach agrobakterienvermitteltem Gentransfer

Table 1: Efficiency of regenerated and transformed plants after *Agrobacterium tumefaciens* mediated gene transfer

Konstrukt	'Drakkar'		Konstrukt	'RS306'	
	Regeneration (%)	Transformation (%)		Regeneration (%)	Transformation (%)
pRD <i>fad2fad6irB</i>	23,4	1,2	ACL	28,8	4,6
pRN <i>fad2fad6irB</i>	17,2	1,5	Tri-ACL	26,2	7,5
pRU <i>fad2fad6irB</i>	26,6	0,7	ACL3-nptII	34,2	7,3
pRL <i>fad2fad6irB</i>	31,8	0,6	pNKAT-DAGAT	24,4	14,9

Die Experimente zeigten, dass mit dem Agrobakterienstamm ATHV C58C1 und mit den Promotoren Napin und DC3 die höchsten Transformationsraten erreicht wurden.

Auf der Grundlage von 5 Konstrukten zur Optimierung der Erucasäurebiosynthese wurden insgesamt 1083 mit NPTII-ELISA getestete, transgene Pflanzen an den Projektpartner Deutsche Saatveredelung, Zuchtstation Leutewitz, übergeben, davon 930 Primärtransformanten im Berichtszeitraum.

Die Untersuchungen zur Eliminierung von Markergenen durch die Entkopplung von Markergenen und Zielgenen führten bei getrennter Übertragung der Gene auf Sommerraps 'Drakkar' mit zwei binären Vektoren, die in zwei Agrobakterienstämmen vorliegen, zu hohen Kotransferraten (49 %) bei geringer Kopienzahl. Für die bei dem Kooperationspartner an der Universität Rostock durchzuführenden Analysen wurden im Berichtsjahr 731 transformierte Pflanzen bereitgestellt. Weitere Experimente zur Optimierung der Kotransferraten und der Kopienzahl richten sich auf die Modifikation der Agrobakteriendichten.

In einem anderen System zur Erzeugung markerfreier Pflanzen wurde die Strategie der Positivselektion mit Phosphomannose-Isomerase als Selektionsmarker genutzt. Dieses Enzym katalysiert die Umwandlung von Mannose-6-phosphat in das für Pflanzen verwertbare Fructose-6-phosphat. Untersuchungen mit 'Drakkar', 'RS306' und 'SR163' zeigten Transformationsraten, welche mit jenen unter Kanamycinselektion vergleichbar waren (Abb.1).

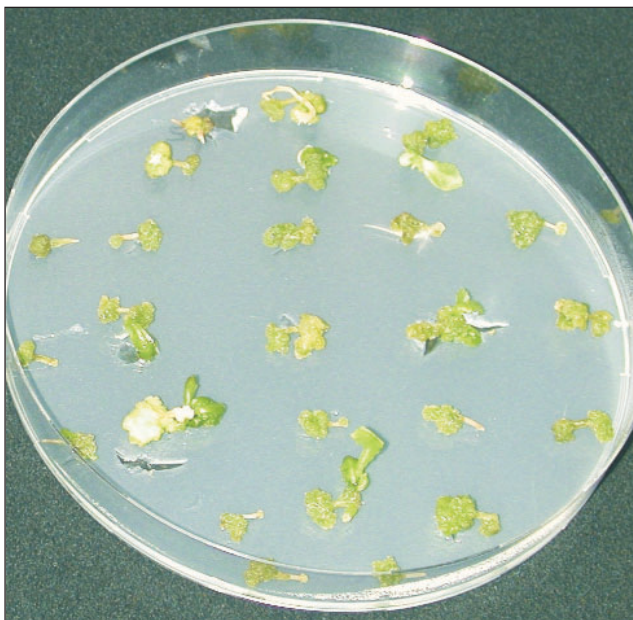


Abb. 1: Bildung von Sprossregeneraten an Hypokotylexplantaten bei 'Drakkar' nach Selektion auf Mannosemedium

Fig. 1: Formation of regenerants on hypocotyl explants from cv. 'Drakkar' after selection on medium containing mannose

Abstract:

Constructs were transferred in rapeseed to produce transgenic plants with higher contents of oleic acid and erucic acid, respectively. For production of transgenic plants of *Brassica napus* via *A. tumefaciens*, plasmids were used with *Kan^r* as selective marker and in some experiments controlled by different promoters (napin, DC3, Usp, LeB4). Altogether, 947 transgenic plants from cv. 'Drakkar' and 'RS306' were obtained for further analysis in this year.

Furthermore, the optimal conditions for the development of marker-free transgenic plants were investigated. The best way to obtain a high level of cotransformation of marker gene and gene-of-interest was transformation with two *Agrobacterium* strains. Further experiments for positive selection with phosphomannose isomerase were started.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof, Töpfer, R.; Hausmann, L.; DSV, Lippstadt-Bremen GmbH, Stelling, D.; Lehmann, L.; NPZ H.-G. Lembke, KG Hohenlieth und Malchow, Paulmann, W.; Leckband, G.; Zurborg, A.; Universität Aachen, Frentzen, M.; Weier, D.; Universität Hamburg, Heinz, E.; Spikermann, P.; Universität Gießen, Friedt, W.; Lühs, W.; Zarhloul, M.

(BAZ-3150; gefördert durch FNR und BMBF)

3.3 Die Eignung von transgenem Raps mit gentechnisch bearbeiteten Qualitätseigenschaften als proteinreiches Tierfutter und nachwachsender Rohstoff für die chemische Industrie

The suitability of oilseed rape with genetically engineered quality characters for feeding animals and renewable resource for industrial purposes

Rudloff, E.

Zielsetzung/Aim:

In einem Freisetzungsvorhaben werden von mehreren transgenen Rapslinien mit veränderter Fettsäurezusammensetzung größere Mengen Rapssaat erzeugt, die in anwendungsorientierten Untersuchungen zur Verfütterung des Schrotens bzw. zur industriellen Nutzung des Öls eingesetzt werden.

A release of several transgenic lines of oilseed rape displaying unusual fatty-acid composition is carried out to produce larger amounts of rapeseed, which can be used for investigations on the rapeseed meal in animal feeding and on the seed oil in respect to industrial purposes, respectively.

Ergebnisse:

In einer 2002 beendeten, mehrjährigen Freisetzung wurden Sommerrapslinien geprüft, die aus der Transformation der Sorte 'Drakkar' mit einem Thioesterase-Gen aus der

Wildpflanze *Cuphea lanceolata* entwickelt wurden und deren Fettsäurespektrum in der Weise verändert ist, dass die für Raps untypische mittelkettige Fettsäure (MCFA) Myristinsäure (C14:0) gebildet wird und der Gehalt an Palmitinsäure (C16:0) erhöht ist. Solche transgenen Pflanzen der zweiten Generation, welche (Veränderungen in wertbestimmenden Inhaltsstoffen betreffen, sind sowohl für Food/Feed- als auch für Non-Food-Applikationen interessant. Für ausgewählte transgene Linien wurde eine neue Freisetzung beantragt. Ihr Ziel ist die Erzeugung größerer Mengen von transgener Rapssaat für weitere Untersuchungen.

Die in 2003 produzierte transgene Rapssaat soll in Zusammenarbeit mit dem Institut für Tierernährung an der FAL Braunschweig für Fütterungsversuche genutzt werden. Das bei der Ölgewinnung aus konventionellem Raps in großen Mengen als Koppelprodukt anfallende Rapsschrot wird als hochwertiges Futtermittel in der Mischfütterindustrie eingesetzt. Das Öl aus den transgenen Linien besteht zu etwa 40-50 % aus gesättigten Fettsäuren mit einer Kettenlänge von 14 oder 16 C-Atomen. Aus den Ergebnissen des Fütterungsversuchs werden erste Hinweise auf mögliche Veränderungen im Futterwert erwartet. Es soll nicht entfettetes Schrot aus transgenem Raps an Schweine verfüttert werden. Als Kontrolle wird Rapsschrot aus der nicht-transgenen isogenen Linie 'Drakkar' verwendet. Neben dem Futterwert interessiert auch der Verbleib und die Umsetzung der transgenen DNA im Tierkörper.

Die Aussaat 2003 wurde in Folge des Eintreffens des Genehmigungsbescheids sehr spät (27.05.) durchgeführt. Von den sechs genehmigten Linien (Tabelle 1) wurden die drei Linien TM 5/4, TM 6/3 und TS Mix für die Aussaat auf je 2500 m² mit einer Saatstärke von 85 Korn/m² vorgesehen. Die drei Parzellen waren durch einen 4,5 m breiten Streifen getrennt, der mit einer nicht-transgenen cms-Linie bestellt war. Es wurde eine Parzellendrillmaschine verwendet. Trotz der sehr späten Aussaat waren ein zügiger Aufgang und eine schnelle Jugendentwicklung zu beobachten. Der Bestand war lückenlos und sehr homogen. Schoten- und Kornausbildung waren, vermutlich als Folge der späten Aussaat, nicht optimal. Auch der Myristinsäuregehalt lag mit 12-13 % deutlich unter den in Tabelle 1 angegebenen Werten.

Nach der Reinigung wurden von den Linien TM 5/4 und TM 6/3 wurden je ca. 160 kg geschrotet und an das Institut für Tierernährung übergeben.

Abstract:

Transgenic lines of spring-type oilseed rape, which are characterised by the presence of myristic acid and increased amounts of palmitic acid in the seed oil, will be used for a feeding trial with pigs. The transgenics were developed by transformation with a thioesterase gene of the herb *Cuphea lanceolata*. Three lines were sown in a field release at the end of May 2003 on an acreage of 2,500 m²

Tab. 1: Fettsäurezusammensetzung der transgenen Linien (Ergebnisse 2002) für die Freisetzung 2003 im Vergleich zur Ausgangsform 'Drakkar'

Table 1: Fatty-acid composition of transgenic lines (results from 2002) for the field release in 2003, in comparison to the nontransgenic isogenic cv. 'Drakkar'

Linie	Fettsäuregehalt (%)					
	C _{14:0}	C _{16:0}	C _{18:0}	C _{18:1}	C _{18:2}	C _{18:3}
TM 4/4	19,1	20,4	2,2	29,1	17,8	8,1
TM 5/4	19,0	21,1	2,2	27,6	18,7	8,0
TM 6/3	19,6	21,0	2,2	28,0	18,4	7,4
TS Mix	15,6	15,0	1,7	33,6	19,9	8,7
TV 4/01	18,1	23,6	2,1	31,8	15,7	5,8
TV 5/01	16,5	22,7	2,2	33,6	15,8	6,0
'Drakkar'	0,0	3,6	2,2	67,2	15,7	7,1

each. Due to the late seeding date the conditions for plant development and particularly pod and seed development were not optimal, resulting in poor seed set and small seeds. The myristic-acid content was decreased to 12-13 %. The rapeseed of two of the lines was grinded and made available for the feeding trial, which will be conducted by the Institut für Tierernährung at the Federal Agricultural Research Centre (FAL), Braunschweig. The aim of the trial is to investigate the influence of the changed fatty-acid composition in the seed oil on the feeding value of the meal and to study the conversion of transgenic DNA in the animal body. The trial will be repeated in the next year.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Ruge, B.; FAL Braunschweig, Institut für Tierernährung, Böhme.

(BAZ-3162)

Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität

Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials

Groß Lüsewitz

Das Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität orientiert sich mit seinen Forschungszielen am Forschungsplan des BMVEL, dessen politische Schwerpunkte Verbraucherschutz, eine nachhaltige Land-, Ernährungs-, Forst- und Fischereiwirtschaft sowie eine zukunftsorientierte Entwicklung des ländlichen Raumes sind. Die dazu notwendigen wissenschaftlichen Grundlagen bzw. Entscheidungshilfen sind zu erarbeiten und zu erweitern.

Hauptaufgaben des Instituts:

- Charakterisierung und Minderung der Wirkung abiotischer Stressfaktoren auf Qualität und Ertrag landwirtschaftlicher Nutzpflanzen mit dem Ziel einer wirtschaftlichen und gleichzeitig umweltschonenden Landwirtschaft - auch im Hinblick auf Klimaveränderungen und unter Berücksichtigung der Nährstoffeffizienz und der Akkumulation exogener und endogener antinutritiver Substanzen;
- Minderung von pre-harvest Auswuchsschäden bei Getreide über die Aktivität der Amylasen und der proteinogenen Enzyminhibitoren sowie den enzymatischen Abbau der Kornpolymeren;
- Isolierung und Charakterisierung von Inhaltsstoffen landwirtschaftlicher Nutzpflanzen als Grundlage einer Selektion auf spezifische Qualitätsparameter mit dem Ziel der Förderung einer wettbewerbsfähigen und multifunktionalen Landwirtschaft - unter besonderer Berücksichtigung präventiv, heilend und antinutritiv wirkender Substanzen für die Produktion von hochwertigen Nahrungs- und Futtermitteln und der Spezifik nachwachsender Rohstoffe;
- Proteomanalyse zur Untersuchung von veränderten Stoffwechselabläufen transgener Pflanzen und deren Auswirkung auf Resistenz, Qualität und Ertrag auch im Hinblick auf die Sicherheit der Gentechnik;
- Evaluierung genetischer Ressourcen sowohl für den konventionellen als auch den ökologischen Landbau - unter Berücksichtigung der Entwicklung bzw. Etablierung geeigneter Methoden, besonders zur Einzelkorn- bzw. Einzelpflanzenanalyse.

Die Evaluierung auf abiotische Stresstoleranz wurde, fußend auf einer Palette leistungsfähiger Methoden, auf die morphologischen, physiologischen und biochemischen Ursachen der Stresstoleranz ausgerichtet. Unter diesem Aspekt sind Forschungsaktivitäten zur Evaluierung genetischer Ressourcen von Leguminosen zu sehen. Infolge der konsequenten Förderung des ökologischen Landbaus gewinnen einheimische Leguminosen als Stickstoffsammler und pflanzliche Proteinlieferanten wieder verstärkt an Bedeutung. Die Voraussetzung ist eine verbesserte Ertragsstabilität bei gleichzeitig hohem Proteingehalt der Samen. Aus diesem Grund werden aktuelle Sorten, Linien und Herkünfte hinsichtlich ihrer Trockentoleranz/Frosttoleranz evaluiert und der Einfluss physiologisch relevanter Merkmale auf die Ertragsstabilität und Produktqualität untersucht (Abb. 1). Eines dieser Merkmale, das in Pflanzen häufig mit einer erhöhten Toleranz gegenüber osmotischem Stress korreliert, ist die Akkumulation von freiem Prolin. Anhand von selektierten Ackerbohnenlinien mit hoher/niedriger Prolinakkumulation soll geprüft werden, ob diese als indirektes Selektionskriterium für Unterschiede in der Stresstoleranz (Trockenheit, Kälte) geeignet sind.

Darüber hinaus wird untersucht, welchen Einfluss Trockenstress, Kühlestress und Nährstoffangebot auf Wurzel- und Sprossentwicklung von Getreide im Jugendstadium haben. Mittels moderner Methoden der Bildverarbeitung werden aktuelle Sorten, Landsorten u. a. genetische Ressourcen evalu-

iert. Das ist besonders im ökologischen Landbau von Bedeutung, da eine schnelle und effektive Jugendentwicklung von Getreide (schnelle Unkrautunterdrückung, effektive N-Anreicherung im Herbst/Frühjahr) wünschenswert ist.

Abiotische Stressfaktoren haben nicht nur Einfluss auf Ertrag und Ertragsstabilität, sondern auch auf Qualitätsparameter landwirtschaftlicher Rohstoffe. So sind beim Getreide die Zusammensetzung und die Verkleisterungseigenschaften der Stärke im hohen Maße von der Temperatur in der Phase der Kornfüllung abhängig. Bei niedrigen Temperaturen erhöht sich der Amylosegehalt deutlich, bei amylopektinreichen (waxy-) Formen beginnt die Stärkeverkleisterung bei niedrigeren Temperaturen, ein Vorteil für viele Verarbeitungsprozesse, der gezielt ausgebaut wird.

Zur komplexen Qualitätsanalyse genetischer Ressourcen wurden Standard- und Screeningmethoden adaptiert bzw. entwickelt, die eine Einzelkorn- bzw. Einzelpflanzenanalyse ermöglichen. Im Vordergrund stehen dabei besonders zerstörungsfreie spektroskopische Methoden. Neben der Charakterisierung der Zusammensetzung und der Eigenschaften des pflanzlichen Rohstoffs wurden Inhaltsstoffe isoliert und charakterisiert.

Die Evaluierung von genetischen Ressourcen steht auch im Mittelpunkt von Projekten, die sich mit der Erschließung von neuen Quellen zur Herstellung von natürlichen, nicht-toxischen Farbstoffen für den Nahrungs- und Industriebereich befassen. Dabei werden verfügbare Mengen an Farbstoffen in Kartoffelknollen und Getreidekörnern bestimmt und Einflussfaktoren, wie Anbaumethoden (Düngung, Standort) und Lagerung, auf Farbstoffgehalt und -verteilung ermittelt.

Der Aspekt des ökologischen Landbaus wird besonders in einem Projekt berücksichtigt, das die Evaluierung genetischer Ressourcen, Landsorten und aktueller Sorten zur qualitativen Bewertung

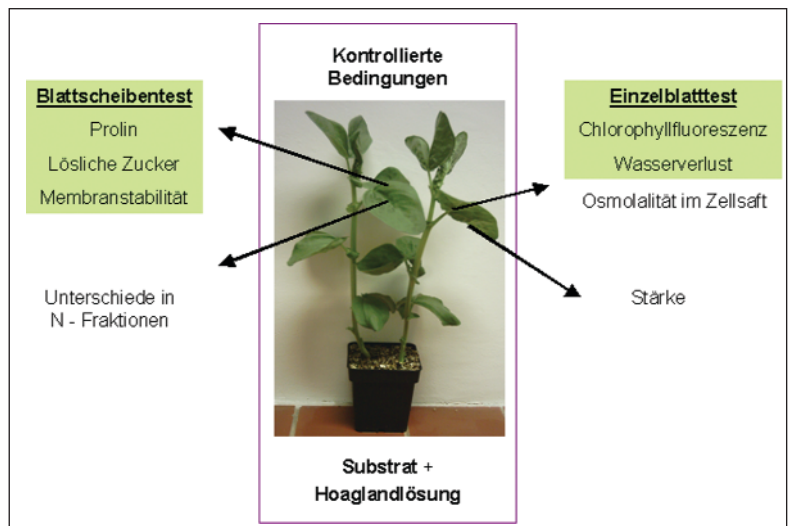


Abb. 1: Bestimmung indirekter Selektionskriterien für die Selektion auf Trockentoleranz bei Ackerbohnen und Kartoffeln - die grün unterlegten Merkmale werden serienmäßig bestimmt

Fig. 1: Determination of indirect selection criteria for selection to drought tolerance - green marked traits are determined in series



Abb. 2: Evaluierung aktueller Sorten landwirtschaftlicher Kulturen unter ökologischen Anbaubedingungen mit besonderer Berücksichtigung der Qualität - im Bild: Leguminosen

Fig. 2: Evaluation of actual cultivars of crops under conditions of organic farming with special regard to quality parameters - here: legumes

pflanzlicher Agrarprodukte aus ökologischer und konventioneller Produktion beinhaltet. Dazu ist am Standort ein ökologisch bewirtschaftetes Versuchsfeld vorhanden (Abb. 2). Die mehrjährigen Untersuchungen unter gleichen Standortbedingungen sollen die Frage nach objektiv messbaren Unterschieden in der Qualität beider Anbauweisen beantworten helfen und für den Verbraucher transparenter machen. Darüber hinaus sollen Aussagen zur Eignung vorhandener Sorten für die Erzeugung spezifischer Qualitäten im ökologischen Landbau getroffen und Möglichkeiten für die züchterische Verbesserung der Produktqualität von, für den ökologischen Anbau potentiell geeigneter Sorten abgeleitet werden.

Im Rahmen der Aufgaben zur Verbesserung der Rohstoffqualität werden Getreide (Roggen, Weizen, Triticale, Gerste), Ölpflanzen (Raps), Leguminosen (Ackerbohnen, Lupinen) und Kartoffeln auf ihre Eignung als Futtermittel, Lebensmittel und Industrierohstoff untersucht. Vor allem beim Roggen geht es in verschiedenen Ansätzen (Hellkörnigkeit, verbesserte Mahleigenschaften) um die Verbesserung seiner Marktstellung als nachwachsender Rohstoff, um die ökonomischen Folgen der wegfallenden Interventionen abzufangen. Auch bei Weizen spielt die Verbesserung der Eigenschaften für den Non-food-Bereich (spezifische Stärkequalitäten, besonders waxy-Weizen) eine wichtige Rolle, darüber hinaus auch im Nahrungsbereich (resistente Stärke).

Zunächst wurde als Modellpflanze die Gerste (Sommer- und Winterformen) mit erhöhten Gehalten an Amylose, Amylopektin (waxy-Formen) und β -D-Glucanen bearbeitet. Die Evaluierung genetischer Ressourcen, die Qualitätscharakteristik mit züchtungs- und industrielevanten Methoden, die schonende Verarbeitung zu Grieß und Extrudaten mit hohem Ballaststoffgehalt und die Analyse der physiologischen Wirkung einschließlich (positiver) Experimente in der menschlichen Ernährung wurden in Zusammenarbeit mit der Pflanzenzüchtung, der Getreideverarbeitung und der Ernährungsforschung abgeschlossen. Erste Fütterungsversuche wurden eingeleitet.

Bei der Analyse des Rohstoffs kommt dem Auswuchs (unerwünschte Keimung von Getreide auf dem Halm) besonders in feuchten Jahren eine gesteigerte Bedeutung als qualitätsminderndem Faktor zu. Bei den heimischen Getreidearten und besonders bei Roggen und Triticale ist neben den agronomischen Merkmalen, wie Standfestigkeit, Ährenhaltung sowie Struktur und Zusammensetzung von Ähre und Korn, die hohe Aktivität der amylolytischen und zellwandlytischen Enzyme entscheidend für Auswuchsschäden im Erntezeitraum. Die Zusammenhänge zwischen Keimruhe, Enzymstatus und Stärkeabbau sind aus diesem Grund Gegenstand methodischer Forschungsarbeiten, die prinzipiell mit der Schaffung einer präzisen, reproduzierbaren und züchtungsrelevanten Analytik zur umfassenden Charakterisierung und Bewertung der Qualität landwirtschaftlicher Produkte von der Evaluierung genetischer Ressourcen bis hin zum Endprodukt essentielle Voraussetzung sind. Die rheologische Erfassung der Quellung und Verkleisterung mit einem modifizierten Rotationsviskosimeter auch unter Inhibierung der Hydrolasen liefert züchtungs- und industrierelevante Rheogramme (Viskogramme) bei geringem Schrot-, Mehl- oder Stärkeinsatz. Hochspezifische Substrate erlauben die Bestimmung der Aktivitäten von α -Amylasen, β -Amylasen und Limit Dextrinasen und gestatten die Selektion von spezifischen Aktivitätskombinationen in verschiedenen Getreidearten.

Die Bewertung und Verbesserung der Qualität steht auch im Mittelpunkt von Projekten, die sich mit der Verwendung und Erzeugung von Getreidekeimlingen befassen. So soll ihr Einsatz zum einen den Futterwert, der durch den Wegfall bestimmter Futterkomponenten besonders im Öko-Landbau limitiert ist, verbessern und zum anderen durch die Erhöhung der ernährungsphysiologischen und gesundheitsrelevanten Eigenschaften neue Anwendungsgebiete bei der Herstellung von Lebensmitteln erschließen (Abb. 3).

Gegenstand der Forschungsarbeiten bei Raps ist die Sicherung proteinreicher, qualitativ hochwertiger Futtermittel, die als Koppelprodukt bei der Verarbeitung von Rapssaat als Rapsextraktionsschrot bzw. als Rapskuchen anfallen, bei gleichzeitiger Nutzung des Öls im Food- und Non-food-Bereich. Dazu erfolgt eine Evaluierung genetischer Ressourcen sowohl hinsichtlich wertbestimmender In-

haltsstoffe, wie Rohprotein, essentielle Aminosäure, Rohfaser und antinutritive Substanzen (Glucosinolate), als auch hinsichtlich Ölgehalt und Fettsäurezusammensetzung.

Dem gesundheitlichen Aspekt und der Produktsicherheit wird mit dem aus aktuellem Anlass initiierten Projekt Rechnung getragen, in dem das Acrylamidbildungspotential aktueller Kartoffelzuchtstämme und -sorten im Verarbeitungsprozess untersucht wird. Da nach dem jetzigen Erkenntnisstand die Menge an gebildetem Acrylamid neben der Verarbeitungstemperatur auch vom Gehalt reduzierender Zucker und bestimmter Proteinkomponenten in der Kartoffel abhängig ist, wird in einem mehrjährigen Versuchsanbau der Gehalt verschiedener Inhaltsstoffe (Stärke, reduzierende Zucker, Protein, Aminosäuren) bei unterschiedlichen Lagertemperaturen und -zeiten in Abhängigkeit von den Umweltbedingungen bestimmt und die Acrylamidbildung in Chips in Relation zu den genannten Inhaltsstoffen ermittelt.

Bei der Kartoffel ist die Verbesserung der Resistenz des Knollengewebes gegenüber der *Erwinia*-Nassfäule nach wie vor ein wichtiges Ziel. Diese Erkrankung vermindert nicht nur die Qualität, sondern verursacht hohe Verluste in der Landwirtschaft und im Handel.

In Verbindung damit werden unterschiedliche molekulare Ansätze verfolgt. So vermittelte die Expression eines Pektatlyase (PL) Gens in der Kartoffel eine frühzeitige Aktivierung von pflanzlichen Abwehrmechanismen und damit eine Verbesserung der Resistenz des Gewebes gegenüber der *Erwinia*-Nassfäule. Solche PL-transgenen Kartoffellinien der Sorte 'Désirée' sind inzwischen mit den weniger resistenten Sorten 'Agave' und 'Adretta' gekreuzt worden. Unter den Nachkommen dieser Kreuzungsexperimente fanden sich eine Reihe von transgenen PL-Linien, deren Nassfäule-Resistenz deutlich verbessert war. Diese Ergebnisse zeigen erneut, dass die pflanzliche Pathogen-Abwehr möglichst frühzeitig einsetzen muss, um das Fäulerisiko zu minimieren. Zukünftige Proteom-Studien an solchen PL-Kartoffeln werden sich vor allem auf die Veränderung der Proteinpuster im Stadium einer induzierten Resistenz konzentrieren.



Abb. 3: Keimautomat zur reproduzierbaren Erzeugung von Keimlingen unter definierten Bedingungen

Fig. 3: Germ appliance for the reproducible production of sprouts under defined conditions

The Institute for Stress Physiology and Quality of Raw Materials orients its research aims to the research plan of the Ministry for Consumer Protection, Food and Agriculture with its political main points being consumer protection, sustainable agriculture, forestry, fishery and nutritional economy as well as future orientated development of the rural areas. Therefore, necessary scientific bases and aid to decision-making have to be worked out and broadened.

Main tasks of the Institute:

- Characterization and reduction of effects of abiotic stress factors on quality and yield of agricultural plants under the aspect of an economic and environmentally aware agriculture - also in view of climate changes - considering the nutrient efficiency and accumulation of exogenous and endogenous antinutritive substances;

- Reduction of pre-harvest sprouting damages of cereals by means of activity of amylases, and of proteinaceous inhibitors as well enzymatic degradation of grain polymers;
- Isolation and characterization of contents of agricultural plants in order to select specific quality parameters with the aim to support a competitive and multifunctional agriculture in special view of substances having a preventive, health-promoting and antinutritive effect, to produce high-quality food, feed as well as renewable biomaterials;
- Proteome analyses to investigate different metabolic processes of transgenic plants and their effects on resistance, quality and yield with respect to the safety of genetic engineering;
- Evaluation of genetic resources for conventional agriculture as well as organic farming - under consideration of the development and establishment, respectively, of suitable methods, especially for single seed and single plant analysis.

The evaluation of genetic resources regarding abiotic stress tolerances was aimed to morphological, physiological and biochemical fundamentals of stress tolerance, using a range of efficient methods. Research activities regarding evaluation of genetic resources of legumes are to be seen in this context. As a result of the consistent promotion of organic farming, legumes as nitrogen collectors and sources of plant proteins could get an increasing importance. Prerequisite is an improved yield stability combined with a high protein content in the seeds. For this, actual cultivars, lines and other accessions are evaluated regarding their drought tolerance/frost tolerance. The influence of physiologically relevant characters on yield stability and product quality is investigated (Fig. 1). One of these characters, in plants often correlated to an increased tolerance to osmotic stress, is the accumulation of free proline. By means of inbred lines with high/low proline accumulation selected from different genebank accessions it will be proved whether proline accumulation is a suitable indirect selection criterion (drought, cold).

In cereals, the influence of drought, chilling stress and nutrient supply on root and shoot growth during early growth stages will be investigated. By means of modern methods of image analysis actual cultivars, old cultivars and other genetic resources are evaluated. Results are of special importance for organic farming, where a rapid and effective youth growth (suppression of weeds, effective N-uptake in autumn/spring) is desirable.

Impact of abiotic stress factors on quality parameters of agricultural raw materials is as important as that on yield and yield stability. In cereals composition and gelatinization properties of the starch are highly dependent on temperature in the period of grain filling. At low temperature the amylose content is clearly increased whereas in forms with high amylopectin content the gelatinization of starch starts at low temperatures, an advantage in processing.

For a complex analysis of genetic resources standard and screening methods are developed or adapted to facilitate single kernel or single plant analysis, in particular non-destructive spectroscopic methods. Besides characterization of composition and properties of raw materials, components are isolated and analyzed.

The evaluation of genetic resources is also a main point of projects in potatoes and cereals. Aim is the opening up of new resources to produce natural, non toxic pigments for industrial uses. The available amount of pigments and the distribution in potato tubers and cereal grains will be determined and additionally the influence of the variety, environment (fertilization and location) and storage will be proved.

The aspect of ecological farming is taken into account especially in one project, which comprises the evaluation of genetic resources, land races and relevant varieties for the assessment of quality parameters of agricultural plants growing under ecological and conventional conditions, respectively. For that purpose an ecological test field is cultivated in Groß Lüsewitz (Fig. 2). The analysis of agricultural products over several years under the same environmental conditions should clarify the dif-

ferences in the quality of raw material dependent on the kind of cultivation. Investigations should result in statements about the suitability of varieties for the production of specific qualities and the possibility of their improvement in ecological farming.

In connection with aspects of quality improvement in crops, cereals (rye, wheat, triticale, barley) oil plants (rape), legumes (faba beans, lupins) and potatoes were investigated concerning their suitability as feed, food and industrial raw material. Especially for rye it is necessary to come on the market as renewable biomaterial, because of the loss of interventions and the resulting economic consequences.

Projects are directed to the development of rye for „Non-Food-Applications“ taking into account the brightness of kernels and improved properties of grain for milling. Changed properties (specific starch qualities, especially waxy wheat) are also important for wheat in the non food area as well in the food area (resistant starch). For this, barley (summer and winter forms) with high content of amylose, amylopectin (waxy-forms) and β -D-glucan were investigated as model plant.

Evaluation of genetic resources, characterization of quality with breeding relevant methods, production of semolina and extrudates with high content of dietary fibre and analysis of positive physiological effects were carried out together with private plant breeders and in co-operation with cereal processing and nutritional research facilities. First feeding experiments are initiated.

Within the analysis of the raw material the preharvest sprouting has got an increased importance as a quality reducing characteristic.

In native cereals and especially in rye and triticale besides the agronomical features like resistance to lodging and structure and composition of ears and kernels, the high activities of amylolytic and cell wall degrading enzymes are the deciding factors for sprouting damages caused by bad weather conditions during harvest time. For that reason the correlations between grain dormancy, enzyme status and the starch degradation are studied. The task of methodical research is to establish precise, reproducible and breeding relevant analytical methods for the investigation of the quality of agricultural plants from the evaluation of genetic resources to the final product.

The rheological characterization of swelling and gelatinization using a modified rotary viscometer with a small amount of whole meal, flour and starch, facilitates breeding and industrial relevant rheograms (viscograms). Highly specific substrates allow the determination of activities of α -amylase, β -amylase and limit dextrinase and the selection of specific combinations of activities in different cereal species.

The assessment and improvement of the quality are also the centre of attention in projects, which look into the production and use of cereal sprouts. Their use in the poultry feeding should increase the feed value, which is limited especially in the ecological agriculture due to the cancellation of particular feed components. Additionally, sprouts should open new possible applications in the production of feed owing to the improvement of the nutritional value and the properties relevant to health (Fig. 3).

Investigations into the utilisation of rapeseed extraction meal and rape cake as by-products of oil extraction for production of protein-rich and high-quality feed and simultaneous use of the oil in food and non food area are subject of research on rape. For this reason, genetic resources are evaluated in respect of important ingredients, like crude protein, essential amino acids, crude fibre and antinutritive substances (glucosinolates) as well as oil content and fatty acid composition.

The acrylamide in foods is a contemporary issue. It is therefore important to analyse the acrylamide formation potential in potatoes during processing in respect of current potato breeding clones and varieties. At current knowledge the quantity of acrylamide in potatoes depends on processing temperature and the content of reducing sugars and certain protein compounds. The aim of this investigation is the determination of potential of acrylamide formation in potato chips in relation to different ingredients (starch, reducing sugars, protein, amino acids) at different storage time and temperatures and genotypes.

With potatoes an enhancement of the resistance of tuber tissue to *Erwinia* soft rot is an important aim. This disease leads not only to a decrease of the quality, but also to great losses in agriculture and potato trade.

In connection with it different molecular approaches are attempted. Thus an expression of a pectate lyase (PL) gene in potatoes mediates an advanced activation of plant defence mechanisms and consequently, an enhanced resistance of the tissue to *Erwinia* soft rot. Such PL-transgenic potato lines were crossed with the less resistant cv Agave and Adretta. Among the progenies of these crosses were a lot of transgenic PL-lines that revealed a notable improved soft rot resistance. These results show again, that the plant defence has to be activated very early in order to minimize the risk of soft rot. Future studies of the proteome of such PL-potato lines will be focussed on changes of the protein pattern in the stage of an induced resistance.

1. Stressphysiologie/Biologische Rohstoffqualität Stress Physiology/Quality of Raw Materials

1.1 Selektion von Ackerbohnen-Inzuchtlinien mit differenzierter Prolinakkumulation unter osmotischem Stress und Untersuchung der Linien auf Unterschiede in der Trockentoleranz/Kältetoleranz

Selection of faba bean inbred lines with differences in proline accumulation under osmotic stress and investigation of lines regarding differences in drought tolerance/cold tolerance

Balko, C.

Zielsetzung/Aim:

Ackerbohnenherkünfte aus der Genbank des IPK Gatersleben wurden mittels eines Blattscheibentestes hinsichtlich ihrer Prolinakkumulation unter osmotischem Stress evaluiert. Aus Herkünften mit hoher/niedriger Prolinakkumulation sollen Inzuchtlinien erstellt werden, die wiederum die Extrema in der Prolinakkumulation aus diesen Herkünften repräsentieren. Die so selektierten Inzuchtlinien werden unter freilandnahen Bedingungen wie auch mittels indirekter Selektionskriterien auf Unterschiede in der Stresstoleranz (Trockenheit, Kälte) geprüft.

Faba bean accessions from the genebank of IPK Gatersleben were evaluated regarding accumulation of free proline under drought stress with the help of a leaf disc test. From accessions with high/low proline accumulation inbred lines will be produced representing extreme values in proline accumulation from these accessions. Selected inbred lines will be tested regarding differences in stress tolerance (drought, low temperatures) under nearly field conditions as well as by means of indirect selection criteria.

Ergebnisse:

Aus einer Reihe von Ackerbohnenherkünften der Genbank des IPK Gatersleben wurden zwei ausgewählt, die eine hohe bzw. niedrige Prolinakkumulation unter osmotischem

Stress in einem Blattscheibentest aufwiesen. Daraus wurden in den Folgegenerationen Einzelpflanzennachkommenschaften mit hoher/niedriger Prolinakkumulation selektiert und anschließend wiederum Einzelpflanzen geselbstet. Die Untersuchung der 3. Inzuchtgeneration (I3) ergab wieder deutliche Unterschiede in der Höhe der Prolinakkumulation, im Vergleich zur I2 aber keine neuen Extremwerte. Die Selbstungsnachkommenschaften waren in der I3 - wie erwartet - bereits deutlich homogener als in der I2.



Abb. 1: Erzeugung von Selbstungsnachkommenschaften im Isolierhaus

Fig. 1: Production of selfing progenies in an isolated house

Die gleichzeitig untersuchte Akkumulation löslicher Zucker war auch in der I3 mit der Prolinakkumulation tendenziell negativ korreliert ($r = -0,961$). Ein Test der I2 im Rain out-Shelter unter simuliertem Trockenstress ab Blühbeginn zeigte innerhalb der Herkunft wieder höhere Stresserträge bei den Linien mit der höheren Prolinakkumulation. Der Vergleich der Kontrollerträge (Feldversuch) zum Vorjahr, bei dem aktuelle Sorten und Linien des Indikatorsortimentes Trockentoleranz einbezogen wurden, ergab auch in der Kontrolle, trotz Zusatzbewässerung, eine Ertragsminderung durch die diesjährige extreme Trockenheit. So ist zu erklären, dass in diesem Jahr die Selbstungsnachkommenschaften bei den Kontrollerträgen das gleiche Ranking aufwiesen wie in der Stressvariante.

Abstract:

Two faba bean accessions from the gene bank of the IPK Gatersleben differing in their proline accumulation under simulated drought stress in a leaf disc assay were used to select selfing progenies with high and low proline accumulation. From best progenies single plants were selfed again. Investigation of the third inbred generation (I3) showed marked differences in proline accumulation again, but compared to the I2 no new extreme values were observed. Selfing progenies were - as expected - more homogenous as those in I2. Test of I2 in a rain out-shelter under simulated drought stress from flowering resulted in higher stress yields of lines with higher proline accumulation within the original accession. A comparison of control yields to those of the year before showed a decrease in yield despite of irrigation due to the extreme drought of this year. This is the reason for selfing progenies having the same ranking in control yields as in the stress treatment.

(BAZ-3344)

1.2 Evaluierung genetischer Ressourcen, Landsorten und aktueller Sorten zur Erstellung von Arbeitsortimenten (Getreide, Kartoffeln, Leguminosen) mit Bedeutung für den ökologischen Landbau unter besonderer Berücksichtigung der Qualität
Evaluation of genetic resources, land races and relevant varieties for the establishment of assortments (cereals, potatoes, legumes) with importance for ecological farming in special consideration of quality

Seddig, S.; Jansen, G.; Balko, C.; Flamme, W.

Zielsetzung/Aim:

Die Qualität ökologisch erzeugter pflanzlicher Agrarprodukte wird umfassend und mehrjährig untersucht und mit der Qualität konventionell, unter gleichen Standortbedingungen, erzeugter Produkte verglichen. Aus den Untersuchungsergebnissen sollen Aussagen zur Eignung vorhandener Sorten für die Erzeugung spezifischer Qualitäten im

ökologischen Landbau getroffen und Möglichkeiten für die züchterische Verbesserung der Produktqualität von Ökosorten abgeleitet werden.

The quality of agricultural products grown ecologically or conventionally under the same environmental conditions is extensively investigated and compared repeatedly. Investigations should result in statements about the suitability of varieties for the production of specific qualities and the possibility of their improvement in ecological farming.

Ergebnisse:

Im Jahr 2002 begann mit der Frühjahrssaat (nach 2jährigem Anbau von Klee gras) der Aufbau eines ökologisch bewirtschafteten Versuchsfeldes am Standort Groß Lüsewitz. In Zusammenarbeit mit der Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei M-V Gülzow wurden zunächst Sortimente von Sommerweizen und -gerste, Leguminosen und Kartoffeln angebaut, die zusätzlich einen Vergleich mit mehrjährigen Sortenversuchen im ökologischen Landbau an verschiedenen Standorten erlauben. Parallel wurden die gleichen Sortimente unter konventionellen Bedingungen angebaut. Es erfolgte die Erfassung der Ertrags- und Qualitätsparameter. Dabei wurden signifikant höhere Erträge und Proteinwerte im konventionellen Anbau beobachtet. Beim Weizen lagen die Erträge und Proteingehalte der Sorten um durchschnittlich 48 % bzw. 30 % höher, bei der Gerste waren es 41 % bzw. 12 % (Abb. 1). Im Auswuchsverhalten der Sorten konnten keine wesentlichen Unterschiede zwischen ökologischem und konventionellem Anbau festgestellt werden. Mykotoxinbelastungen traten weder im konventionell noch im ökologisch erzeugten Getreide auf. 2003 wurden die Versuche auf die Wintergetreide Dinkel, Roggen, Weizen, Triticale und Gerste ausgedehnt.

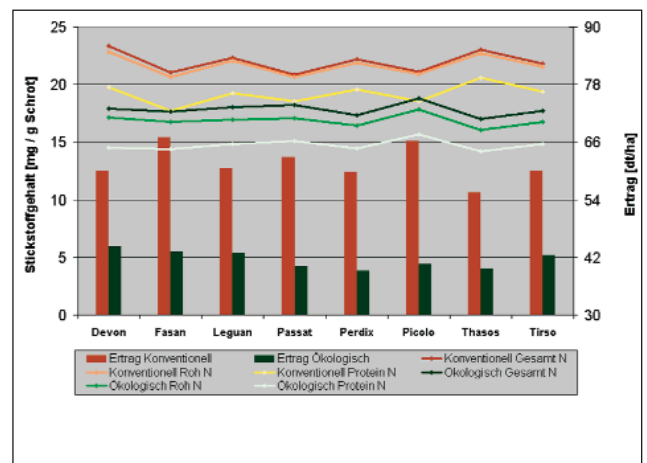


Abb. 1: Erträge und Stickstoffgehalte von Sommerweizensorten im konventionellen und ökologischen Anbau

Fig. 1: Yield and nitrogen content of an assortment of spring wheat in the conventional and ecological farming

Abstract:

In 2002 began with the spring cultivation (after a two-year grass-clover farming) the laying out of an ecological test field in Groß Lüsewitz. In co-operation with the Federal Research Centre for Agriculture and Fishery of Mecklenburg Western-Pomerania assortments of spring wheat, spring barley, legumes and potatoes were cultivated, parallel under ecological and conventional conditions. Yield and quality parameters were determined. Yield and especially the protein values were significantly higher in conventionally cultivated crops. In wheat, the yield and the protein content were on average 48 % and 30 %, respectively, in barley on average 41 % and 12 %, respectively, higher (Fig. 1). In pre-harvest sprouting of the varieties no substantial differences were detected. Mycotoxins could not be proved, neither in conventional nor in ecological products. In 2003 the trial was expanded to the winter crops, dinkel, rye, wheat, triticale and barley.

(BAZ-3345)

1.3 Untersuchung der Keimruhe und des Auswuchsverhaltens von Getreide mit und ohne Wasserstress (Provokation)

Investigation of seed dormancy and sprouting behaviour of cereals with and without water stress (provocation)

Seddig, S.; Flamme, W.

Zielsetzung/Aim:

Keimruhe und Auswuchs in Getreide sind komplexe Mechanismen, deren Ablauf entscheidend durch die Spezies, den Idiotyp und die Umweltbedingungen bestimmt wird. In Roggen-, Gersten-, Triticale- und Weizensortimenten sollen die den Stärkeabbau katalysierenden Enzyme während der Kornreifung und -keimung erfasst und ihre Änderungen unter Provokationsbedingungen analysiert werden. Mögliche Selektionskriterien werden auf ihre Korrelation zur Qualitätsstabilität geprüft.

Grain dormancy and pre-harvest sprouting in cereals are complex mechanisms which are determined decisively by the species, the ideotyp and the prevailing environmental conditions. In assortments of rye, barley, triticale and wheat the activity of the starch degrading enzymes and their changes under provocation conditions during corn ripening and germination will be evaluated. Possible correlations of the selection criteria to the stability of quality will be proved.

Ergebnisse:

Wie bereits in den vergangenen Jahren wurden erneut die Aktivitäten der α - und β -Amylasen und der Limit-Dextrinase in unreifen, reifen und keimenden Karyopsen bestimmt. Im Gegensatz zum Jahr 2002 zeichnete sich die Vegetationsperiode durch warmes und trockenes Wetter

aus. Der trotzdem (in relativ geringem Ausmaß) besonders bei Triticale aufgetretene Auswuchs, ist mit der verstärkten Taubildung um den Erntezeitpunkt zu erklären. Zusätzlich wurde dieses Jahr an reifen Ähren der klassische Auswuchstest (Provokation/Bonitur) durchgeführt. Er soll mit dem Verlauf der α -Amylase während der Keimung verglichen werden. Die nun schon im 3. Jahr durchgeführten detaillierten Untersuchungen zum Zusammenhang zwischen Keimruhe, Enzymstatus und Stärkeabbau ermöglichen darüber hinaus auch eine Selektion des Materials bezüglich spezieller Produktqualitäten. So wurde in den untersuchten Sortimenten verschiedener Getreidearten die Variabilität der Parameter, die für die Bioethanolgewinnung von Interesse ist, erfasst. Dabei waren die Unterschiede in den Erträgen zwischen Weizen, Roggen und Triticale am Prüfstandort im Mittel gering. Die Stärkegehalte, die sich zwischen den Kulturarten relativ stark unterschieden, wiesen bei Weizen mit Abstand die höchsten Werte auf. Insgesamt lieferte aber Triticale mit den höchsten Stärkeerträgen/ha die besten Voraussetzungen für die Erzeugung von Bioethanol. Gekoppelt mit den höchsten Potentialen an α - und β -Amylase und bei gleichzeitiger Berücksichtigung der Temperaturstabilität der β -Amylase (Abb. 1) als Basis eines effizienten Stärkeabbaus ist es möglich, aussichtsreiche Sorten und Stämme zu identifizieren.

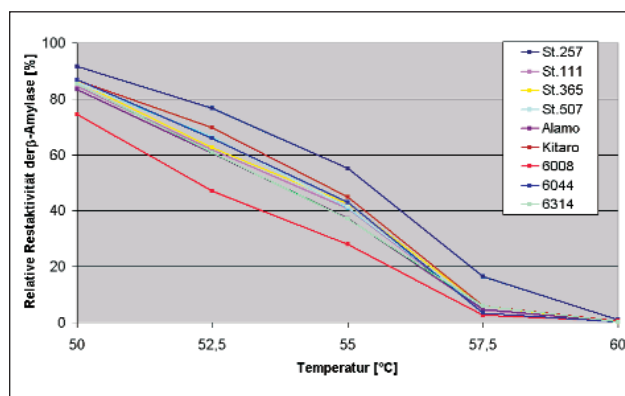


Abb. 1: Abnahme der β -Amylaseaktivität in Triticale bei Hitzebehandlung

Fig. 1: Decline in β -amylase activity of triticale varieties with heat treatment

Abstract:

As already in former years, the activities of α - and β -amylase and of limit-dextrinase in ripening, ripe and germinating grains were determined. In contrast to 2002 the vegetation period in 2003 was characterized by warm and dry weather. Nevertheless, pre-harvest sprouting caused by dew in the morning around harvest time could be detected, especially in triticale. Additionally, a classic „pre-harvest sprouting test“ (provocation/valuation) was carried out this year. It should be compared with the change of the α -amylase activity during germination. The detailed investigations of the correlations between grain dormancy, enzyme status and the starch degradation facilitate also a selection of the material regarding special product qualities. Thus, in

the assortments of the different cereals the variability of parameters, interesting for the production of bioethanol, was assessed. The yields of wheat, rye and triticale differed only slightly at the location in contrast to the contents of starch. Wheat showed the highest values in the latter parameter. Altogether, the triticale with the highest yields of starch/ha has the best prerequisites for the production of bioethanol. Connected with the highest potentials of α - and β -amylase and the simultaneous consideration of the temperature stability of the β -amylase (Fig. 1) - basis of an efficient starch degradation - it is possible to identify promising varieties.

(BAZ-3340)

1.4 Analyse der Inhaltsstoffe und Eigenschaften von Samen und Keimlingen ökologisch angebaute Nutzpflanzen unter besonderer Berücksichtigung der Stärke, der Nichtstärkepolysaccharide (NSP), der Proteine, der Aktivität der Amylasen und ihrer proteinogenen Inhibitoren, der Aminosäuren, der Vitamine und ausgewählter Sekundärstoffwechselprodukte

Analysis of the content, composition and properties of seeds and sprouts gained from ecologically cultivated crops regarding starch, non-starch polysaccharides, proteins, amylases and their proteinaceous inhibitors, amino acids, vitamins and selected products of the secondary metabolism

Seddig, S.; Jansen, G.; Jürgens, H.-U.; Flamme, W.

Zielsetzung/Aim:

Der Nähr- bzw. Futterwert von Getreide kann durch die Herstellung von Keimlingen deutlich gesteigert werden. Getreide aus dem ökologischen und konventionellen Anbau wird auf Rohstoffqualität untersucht und anschließend unter verschiedenen Bedingungen gekeimt. Aus den erfassten Veränderungen der Qualitätsparameter während der Keimung sind der Keimungsprozess und die Produktqualität so zu optimieren, dass Keimlinge mit hohen ernährungsphysiologischen und gesundheitsrelevanten Eigenschaften hergestellt werden können.

The nutritional and the feed value of cereal can be increased clearly by the production of sprouts. Seeds grown ecologically or conventionally are investigated regarding quality. Following, they are germinated under different conditions. Derived from the changes of quality parameters during germination, the process of germination has to be optimized in order to produce sprouts with properties relevant to health and of great value to nutrition.

Ergebnisse:

Als Arbeitssortimente dienen Triticale-, Gerste-, Roggen- und Weizensorten einschließlich Dinkel, Emmer und Einkorn aus dem ökologischen und konventionellen Anbau. In

den ersten Untersuchungen wurde zunächst Getreide ökologischer Herkunft bezüglich relevanter Inhaltsstoffe und Eigenschaften analysiert. Die Erzeugung von Keimlingen erfolgte bei unterschiedlichen Bedingungen (Temperatur, Licht, Feuchte, Keimzeit). Die α -Amylaseaktivität, als sensibler Indikator für den Keimungsverlauf zeigt dabei sehr deutlich den großen Einfluss der gewählten Keimbedingungen auf den Keimungsfortschritt (Abb. 1) und damit die Notwendigkeit einer genauen Definition der Versuchsbedingungen für die Reproduzierbarkeit. Die im Keimungsverlauf auftretenden Veränderungen der Qualitätsparameter (Stärke, Protein, stärkeabbauende Enzyme, Pentosane u. a.) wurden erfasst und sollen nun so optimiert werden, dass Keimlinge mit hohen ernährungsphysiologischen und gesundheitsrelevanten Eigenschaften hergestellt werden können. Parallel erfolgt die Etablierung der Aminosäure- und Vitaminanalytik.

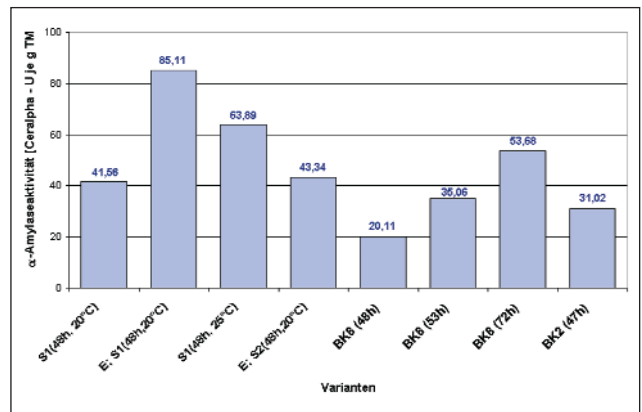


Abb. 1: Veränderung der α -Amylaseaktivität in Weizenkeimlingen durch Variation der Anzuchtbedingungen

E-Einweichen (24 h), S1/S2-Schalenkeimung, BK2/BK8-Keimautomaten

Fig. 1: Change of the α -amylase activity in wheat sprouts by variation of the cultivation conditions E-soak (24 h), S1/S2-germination in bowl, BK2/BK8-germ appliance

Abstract:

Assortments of triticale, barley, rye and wheat including dinkel, emmer and one-grained wheat from ecological and conventional cultivation, respectively, are investigated. At first the seeds grown ecologically were analyzed regarding relevant compounds and properties. The production of sprouts went off under different conditions (temperature, light, humidity, germination time). The α -amylase activity, a sensitive indicator for the course of germination, shows very clearly the great influence of the selected conditions on the progress of the germination. From this the necessity of an exact definition of the experimental conditions for a good reproducibility can be seen. The changes of the quality parameters (starch, protein, starch degrading enzymes, pentosans) during germination were recorded and have to be optimized now, so that sprouts of great nutri-

tional value and with properties relevant to health result. At the same time the analytical methods for the determination of amino acids and vitamins are established.

(BAZ-3346)

1.5 Rheologische und spektroskopische Untersuchungen zur Analyse von Auswuchsschäden bei Getreide

Rheological and spectroscopical investigations to analyze sprouting damages in cereals

Jansen, G.; Flamme, W.

Zielsetzung/Aim:

Auswuchs, d. h. unerwünschte Keimung von Getreide auf dem Halm, kann in feuchten Jahren die Qualität des Getreides stark beeinträchtigen. Das Ausmaß der Schäden, insbesondere bei Triticale (im Vergleich zu Roggen und Weizen), soll mit rheologischen Methoden untersucht werden. Weiterhin soll geprüft werden, ob sich mögliche stoffliche Veränderungen im Getreidekorn mit spektroskopischen Methoden erfassen lassen.

In wet years pre-harvest sprouting, that means unwanted germination in standing cereals can reduce the grain quality considerably. Damages, for instance in triticale (in comparison to rye and wheat) will be investigated with rheological methods. Furthermore will be proved the use of spectroscopic methods for the detection of possible changes in grains as regards subject matter.

Ergebnisse:

Unter dem Begriff „Auswuchs“ werden negative Veränderungen zusammengefasst, die sich während der Keimung von Körnern auf dem Halm vollziehen. Die Getreideart, die Sorte und die Umwelt bestimmen das Ausmaß der Auswuchsschäden. Zur Verbesserung der Auswuchstoleranz wurden Klimaschränke, Klimakammer, Feldberegnungsanlage, Shelterrollhaus und schonende Trockner installiert, die eine weitgehend gradientenfreie Provokation ermöglichen. Jährlich werden seit 1992 Feldversuche mit vier gestaffelten Ernteterminen an aktuellen Sorten und Basismaterial durchgeführt. Neben den enzymatischen wurden züchtungsrelevante rheologische Methoden entwickelt, die sowohl den Abbau der Stärke als auch der Zellwände erfassen. Im Vergleich zu anderen rheologischen Methoden (Amylograph, Fallzahl) können mit den modifizierten Rotationsviskosimetern Rheotest und Rheolab Verkleisterungskurven an 300 - 800 mg Stärke bzw. 0,5 - 1,8 g Schrot aufgenommen werden. Mit dem Rheolab können zusätzlich Quellkurven und Fließkurven von Suspensionen (Mehl, Schrot) und Stärkepasten aufgezeichnet werden. Die Verkleisterungskurven demonstrieren nicht nur die guten Differenzierungsmöglichkeiten, sondern auch die deutlich erhöhte Auswuchsneigung der aktuellen Triticaleorten gegenüber den weizenähnlichen Triticaleformen (111) der achtziger Jahre (Abb. 1, 2).

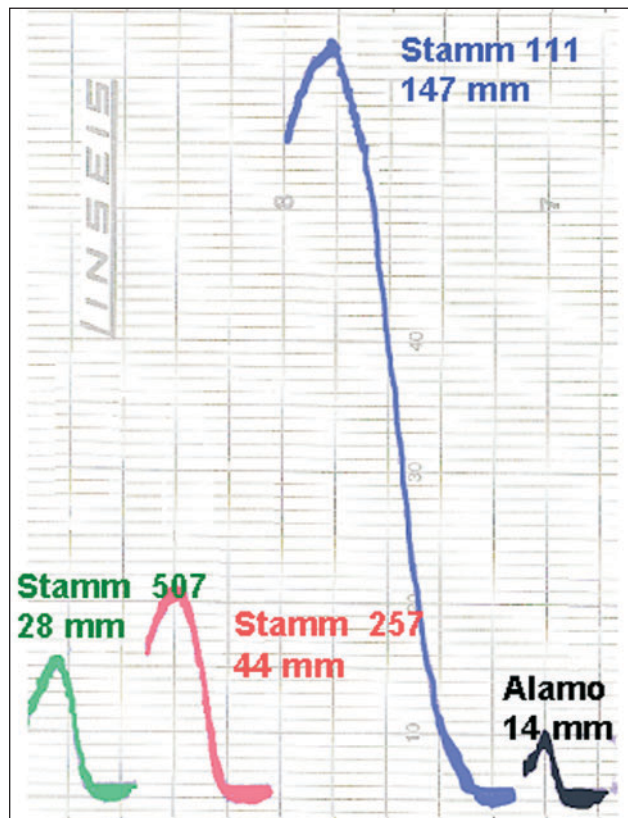


Abb. 1: Schnellverkleisterungskurven von Triticale-schrot, aufgenommen mit einem modifizierten Rheotest® Rotationsviskosimeter (Blattrührer statt Zylinder)

Fig. 1: Fast gelatinization curves of triticale coarse meal detected with a modified Rheotest® rotation viscometer (rotor blade instead cylinder)

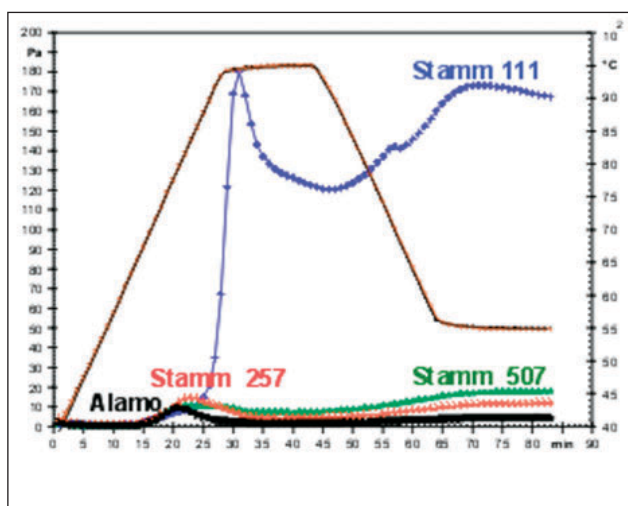


Abb. 2: Verkleisterungskurven von Triticaleschrot, aufgenommen mit einem Rheolab® Rotationsviskosimeter mit genutetem Zylinder

Fig. 2: Gelatinization curves of triticale coarse meal detected with a Rheolab® rotation viscometer with grooved cylinder

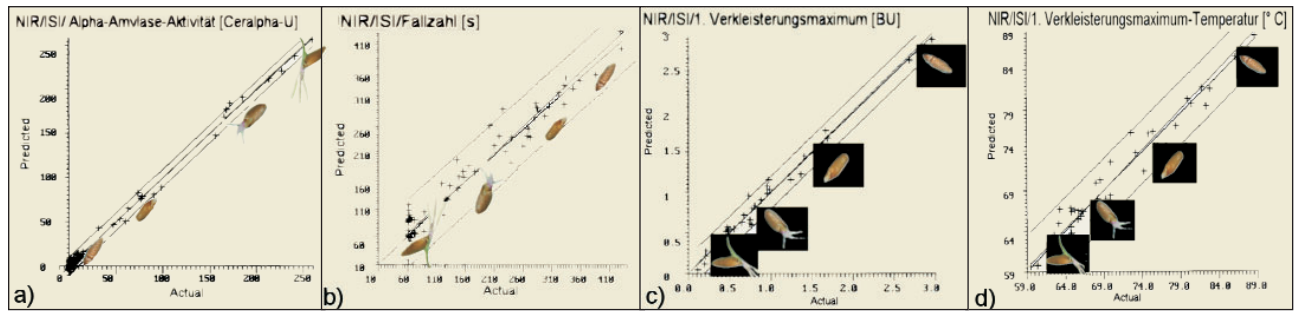


Abb. 3: NIR-Kalibration von Triticaleschrot (NIR-5000 - FOSS®)

- a) α -Amylase-Aktivität [Ceralpha-U]
- b) Fallzahl (7/25) [s]
- c) Verkleisterungskurve - Maximum [BU]
- d) Verkleisterungskurve - Temperatur [°C]

Fig. 3: NIR-calibration of triticale coarse meal (NIR-5000 - FOSS®)

- a) α -amylase activity [Ceralpha-U]
- b) Falling Number (7/25) [s]
- c) Gelatinization curves - maximum [BU]
- d) Gelatinization curves - temperature [°C]

Die mit enzymatischen und rheologischen Methoden an Triticalevollschrot erhaltenen Auswuchsdaten wurden zur Erstellung von NIR-Kalibrationen genutzt. Proben mit und ohne Auswuchsschäden, wie sie bei der Selektion auf Auswuchstoleranz anfallen, ergeben über die NIR-Kalibrierung gute Vorhersagen „auswuchsfest - auswuchsanfällig“. In der Anfangsphase der Keimung auftretende Erhöhungen der α -Amylaseaktivität sind NIR-inaktiv. Voraussetzung für den Einsatz der NIR-Spektroskopie zur Erfassung von Auswuchsschäden sind makroskopische stoffliche Veränderungen, wie z. B. der hydrolytische Abbau von Zellwänden und Stärke in den Karyopsen während der Provokation. In den Abbildungen ist zu erkennen, dass die Aktivität der α -Amylase, die Fallzahl, die Höhe und die Temperatur des Maximums der Verkleisterungskurven unter den oben beschriebenen Bedingungen NIR-spektroskopisch gut zu ermitteln sind (Abb. 3).

Abstract:

In the last years a controlled provocation of cereal caryopses and a mild drying of germs were established as a prerequisite for exact determination of pre-harvest sprouting damages (sprouting resistance). The results of enzymatic and rheological analysis were used for measurement of sprouting parameters by Near-Infrared Reflectance (NIR-) spectroscopy. Useful predictions were observed for α -amylase activity, falling number, as well as gelatinization maximum and temperature of triticale coarse meal.

(BAZ-3343)

1.6 Evaluierung von Genbankmaterial bei Winter- rapen mit dem Ziel der Schaffung von Ausgangs- material zur Herstellung von proteinreichen und qualitativ hochwertigen Futtermitteln bei gleich- zeitiger Nutzung des Öls im Food- und Nonfood- Bereich

**Evaluation of gene bank material in oilseed rape
with the aim of the development of basic material
for the production of protein-rich and high-quality
feed and for simultaneous use of the oil in food
and non-food area**

Jürgens, H.-U.; Flamme, W.

Zielsetzung/Aim:

Das als Koppelprodukt bei der Verarbeitung von Rapssaat anfallende Rapsextraktionsschrot bzw. der Rapskuchen wird zunehmend als proteinreiches Futter verwertet. Gegenstand dieser Untersuchungen ist die Evaluierung von genetischen Ressourcen hinsichtlich wertbestimmender Inhaltsstoffe, wie Rohprotein, essentielle Aminosäuren, Rohfaser und antinutritive Substanzen (Glucosinolate) einerseits und Ölgehalt und Fettsäurezusammensetzung andererseits als Voraussetzung für die Schaffung von Ausgangsmaterial bei Winterrapen für die Erzeugung von proteinreichen und qualitativ hochwertigen Futtermitteln bei gleichzeitiger Nutzung des Öls im Food bzw. Nonfood Bereich.

Rapeseed extraction meal and rape cake as a by-product of oil extraction is increasingly used as a protein-rich component for feeding animals. The subject of these investigations is the evaluation of genetic resources in respect of important ingredients, like crude protein, essential amino acids, crude fibre and antinutritive substances (glucosinolates) on the one hand and oil content and fatty acid composition on the other hand. That is the precondition to cre-

ate germ plasm of winter oilseed rape usable for both the production of protein-rich, high-quality feedstuff and oil for food and non food applications.

Ergebnisse:

Es wurde mit der Bestimmung von wichtigen Inhaltsstoffen im umfangreichen Genbankmaterial von 240 Winterrapsorten, die in den letzten zwei Jahren am Standort Groß Lüsewitz geerntet und vom Institut für landwirtschaftliche Kulturen bereitgestellt wurden, begonnen. Hier sind zu nennen der Ölgehalt durch Extraktion am Soxtec, der Proteingehalt nach Kjeldahl und Dumas und die Fettsäurenbestimmung als FAME.

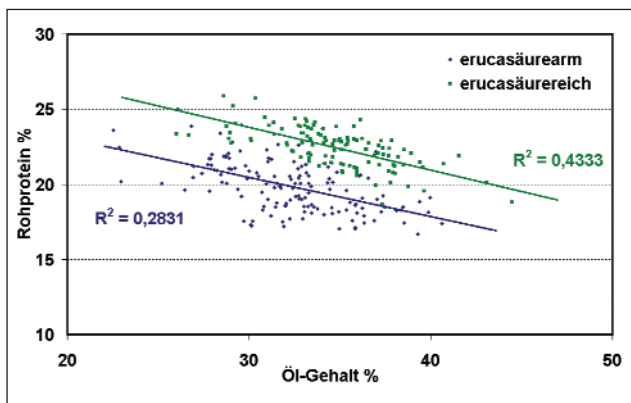


Abb. 1: Variabilität des Rohproteins in Beziehung zum Ölgehalt am untersuchten Genbankmaterial bei Winterraps

Fig. 1: Variability of raw protein in relation to oil content of investigated gene bank material in oilseed rape

Im Allgemeinen besteht beim Raps zwischen Öl- und Proteingehalt eine negative Korrelation. Diese Abhängigkeit konnte auch am untersuchten Material gefunden werden und ist in der Abbildung jeweils für erucasäurearme (00-Raps) und erucasäurereiche Formen dargestellt. Eine Erhöhung der wertbestimmenden Inhaltsstoffe Öl und Protein gleichzeitig lässt sich durch Züchtung dünnschaliger Rapsformen (gelbsamig), die einen geringeren Rohfaseranteil aufweisen, erreichen.

Abstract:

Generally a negative correlation exists between oil and protein content for rape. The first task is it to determine the most important ingredients of comprehensive gene bank material and find correlation crushers. More than 240 samples of oilseed rape are available for this work.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Rudloff, E.

(BAZ-3352)

1.7 Entwicklung eines Industrieroggens bei besonderer Berücksichtigung der Hellekörnigkeit - Analytik

Development of rye for „Non-Food-Applications“ take into account the brightness of kernels-analysis

Flamme, W.; Jansen, G.

Zielsetzung/Aim:

Zur züchterischen Verbesserung der industriellen Verwertbarkeit ist es notwendig, Zusammensetzung und Eigenschaften des Roggenkornes zu analysieren. Die Analyse der Helligkeit/Farbigkeit, des Gehaltes, der Zusammensetzung und Viskosität der Pentosane, der Auswuchsresistenz und der physikalischen Eigenschaften der Roggenkörner sowie die Isolation und Charakterisierung der Stärke soll vornehmlich an Einzelpflanzen bzw. Einzelkörnern vorgenommen werden.

For the improvement of industrial uses of rye it is necessary to analyse composition and properties of rye kernels. The analysis of brightness/colorness, the content, composition and viscosity of pentosans, the sprouting resistance and the physical properties of rye single kernels as well the isolation and characterization of starches are carried out.

Ergebnisse:

Im Rahmen eines Verbundprojektes mit dem Institut für Pflanzenzüchtung der Universität Halle wurden hell- und grünkörnige Roggenformen mit der im Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität erarbeiteten roggen-spezifischen Analytik über drei Jahre untersucht. Die Farbmessungen wurden mit dem LUCI 100 (Fa. Dr. B. Lange GmbH) durchgeführt. Die Software gestattet eine schnelle Analyse der Normfarbwerte, der Farbunterschiede, des Gelbwertes und der Helligkeit. Für die Ermittlung dieser Größen wurde die Analyse von ganzen Körnern, Vollschrot und Mehl gewählt, um auch Rückschlüsse auf die Verteilung der Farbpigmente im Korn zu ziehen. Für die Bestimmung von Feuchte, Gewicht, Dicke und Härte an Einzelkörnern wurde für das SKCS-4100 von PERTEN (Abb. 1a, Tab. a) ein roggen-spezifischer Messablauf angewendet und zum Vergleich als Standardmethode der Struktur- und Härtetester (Fa. Brabender) eingesetzt (Abb. 1b, Tab. b). Die Messdaten des SKCS werden als Mittelwerte und in Histogrammform ausgegeben, ein großer Vorteil bei der Einschätzung der Selektionschancen. Für die Analyse roggen-spezifischer Inhaltsstoffe und Eigenschaften (Protein, Stärke, Pentosane, Extraktviskosität, Amylaseaktivität und Verkleisterungseigenschaften - Auswuchsschäden) wurden züchtungsrelevante Methoden eingesetzt, die auch bei geringem Probengewicht anwendbar sind. Die gewonnenen Analysendaten lassen erkennen, dass beim Roggen sowohl die Sorteneigenschaften als auch der Standort (Xenienefekte eingeschlossen) die Roggenqualität maßgeblich beeinflussen.

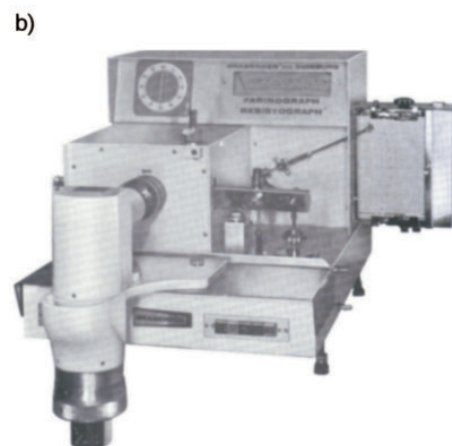
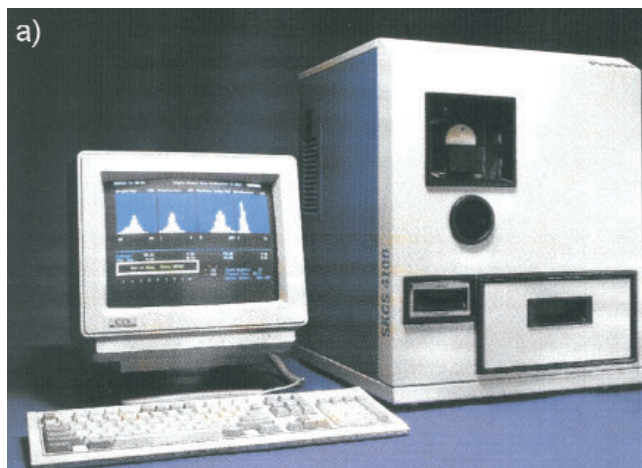


Abb. 1: Indirekte Bestimmung der Vermahlungseigenschaften von Roggen

a) Einzelkorncharakteristik mit dem SKCS 4100 (Fa. Perten); b) Ergebnisse mit dem Struktur- und Härtetester (Fa. Brabender)

Fig. 1: Indirect determination of milling properties of rye

a) single kernel characterization with the SKCS 4100; b) results determined with the hardness and structure tester

Tabelle a

n = 130	Korngewicht [g]	Korndurchmesser [mm]	Härte-Index
Mittelwert	36,0	2,35	46,6
Minimum	27,0	2,00	32,7
Maximum	42,3	2,70	59,0

Tabelle b

n = 130	Zeit (s)	Länge (mm)	Fläche (cm ²)	Höhe (BU)	Arbeit (Nm)
Mittelwert	27,1	90,3	87,5	2456	974
Minimum	23,3	77,7	33,8	1983	376
Maximum	30,7	102,4	102,5	2718	1140

Abstract:

The colour of rye kernels ranges from pigmentless over yellow to green and blue. A visual spectrophotometer was used to determine the colour of caryopses, coarse meal, and flour. The software of LUCI-100 allows to calculate colour, colour differences, brightness, and yellow value. The SKCS-4100, developed in the USA to classify wheat, was adapted to determine weight, diameter, moisture, and hardness on (optimal) 300 individual rye kernels within a sample. SCKS-data were closely correlated with manually determined data (Fig. 1a, b). Methods were developed, adapted and used for analysis of rye single plants and single kernels.

(BAZ-3341/1)

1.8 Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Evaluation of agricultural crops with regard to their potential of marketable natural pigments

Jansen, G.; Flamme, W.

Zielsetzung/Aim:

Evaluierung von genetischen Ressourcen von Kartoffeln und Getreide im Hinblick auf die Erschließung von neuen Quellen zur Herstellung von natürlichen, nicht-toxischen Farbstoffen. Verfügbare Mengen an Farbstoffen in ganzen Knollen, Getreidekörnern und deren Verteilung sollen ermittelt werden. Besonderer Wert wird auf Anthocyan-Farbstoffe mit blauen bis violetten Tönen gelegt, da in diesem Farbbereich sowohl in der Industrie als auch im Lebensmittelbereich Bedarf besteht.

Evaluation of genetic resources of potatoes and cereals in view of opening up new resources to produce natural, non toxic pigments.

The available amount of pigments in potato tubers and cereal grains will be detected and the distribution, too. Anthocyan-pigments with blue until violet tone are valuable, because they are needed in industry and in food area.

Ergebnisse:

Bei der Evaluierung von Kartoffelgenbankmaterial bezüglich des Farbstoffgehaltes in den Knollen wurden aussichtsreiche Kartoffelherkünfte mit hohen Farbstoffkonzentrationen, die für eine Farbstoffextraktion wirtschaftlich interessant erscheinen, gefunden. Im Schalenbereich wurden höhere Anthocyangehalte ermittelt als im Kartoffelfleisch (Abb. 1). Für einige Herkünfte konnten Gehalte von über 3 g Farbstoff/kg Frischmasse in der Schale auch in diesem Jahr bestätigt werden. Erstmals wurden in die Untersuchungen Zuchtstämme der Fa. NORIKA einbezogen. Durch Anbauversuche wurde nachgewiesen, dass die ausgeprägten Sortenunterschiede nur geringfügig durch Umwelteinflüsse wie Düngung und Standort beeinflusst wurden, so dass Rohware mit gleichbleibender Qualität erzeugt werden kann. Für einige Genotypen liegen mit der Untersuchung der Anbauversuche Ernte 2003 bereits 3jährige Ergebnisse vor. Eine ganzjährige Nutzung der Kartoffel für die Farbstoffisolierung wäre möglich, da der Farbstoffgehalt während der Lagerung weitgehend stabil bleibt. Neben Versuchen einer Konzentrationsanreicherung durch Schälung werden weitere Alternativen, wie z. B. Trocknungsversuche, geprüft. Mit der Vermehrung und dem An-

bau von farbigem Getreide für künftige Untersuchungen wurde bereits begonnen. Bei ersten Untersuchungen wurden Farbstoffkonzentrationen im farbigen Getreide gefunden, die gegenüber den Konzentrationen in farbigen Kartoffeln vergleichsweise zu gering erscheinen. Eine erfolgversprechende Anreicherung der Farbstoffe in bestimmten Mahlfractionen des Getreides kann erst nach der Bereitstellung von Untersuchungsmaterial in größerem Umfang erfolgen.

Abstract:

Within the investigated potato gene bank material promising potato species for extraction of colour pigments were found. Higher pigment concentration has been found in the skin (> 3 g/kg) than in the flesh of the tubers. Differences between varieties are slightly affected by environmental conditions such as fertilization and location. The raw material can be produced with constant quality and can be used all-the-year because no losses were found during storage. Different possibilities to concentrate the colour pigments in the basic material were tested, such as peeling or drying. First propagation and cultivation of coloured cereal began. In comparison with coloured potatoes there are not so much colour pigments in coloured cereals. But it seems to be possible to get a higher concentration by use of different grain fractions. Therefore, more material is needed for these investigations.

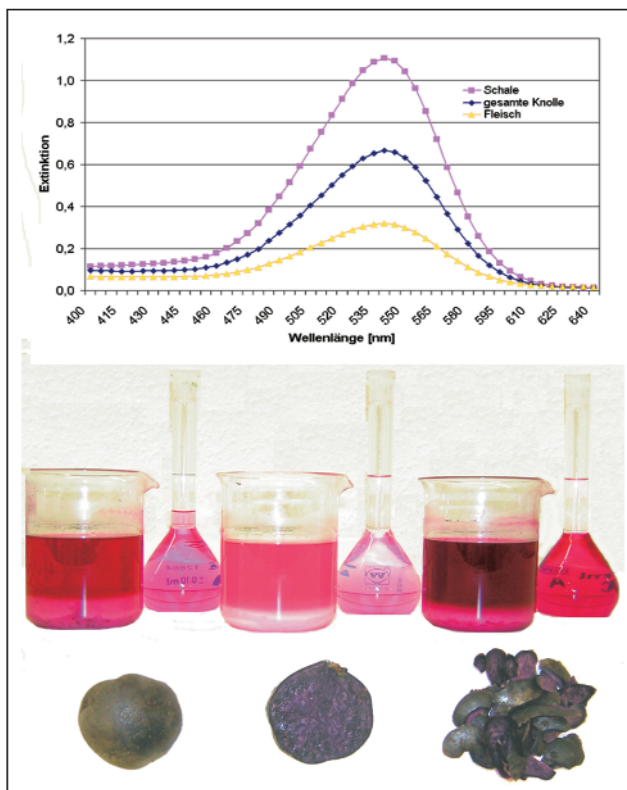


Abb. 1: Farbstoffgehalte in ganzen Knollen, Kartoffelfleisch und -schale

Fig. 1: Content of colour pigments in whole tubers, potato flesh and potato skin

(BAZ-3342)

1.9 Untersuchung des Einflusses des genetischen Hintergrunds auf die durch eine *Erwinia* Pektatlyase induzierte Resistenz in transgenen Kartoffeln
Investigation of the influence of the genetic background on the resistance induced by an *Erwinia* pectate lyase in transgenic potatoes

Wegener, C.

Zielsetzung/Aim:

Nachkommen aus Kreuzungsexperimenten mit Pektatlyase (PL3)-transgenen Kartoffeln der Sorte Désirée werden im Gewächshaus angebaut. Es soll untersucht werden, inwieweit die Expression des PL-Proteins und deren Auswirkungen auf die Resistenz des Knollengewebes gegenüber der *Erwinia*-Nassfäule vom genetischen Hintergrund beeinflusst wird. Einzelne pflanzliche Abwehrreaktionen werden näher betrachtet (PPO-, PAL-Aktivität etc.).

Progenies of crossing experiments with pectate lyase (PL3)-transgenic potato plant lines of cv ‘Désirée’ will be grown in the greenhouse. It will be analysed how far the expression of the PL protein and its effect on the soft rot resistance of tuber tissue is affected by the genetic background. Furthermore, individual plant defence responses will be investigated (PPO, PAL activity etc.).

Ergebnisse:

Drei transgene Linien der Sorte 'Désirée', die das Gen der Pektatlyase (PL) 3 exprimieren und daher eine verbesserte Nassfäule-Resistenz zeigen, sind mit den weniger resistenten Sorten 'Adretta' und 'Agave' gekreuzt worden. Die Kreuzungsnachkommen (Abb. 1) wurden unter züchterischen Gesichtspunkten selektiert und hinsichtlich PL-Expression sowie Nassfäule-Resistenz untersucht. Unter den 38 selektierten Nachkommen waren 11 nicht-transgene und 27 Linien, die das PL3-Protein stabil produzieren. Die in ihrem Gewebe gemessenen Enzymaktivitäten waren denen der drei PL-transgenen Eltern-Linien vergleichbar, z. T. sogar etwas höher. Im Vergleich zu den drei Eltern-Sorten ('Désirée', 'Agave' und 'Adretta') hatten die PL-aktiven Nachkommen eine deutlich verbesserte Nassfäule-Resistenz. Außerdem waren sie signifikant resistenter als die PL-inaktiven Nachkommen. Unter ihnen waren sogar einzelne Linien, die das Resistenz-Niveau der drei PL-transgenen Kreuzungseltern erreichten. Im Knollengewebe der PL-transgenen Nachkommen war die PAL-Aktivität signifikant erhöht, was auf eine aktive pflanzliche Abwehr schließen lässt.

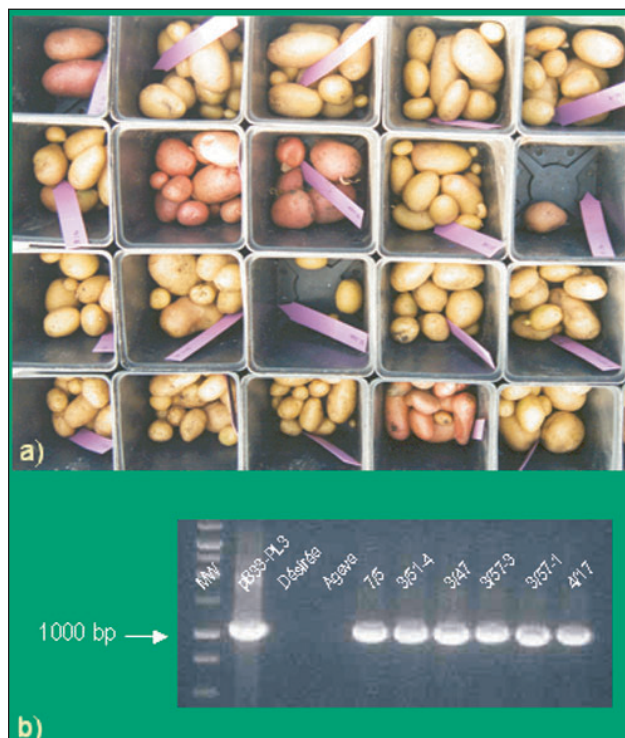


Abb. 1: Knollen der Nachkommen (a) sowie Nachweis eines pel3 Gen Inserts mittels RT-PCR (b)

Fig. 1: Tubers of the progenies (a) and detection of a pel3 gene insert by RT-PCR (b)

Bisher war eine stabile PL-Expression sowie eine damit einhergehende Resistenzinduktion nur in der Sorte 'Désirée' nachgewiesen worden. Diese Ergebnisse zeigen nunmehr, dass eine PL-vermittelte Resistenz gegenüber der *Erwinia*-Nassfäule auch in einem anderen genetischen Hintergrund funktioniert. Allerdings wird dieser das Resistenzniveau, welches letztlich durch einen solchen molekularen Ansatz erreicht wird, bestimmen.

Abstract:

Three transgenic lines of cv 'Désirée' that express the gene of the pectate lyase (PL) 3 leading to an enhanced soft rot resistance were crossed with the less resistant cvs 'Adretta' and 'Agave'. Progenies of these crosses (Fig. 1) were selected with respect to plant/tuber characteristics and analysed for PL-expression and soft rot resistance. Among the 38 selected progenies were 11 non-transgenic and 27 lines that revealed a stable expression of the PL3 protein. The enzyme activities expressed in their tissue were similar to those of the PL-transgenic, parental lines. Compared to the parental cvs ('Désirée', 'Agave' and 'Adretta') the PL-active progenies revealed a notable enhanced soft rot resistance. They were also more resistant than the non-transgenic progeny lines. Among them were individual progenies that reached the high resistance level of the PL-transgenic, parental lines. The PL-expressing lines exhibited also an enhanced PAL activity, indicating an active plant defence. Hitherto a stable PL-expression combined with an induction of resistance responses was only confirmed in the cv 'Désirée'. These results show now, that a PL-mediated soft rot resistance functions also in another genetic background. However, the resistance level which is finally reached by such a molecular approach will be determined by the latter.

(BAZ-3339)

Institut für gartenbauliche Kulturen

Institute of Horticultural Crops

Quedlinburg

Die Geschichte der deutschen Pflanzenzüchtung ist eng mit der Stadt Quedlinburg verbunden. Bereits im Mittelalter wurden die natürlichen Vorzüge des Standortes für den Gartenbau genutzt und die Entwicklung des Samenbaues erreichte Mitte des 19. Jahrhunderts einen ersten Höhepunkt. Das 1947 gegründete Institut für Pflanzenzüchtung griff diese Tradition auf und vereinte praktische Pflanzenzüchtung und Züchtungsforschung. Während dieser Zeit wurden 144 Gemüsesorten und 149 Sorten von insgesamt 14 Zierpflanzenarten gezüchtet. Das Institut für gartenbauliche Kulturen ist aus dem Zusammenschluss der 1992 gegründeten Institute für Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzenzüchtung und für Züchtungsmethodik bei Gemüse hervorgegangen.

Unsere heutige Gesellschaft fordert gesunde und schmackhafte landwirtschaftliche und gartenbauliche Produkte aus einer sozial- und naturverträglichen, im Hinblick auf kommende Generationen nachhaltigen Form der Landbewirtschaftung. Vor diesem Hintergrund sind die Arbeiten zur Züchtungsforschung des Institutes darauf gerichtet, Bedingungen für eine ökonomisch effektive Pflanzenzüchtung und einen ökologisch verträglichen Gartenbau zu schaffen. Besondere Aufmerksamkeit gilt der Resistenz gegenüber Schaderregern, einer verbesserten, verbraucherorientierten Produktqualität und der Erschließung neuer genetischer Ressourcen.



Abb. 1: Blütenstand von *Alstroemeria ligtu*, natürliche Verbreitung in Chile

Fig. 1: Flowers of *Alstroemeria ligtu*, endemic in Chile

Die Aufgaben des Institutes schließen sowohl die Entwicklung von neuen Resistenzdonor, als auch die Optimierung und Adaptierung neuer Methoden und Strategien für die Züchtung gartenbaulicher Kulturpflanzen ein. Dabei steht die Integration von Verfahren der klassischen Züchtung, der pflanzlichen Zell-, Gewebe- und Organkultur sowie der Molekularbiologie im Mittelpunkt der Züchtungsmethodik. Die Auswahl der bearbeiteten Kulturarten richtet sich nach dem züchterischen Forschungsbedarf und ihrer wirtschaftlichen Bedeutung. Unter dieser Maßgabe werden gegenwärtig Gemüseformen aus den Gattungen *Brassica*, *Raphanus*, *Allium* und *Daucus* sowie ausgewählte Arznei- und Gewürzpflanzen bearbeitet.

Im Rahmen mehrjähriger Untersuchungen zur Resistenz verschiedener Gemüsebrassicaceen gegenüber Kohlhernie (*Plasmodiophora brassicae*) wurden unter bevorzugter Nutzung von Rassenmischungen mehr als 500 Genbankherkünfte, Zuchtlinien, leistungsfähige Hybridsorten sowie umfangreiche Sortimenten von somatischen Hybriden evaluiert bzw. hinsichtlich ihres Anfälligkeitsverhaltens charakterisiert. Effektive Resistenzträger konnten ermittelt und in das Prebreeding überführt werden. Erstmals wurde deutschlandweit die Erhebung eines Virulenzspektrums durchgeführt, wobei aus insgesamt 47 Freilandisolaten 27 unterschiedliche Rassenpopulationen nach dem ECD-Verfahren codiert werden konnten. Vererbungsanalysen ergaben, dass in *Raphanus* Majorgene für absolute Resistenz vorhanden sind. In anfälligen *Brassica oleracea*-Kulturformen konnten „kryptomere“ Resistenzen ermittelt werden, die kontinuierlich spalten und auf schwach wirksamen, stark auf um-

welt- und erregbedingte Einflüsse reagierenden Erbfaktoren beruhen. Ihre systematische Anreicherung und Stabilisierung setzt jedoch zeit- und arbeitsaufwendige konventionelle sowie moderne Pre-breeding- und Züchtungsmethoden voraus.

Möhre (*Daucus carota*) und Sellerie (*Apium graveolens*) gehören weltweit zu den wirtschaftlich bedeutendsten Apiaceen. Vor diesem Hintergrund gibt es umfangreiche Aktivitäten, im Rahmen von Züchtungsforschung und Züchtung die Qualitätseigenschaften dieser Arten zu verbessern bzw. zu kombinieren. Von besonderer Bedeutung sind dabei Resistenzen gegen pilzliche und tierische Schaderreger und die Entwicklung geeigneter Hybridsysteme. Die konventionelle Einkreuzung ist schwierig oder überhaupt nicht möglich. Die einzige Möglichkeit der Überwindung dieser Schwierigkeiten bietet die somatische Hybridisierung. Dabei besteht das Interesse weniger in der Übertragung des kompletten Genoms, als vielmehr in der Übertragung einzelner Kern-DNA-Bereiche. Im Gegensatz zu sexuellen Artkreuzung wird in hohem Maße auch mitochondriale und plastidäre DNA übertragen. Auf diesem Wege werden Pflanzen mit neuer genetischer Variabilität sowohl des Plasmons, als auch des Genoms der Möhre und des Selleries geschaffen. Erste Regeneratpflanzen aus der somatischen Hybridisierung zwischen *Daucus carota* und *Apium graveolens* konnten gewonnen werden, deren molekularen Charakterisierungen noch ausstehen

Zahlreiche Wissenschaftler des Instituts nahmen auch im Jahr 2003 an Tagungen im In- und Ausland teil und konnten mit eigenen Beiträgen Ergebnisse der Forschungsarbeit des Instituts darlegen. Eine gemeinsame Tagung, zusammen mit der GPZ im Oktober war der „Züchtung von Arznei- und Gewürzpflanzen mit antimikrobiellem und antioxidativem Potenzial“ gewidmet. Zahlreiche Arten dieser Spezialkulturen verfügen über Inhaltsstoffe, die das Wachstum von Pilzen und Bakterien (antimikrobiell) hemmen, den Verderb von Lebensmitteln - z. B. von Fett - (antioxidativ) aufhalten und im Stoffwechsel des Körpers entstehende freie Radikale „entgiften“, die Zellen schädigen und im Extremfall Krebs auslösen können. In zunehmendem Maße werden auf diesen Naturstoffen beruhende Präparate für die Bereiche Human- und Veterinärmedizin, Lebensmittel und Kosmetik entwickelt. Sie finden heute bereits Verwendung beim Ersatz der in die Kritik geratenen Antibiotika, die als Leistungsförderer dem Tierfutter zugesetzt werden. Im Institut laufen Arbeiten zur Züchtungsforschung an Bohnenkraut und Thymian, die für die neue Nutzungsrichtung besondere Bedeutung haben.

Im November fand im Institut das Abschlussmeeting des EU-Projektes GENRES-CT99-105 „Die Zukunft der europäischen Möhre“ statt. Im Rahmen des zweitägigen Meetings wurden die Charakterisierungs- und Evaluierungsergebnisse der einzelnen Projektpartner vorgestellt und diskutiert. Mit Projektabschluss liegt eine on-line verfügbare Datenbank zu den in europäischen Genbanken vorhandenen genetischen Ressourcen der Gattung *Daucus* vor (http://www.hri.ac.uk/gru/gen_res/genres.htm). Neben den genbankrelevanten Passportdaten, sind hier eine Vielzahl von Daten zu morphologischen Merkmalen, Daten aus Resistenzuntersuchungen sowie anderen Qualitätsparameter abrufbar.

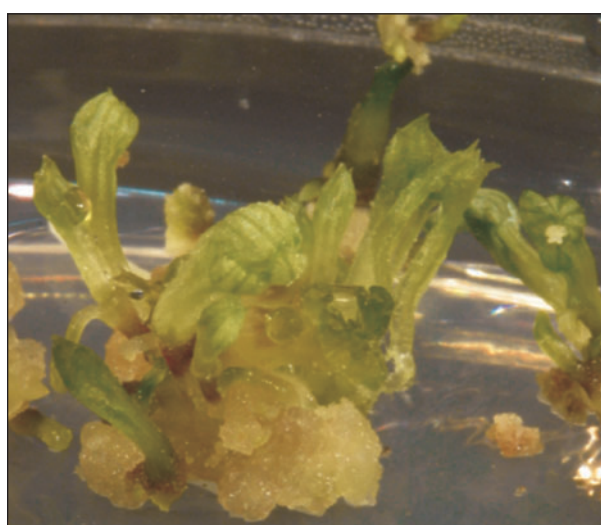


Abb. 2: Sprossdifferenzierung aus somatischem Hybridkallus von *Daucus*

Fig. 2: Differentiation of shoots from somatic hybrid callus of *Daucus*

The history of plant breeding in Germany is closely connected with the town Quedlinburg. In the middle of the 19th century, Quedlinburg was the home of many gardeners and plant breeding companies. In 1947, an Institute of Plant Breeding was founded, which concentrated on both basic research and applied research. The research results of this Institute found their practical application in the breeding of 144 vegetables and 149 ornamental varieties of 14 ornamental plant species. The Institute of Horticultural Crops originated from the merger of two BAZ institutes founded in 1992, the Institute for Breeding of Vegetables, Medicinal and Aromatic Plants and the Institute for Breeding Methods in Vegetables.

Modern Society demands healthy and tasty agricultural and horticultural food produced by sustainable farming systems that respect nature. For this reason, breeding research carried out by the institute is aimed at providing the conditions for an economically efficient plant breeding and an ecologically balanced horticulture. Special emphasis is given to the resistance to pathogens, a better product quality for the consumer and the utilization of new genetic resources. The main objectives of the institute encompass the generation of new resistance donors, the development and adaptation of novel technologies and breeding strategies for a genetic improvement of horticultural crops. In the field of breeding methodology, the institute favours an integrated approach of combining classical breeding procedures with plant cell culture, tissue and organ culture and molecular biological techniques. The range of species investigated is determined by the research requirements and their economic importance. At present, the main focus is on vegetable forms of the genera *Brassica*, *Allium* and *Daucus* as well as on selected medicinal and aromatic plants.

Within a more-year-cycle of investigations on resistance reactions against clubroot (*Plasmodiophora brassicae*) in vegetable brassicas, especially by using race mixtures for inoculation, more than 500 genebank accessions, breeding lines, high yielding F₁-hybrids as well as extensive assortments of somatic hybrids have been evaluated respectively characterized with regard to their resistance manifestation. Effective resistance donors could be detected and transmitted into prebreeding cycles. For the first time, a Germany-wide research on the virulence spectre of the pathogen has been carried out which resulted 47 field-collected isolates containing 27 different ECD-coded race populations. Inheritance studies showed that in *Raphanus* major factors governing absolute resistance are available. In susceptible *Brassica oleracea* culture forms, „cryptomere“ resistance was detected, which bases on weakly reacting factors segregating continuously and underlying influences caused by environment and pathogen aggressivity. A systematic accumulation of the gene response as well as the stabilisation of resistance expression supposes time- and labour-intensive conventional and modern prebreeding and breeding techniques.

Carrot (*Daucus carota*) and celery (*Apium graveolens*) are the economically most important *Apiaceae* worldwide. Against this background both species are subject of intensively breeding and breeding research to improve or combine quality parameters. Resistance against fungi diseases, invertebrate pests and the development of new hybrid systems are of particular importance. The conventional transfer of genes is restricted owing to sexual crossing barriers. This limitation can be overcome by using somatic hybridization. The protoplast fusion offers fascinating possibilities since in difference to a sexual cross there could be a fusion not only of nuclear DNA but also of plastid and mitochondrial DNA. By using of this way can be extend the genetic variabilities of plasmon as well as genome of both carrot and celery. First somatic hybrids from the fusion combination *Daucus carota* and *Apium graveolens* were produced. The molecular characterisation of this plants is in progress.

In 2003, scientists of the Institute continued to participate in numerous conferences at home and abroad and communicated the achievements of crop plant research in various presentations. The institute together with GPZ organised a conference on „Breeding of Medicinal and Aromatic Plants with Antimicrobial and Antioxidative Properties“ in October. Numerous species of these minor crops have constituents which inhibit the growth of fungi and bacteria (antimicrobial), retard deterioration of food- e.g. fett - (antioxidative) and „detoxify“ free radicals emerging in the metabolism of the body and being capable to damage the cells and to provoke cancer in extreme cases. Increasingly preparations basing on natural material are being developed for human and veterinary medicine, food and cosmetics. They are currently already used as substitutes for the increasingly criticised antibiotics used as growth stimulator in animal feed. Ongoing projects of the institute are concerned with summer savory and thyme which are particular important for the new field of utilisation. The final meeting of the EU-project GENRES-CT99-105 „The Future of European Carrot“ was held in November in the institute. Results of characterisation and evaluation were presented and discussed during the meeting from the individual partners. The project highlight is the developed on-line available European carrot database of the genetic resources of the genus *Daucus* in the European gene banks. (http://www.hri.ac.uk/gru/gen_res/genres.htm). Besides the gene bank relevant passport data a large number of informations about morphological traits, resistances as well as quality parameters may be recallable.

1. Evaluierung und Erschließung resistenzgenetischer Ressourcen **Evaluation and opening up of genetic resources of resistance**

1.1 Untersuchungen zur Manifestierung der *Alternaria*-Symptomausprägung in Brassicaceen, unter besonderer Berücksichtigung von *Sinapis spec.* **Studies on symptom manifestation in Brassicaceae caused by *Alternaria* pathogens with special regard to *Sinapis spec.***

Scholze, P.; Marthe, F.; Nothnagel, Th.

Zielsetzung/Aim:

Das Projekt setzt sich zum Ziel, unter Berücksichtigung von Untersuchungen zur Erreger- und Wirtsvariabilität einen Beitrag zu den Ursachen der variierenden Symptomausprägung zu leisten. Es wird angestrebt, Donoren mit stabiler Resistenz zu evaluieren, die sich für Vererbungsanalysen und effektivere Übertragung in Kulturformen der Brassicaceae eignen. Dabei sollen vor allem Herkünfte von *Sinapis spec.* berücksichtigt werden.

With regard to the variability in the pathogen as well as in the host, the aim of the project is to contribute to find out causes of the different symptom expression. Donors exhibiting stable resistance that may be used in inheritance analyses and in attempts to transfer resistance into culture forms of the family Brassicaceae. For studies particularly *Sinapis spec.* will be used.

Ergebnisse:

Bei den Evaluierungen des umfangreichen Gaterslebener Sortiments ließ sich die seit längerem bekannte Tatsache prinzipiell bestätigen, dass in der Gattung *Sinapis*, speziell

der Art *S. alba* und ihren taxonomischen Unterkategorien Widerstandskraft gegen die Alternarien präformiert ist. Diese „Resistenz“ (besser interpretiert als verminderte Anfälligkeit) manifestiert sich derart, dass sie in allen *Sinapis*-Genotypen variiert, die Variationsamplitude aber einen relativ engen Bereich umfasst und sich so nur geringfügig unterscheidende durchschnittliche Befallsreaktionen explizieren. Genotypen- und umweltbedingte Schwankungen der Befallsintensität waren zu belegen und statistisch zu sichern, sie bewegten sich jedoch im wesentlichen im mäßig bis stärker anfälligen Bereich. Phänotypisch resistent (Krankheitsindex 0...1) reagierende Einzelpflanzen konnten selektiert werden, aber in den Nachkommenschaften ließ sich der Resistenz-Response der Elternpflanzen nicht bestätigen. Es ist daher davon auszugehen, dass die in den *Sinapis*-Formen präformierten resistenzgenetischen Grundlagen sehr instabil sind. Diese werden in starkem Maße von matrikalen Faktoren modifiziert (etwa Blattmorphologie, Wachsschichten, Phytoalexin-Freisetzungen, Ernährungszustand des Wirts). Weitere modifizierende Faktoren gehen von der variierenden Aggressivitätspotenz des Erregers aus, gleichwohl ist über deren Ausmaße bislang noch wenig bekannt. Aufgrund dieser Voraussetzungen sind die bisherigen Misserfolge bei Versuchen, die *Sinapis*-„Resistenz“ in leistungsfähige Sorten zu übertragen, erklärbar.

Daraus resultiert auch die bisher geringe Kenntnis über den Resistenztyp und seine Vererbung. In kompatiblen Kombinationen mit semisaprophytischen Erregern wie den brassicaceenspezifischen Alternarien reagieren die Wirte im allgemeinen mit kontinuierlich abgestuften Befallsmanifestierungen als Ausdruck quantitativer Resistenz-Virulenzgen-Wechselwirkungen. Amerikanische Autoren (King, S. R.; Dixon, M.H. Cruciferae Newsletter 16, 126-127, 1994) ermittelten über ein Diallel, dass in *Brassica*

oleracea-Kulturformen sowohl additive als auch (unvollständige) Dominanz vorherrschen und halten die Entwicklung resistenter Linien für realisierbar, aber über später zugelassene Sorten ist nichts bekannt geworden. In dem von uns untersuchten *Sinapis*-Material ist von ähnlichen Resistenz/virulenzgenetischen Voraussetzungen auszugehen. Auch wenn noch keine exakten Untersuchungen zur Vererbung vorliegen, dürfte aber wegen der geringen Variationsbreite des Merkmals „Resistenz“ und seiner bei allen Herkünften relativ gleichmäßigen Klassifizierung im Bereich der mäßigen bis stärkeren Anfälligkeit sowie der hohen Umweltmodifikabilität kaum mit Selektionserfolgen zu rechnen sein. So bleibt als Option für die Kontrolle der Alternarien bei Brassicaceen vorerst nur, neben der weiteren Suche nach geeigneten Resistenzträgern in systematischer Nähe zu *B. oleracea*, alle technischen Möglichkeiten (Protoplastenfusion, Gentransfer) zu nutzen, die Resistenz in den entfernteren Verwandten (etwa *Camelina sativa*-Herkünften) auch in Gemüse-Kulturformen zu übertragen.

Abstract:

Investigations confirmed our knowledge that in *Sinapis* spec., especially in *S. alba* and its taxonomic subcategories, resistance against the *Alternaria* pathogens is mediated. This „resistance“ (better interpreted as reduced susceptibility) is expressed in a variable manner, but the manifestation amplitude as well as the difference between the average disease reactions are very small. Significant variation in disease reaction caused by genotypic and environmental factors could be verified, but it took place essentially in ranges classified as moderately or higher susceptible. Single plants which showed phenotypically „resistant“ (Disease index 0...1) could be selected but their progenies unexceptionally exhibited a moderately susceptible response. It may be pointed out therefore that the genetic basis matching reduced susceptibility in the *Sinapis* spec. is very instable. It is modified in a strongly manner by host factors (leaf morphology, waxy layer, phytoalexin production, nutritional status in the host). Other modifying impacts result from the changing aggressivity in the pathogen (Scholze unpublished data), nevertheless there is only few knowledge on its dimensions. Because of these premises, failure in attempts to transfer *Sinapis*-'resistance' into high yielding cultivars are explicable.

From this also results little knowledge about the type of resistance and its inheritance. In compatible combinations between semi-saprophytic pathogens as the Cruciferae-specific *Alternaria* pathogens, hosts in generally exhibit continuously graded disease reactions indicating a quantitatively directed resistance/virulence-interrelation. By American researchers (King, S.R.; Dixon, M.H. Cruciferae Newsletter 16, 126-127, 1994) it was found that, in *B. oleracea* culture forms, additive gene response as well as partial dominance is prevalent and it may be possible to breed resistant lines, but there is no information on whether resistant cultivars have been released in the following years. We suppose similar resistance/virulence conditions in *Sinapis* material evaluated in our screenings.

Even though more exact inheritance analyses are necessary, it should be clear until now that, because of the small ranging of the trait „resistance“, its equal moderately or more susceptible manifestation as well as its sensitivity to environmental impacts, successful breeding of improved varieties cannot be expected in the next years.

As an option for controlling cruciferous Alternarias remains, first of all, to search for further sources of suitable resistance in material more distantly related to *B. oleracea* (for instance in *Camelina sativa* accessions), to characterize the genetic basis followed by transferring resistance matching gene (genes) into vegetable culture forms by utilizing modern techniques (somatic hybridisation, gene transfer).

In Zusammenarbeit mit: Willner, E., IPK Gatersleben, Außenstelle Malchow

(BAZ-1142)

1.2 Etablierung und Charakterisierung von Resistenz gegen unterschiedliche *Turnip mosaic virus* (TuMV)-Pathotypen bei Gemüseformen der Brassicaceae

Establishment and characterization of resistance to different *Turnip mosaic virus* pathotypes (TuMV) in vegetable forms of Brassicaceae

Krämer, R.; Marthe, F.; Klocke, E.; Ryschka, U.; Schumann, G.

Zielsetzung/Aim:

Die Aufgabe besteht in der Entwicklung von neuen Donoren bei *Brassica*, die gegen das Kohlschwarzringflecken-Virus (*Turnip mosaic virus*, TuMV) resistent sind. Zur Etablierung von Resistenz gegen unterschiedliche Pathotypen des TuMV in Linien von *Brassica*-Gemüseformen (primär Kopfkohl) werden die Tests und Selektionen fortgesetzt. Der Resistenztransfer erfolgt durch konventionelle Kreuzungen sowie durch somatische Hybridisierungen und gentechnische Methoden.

The development of new donors in *Brassica* with resistance to *Turnip mosaic virus* (TuMV) will be continued. There will be carried out a screening and selection program for the improvement of resistance to different TuMV pathotypes in lines of *Brassica* vegetable forms (primarily cabbage). Transfer of the resistance will be done both by conventional and biotechnological methods.

Ergebnisse:

Der Befall von Kopfkohl mit dem *Turnip mosaic virus* (TuMV) führt nachweislich sowohl zu Ertragsausfällen als auch zu qualitätsmindernden Gewebenekrotisierungen. Vor dem Hintergrund einer nachhaltigen Verbesserung der Produktqualität von Kohlgemüse, konnten in *Brassica oleracea* und in *Raphanus sativus* Resistenzen gegen unterschiedliche TuMV-Pathotypen erschlossen werden. An-

Tab. 1: Homozygote Linien von *Brassica oleracea* mit Resistenz gegen unterschiedliche TuMV-Pathotypen

Table 1: Homozygous lines of *Brassica oleracea* with resistance to different TuMV pathotypes

<i>Brassica oleracea</i> -Linien Herkunft		Anzahl	Reaktion gegen <i>Turnip mosaic virus</i>	
			TuMV-Isolat 2 Pathotyp 4 Infektionsraten (%)	TuMV-Mix 1 Pathotypen 1, 4, 6 Infektionsraten (%)
Weißkohl Landsorte				
	3520 I ₈ resistent	4	0	n.g.
	3520 I ₈ resistent	1	17,1	n.g.
	3520 I ₈ anfällig	5	100	n.g.
Primitivformen Madeira				
	A 138 I ₆ resistent	4	n.g.	0
	A 141 I ₆ resistent	3	n.g.	0
Anfälligkeitsstandards				
	Chinakohl 'Asko'	1	100	100
	Weißkohl 'Krautman'	1	100	100

Tab. 2: Vergleich der Infektionsraten (%) in *Brassica oleracea*-Linien nach mechanischer Inokulation (Standort Quedlinburg) und unter natürlichem Befallsdruck (Standort Aschersleben) zur Charakterisierung der Stabilität der TuMV-Resistenz

Table 2: Comparison of infection rates in lines of *Brassica oleracea* after mechanical inoculation (experimental field station Quedlinburg) and after exposition to viruliferous aphids (experimental field station Aschersleben) for characterisation the durability of resistance to TuMV

<i>Brassica oleracea</i> -Linien		Anbauort Quedlinburg mechan. Inokulation Infektionsraten (%)	Anbauort Aschersleben Aphidenbefall Infektionsraten (%)
Herkunft	TuMV-Resistenzstatus		
Weißkohl Landsorte			
	3520 /9r	resistent	0
	3520 /25r	resistent	0
	3520 /14a	anfällig	100
	3520 /23a	anfällig	100
Primitivformen			
	A 138 /102 /4	resistent	0
	A 138 /103 /3	resistent	8,6
	A 141 /107 /14	resistent	26,5
Anfälligkeitsstandards			
	Chinakohl 'Asko'	anfällig	100
	Weißkohl 'Krautman'	anfällig	100

schließend wurde mit unterschiedlichen Strategien und Methoden versucht, die TuMV-Resistenz in *B. oleracea* dauerhaft zu etablieren bzw. aus *Raphanus* in *B. oleracea* stabil zu übertragen.

In *B. oleracea* '3520' (Weißkohl Landsorte) wurde die Entwicklung homozygoter Linien mit Resistenz gegen das hoch virulente TuMV-Isolat 2 (Pathotyp 4) abgeschlossen. Durch sukzessive Selektionen virusfreier bzw. viröser Einzelpflanzen und wiederholten Prüfungen in deren Selbstungsnachkommenschaften konnten 4 homozygot resistente bzw. 5 homozygot anfällige '3520'-Linien (I₈) etabliert werden (Tab. 1).

Des Weiteren erfolgte in zwei *B. oleracea*-Primitivformen (A 138 und A 141) die Entwicklung von insgesamt 7 homozygoten Linien mit Resistenz gegen einen Mix aus 5 TuMV-Isolaten (Pathotypen: 1, 4 und 6). Für die Resistenztests wurden die Pflanzen mechanisch mit TuMV inokuliert und unter Freilandbedingungen am BAZ-Standort Quedlinburg angebaut. Zur Beurteilung der Stabilität der Resistenz wurden ausgewählte Linien am BAZ-Standort Aschersleben dem natürlichen Befallsdruck durch viröse Aphiden ausgesetzt. Nahezu alle Pflanzen in den homozygot resistenten Linien wiesen sowohl nach mechanischer Inokulation als auch nach Virusübertragung durch Aphiden keine Krankheitssymptome auf und waren dementsprechend auch im DAS-ELISA negativ (Tab. 2). Die Infektionsraten (Anteil infizierter Pflanzen) lagen vergleichbar niedrig, so dass davon ausgegangen werden kann, dass die entsprechenden Linien auch im Feldanbau ihr hohes TuMV-Resistenzniveau halten können (Tab. 2). Dem gegenüber zeigten die als Anfälligkeitsstandards eingesetzten Sorten 'Krautman' (Weißkohl) und 'Asko' (Chinakohl) Infektionsraten von 100 % (Tab. 2).

Zur weiteren Charakterisierung der TuMV-Resistenz in den selektierten *Brassica oleracea*-Linien, wurde die Virusverteilung in den Pflanzen in Abhängigkeit vom jeweiligen Resistenzstatus untersucht. Dazu wurden die Pflanzen 231 Tage nach der Inokulation

(dpi) in Segmente (ca. 2 cm) zerlegt und im DAS-ELISA getestet. Ausgewählte Proben wurden anschließend im Biotest auf *Nicotiana glutinosa* übertragen und die Blätter nach vierwöchiger Inkubation ebenfalls im DAS-ELISA getestet. In TuMV-anfälligen Pflanzen, die systemische

Chlorosen bzw. Mosaiksymptome aufwiesen, war das Virus in allen Pflanzenteilen nach 231 dpi im DAS-ELISA nachweisbar (Tab. 3). Alle Proben von den als resistent selektierten Pflanzen waren zu diesem Zeitpunkt sowohl im DAS-ELISA als auch im Biotest negativ (Tab. 3).

Tab. 3: TuMV-Verteilung in anfälligen und resistenten Pflanzen aus *Brassica oleracea*-Linien der Weißkohllandsorte '3520'

Table 3: Spreading of TuMV in susceptible and in resistant plants of *Brassica oleracea* lines, white cabbage land race

Pflanzensegmente	TuMV-Verteilung in Pflanzen			
	TuMV-anfällig		TuMV-resistent	
	DAS-ELISA (E _{405nm})		DAS-ELISA (E _{405nm})	
	<i>B. oleracea</i>	<i>N. glutinosa</i> *	<i>B. oleracea</i>	<i>N. glutinosa</i> *
Blüte	1,64	0,08	0,06	0,10
Blütenstiel	1,38	0,64	0,06	0,05
Blatt	0,49	1,27	0,05	0,06
Blattstiel	0,68	0,76	0,05	n.g.
Spross	0,48	0,07	0,06	0,06
Hauptwurzel	0,72	0,68	0,05	0,06
Nebenwurzel	0,32	0,05	0,05	0,06

* Biotest: Übertragung von Weißkohl auf *Nicotiana glutinosa* (28 dpi)

Einen weiteren Ansatz zur Verbesserung der TuMV-Resistenz von *Brassica oleracea* stellt die somatische Hybridisierung mit Resistenzdonoren wie *Raphanus sativus* dar (Ryschka et al., BAZ-1150). Die durch die Fusionen erzeugten *Raphanobrassica*-Hybriden wiesen insgesamt einen hohen Anteil Pflanzen mit Resistenz gegen das TuMV-Isolat 2 auf (11,1 bis 63,8 %). In der Kombination PF 137 [*B. oleracea* (+) *R. sativus* 20/9] waren von insgesamt 328 Pflanzen (161 primäre Regenerate) 54,3 % gegen dieses TuMV-Isolat resistent. Virusfreie Einzelpflanzen dieser Kombination wurden verklont und anschließend einem Screening mit TuMV-Mix 1 unterzogen. Von bisher 62 getesteten Pflanzen erwiesen sich 59 (95,2 %) als resistent gegen den TuMV-Mix 1.

Insgesamt war eine Weiterführung des resistenten Materials aufgrund der hohen Bastardsterilität der *Raphanobrassica*-Hybriden schwierig. Bei Pflanzen der Kombination PF 137 gelang es jedoch, aus acht Pflanzen über die Embryokultur 37 F₁ Nachkommen zu erzeugen. Durch Selbstung bzw. unregelmäßige, offene Bestäubung in Kombination mit der Embryokulturtechnik wurden weitere Nachkommenschaftsgenerationen erzeugt und wiederholt auf TuMV-Resistenz selektiert. Es hat sich gezeigt, dass der Anteil Pflanzen mit Resistenz gegen das TuMV-Isolat 2 in den Nachkommenschaften stabil blieb. In der F₄- bzw. F₅-Generation waren 85,0 bzw. 82,4 % der Pflanzen resistent gegen das TuMV-Isolat 2. Dies entsprach dem Resistenzniveau der für die Vermehrung selektierten F₀-Pflanzen und lag über dem des zur Fusion verwendeten Resistenzdonors *Raphanus sativus* (Abb. 1).

Wie bereits vorhergehende Untersuchungen gezeigt haben, beruht die TuMV-Resistenz in vielen *Raphanus sativus*-Herkünften überwiegend auf einer Hemmung der Virusausbreitung in den Pflanzen. Zur weiteren Klärung der Resistenzreaktionen in den somatischen *Raphanobrassica*-Hybriden wurden 42 unterschiedlich TuMV-resistente F₅-Pflanzen der Kombination PF 137, im Hinblick auf die Virusausbreitung untersucht. Dazu wurden die Pflanzen mechanisch mit dem TuMV-Isolat 2 inokuliert und 14, 28 und 56 dpi die Abreibblätter sowie die Folgeblätter im DAS-ELISA getrennt getestet. Im Resultat war bei 14,3 % der Pflanzen kein TuMV nachweisbar (Abb. 2a). Bei der Mehrzahl der Pflanzen, genau bei 81,0 %, blieb das TuMV lokal auf die inokulierten Blätter begrenzt (Abb. 2b). Hingegen war das TuMV in den 4,8 % anfälligen Pflanzen systemisch und somit auch in den Folgeblättern nachzuweisen (Abb. 2c). Im Resümee können, wie in der Literatur (Hughes et al., Plant Pathology 51, 567-573, 2002) für die Kombination Raps/TuMV beschrieben, auch bei untersuchten somatischen *Raphanobrassica*-Hybriden unterschiedliche Resistenztypen aufgezeigt werden. Pflanzen bei denen kein Virus nachweisbar war, gehören

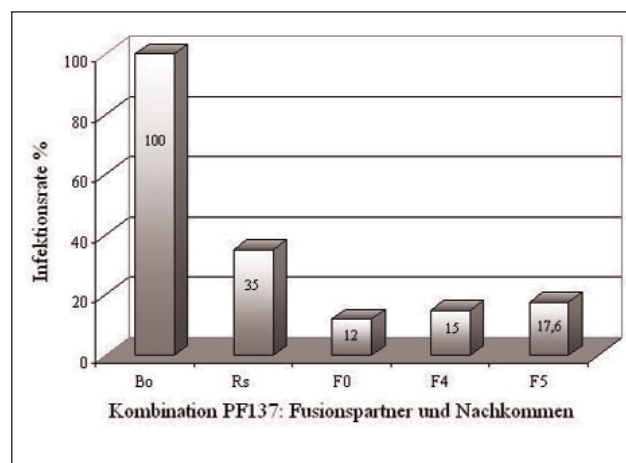
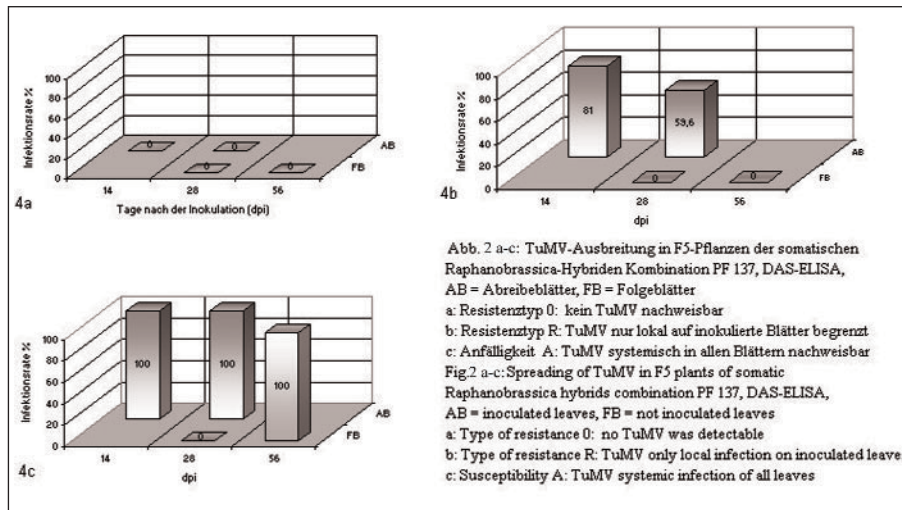


Abb. 1: Stabilität der Resistenz gegen das TuMV-Isolat 2 in Nachkommenschaften der somatischen *Raphanobrassica*-Hybriden Kombination PF 137: Bo: *Brassica oleracea* var. *capitata* 'Toskama' (+) Rs: *Raphanus sativus* convar. *sativus* 20/9, F0: primäre Fusionate, F4/F5 Nachkommenschaften nach Selbstbestäubungen

Fig. 1: Stability of resistance to TuMV isolate 2 in progenies of somatic *Raphanobrassica*-hybrids combination PF 137: Bo: *Brassica oleracea* var. *capitata* 'Toskama' (+) Rs: *Raphanus sativus* convar. *sativus* 20/9, F0: primary fusion, F4/F5 progenies by self pollination



zum Resistenztyp 0 (extreme Resistenz) und Pflanzen mit lokaler Infektion werden dem Resistenztyp R zugeordnet. Demgegenüber war das TuMV in allen anfälligen Pflanzen systemisch (Abb. 2a-c).

Abstract:

Turnip mosaic virus (TuMV) is an important pathogen in vegetable *Brassica* crops. In white cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata*) TuMV can cause high yield losses as well as necrosis in the heads. An effective way of plant protection is the establishment of resistance to different TuMV pathotypes in cabbage.

Resistance to different TuMV pathotypes was found in *B. oleracea* primitive forms and in *Raphanus sativus*. From two *B. oleracea* primitive forms as well as from a white cabbage land race there were developed homozygous lines with resistance to three and one TuMV pathotype, respectively. In the *B. oleracea* landrace four inbred lines (I_8) were selected under field conditions expressing a high level of resistance (infection rate 0 %) after inoculation with the high virulent TuMV isolate 2. From the two *B. oleracea* primitive forms seven homozygous lines (I_6) were developed by successive selection and self-pollination. After inoculation with five TuMV isolates representing three pathotypes (Mix 1), resistant plants were symptom less as well as DAS-ELISA negative (Tab. 1). The stability of the resistance in selected lines could be confirmed by aphid transmission of TuMV in the field (Tab. 2).

Somatic hybrids between *R. sativus* and *B. oleracea* resistant to TuMV were generated by protoplast fusion. Resistance to TuMV isolate 2 was also detectable in the progenies (F_5) of somatic hybrids combination PF137 (Fig. 1). In most of the resistant plants of somatic *Raphanobrassica* hybrid PF 137 virus movement seems to be restricted to inoculated leaves. Only in some resistant plants there was no TuMV detectable with DAS-ELISA. In contrast in susceptible plants TuMV is spreading systemically (Fig. 2a-c). According to spreading of TuMV in plants there were classified two types of resistance and otherwise plants with susceptibility.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik, Aschersleben, Schubert, J.; Rabenstein, F.; HRI Wellesbourne, Großbritannien, Jenner, C.; GZG Marne, Löptien, H.

(BAZ-1156)

1.3 Die Zukunft der europäischen Möhre: ein Programm zur Konservierung, Charakterisierung, Evaluierung und Sammlung von Möhren und Wildarten

The future of the European carrot: a programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild species. (EU-Project GenRes CT99-105)

Nothnagel T.; Scholze P; Frese L.

Zielsetzung/Aim:

Das GenRes CT99-105 Projekt ist Teil des EU-Aktionsprogramms zu pflanzengenetischen Ressourcen entsprechend der EU-Verordnung 1467/94. Ziel des Projektes ist die weitgehende Erfassung der in europäischen Genbanken vorhandenen genetischen Ressourcen der Gattung *Daucus*, deren Evaluierung hinsichtlich Resistenz- und Qualitätsparametern und die Erarbeitung einer core collection. http://www.hri.ac.uk/gru/gen_res/genres.htm. Die BAZ ist im Rahmen des GenRes CT99-105 Projektes an der Charakterisierung von Genbankmaterial, der Vermehrung und Konservierung sowie der Resistenzevaluierung gegen *Alternaria dauci* maßgeblich beteiligt.

The GenRes CT99-105 project is part of the EU Council Regulation programme 1467/94 on the conservation, characterisation, collection and utilisation of plant genetic resources in agriculture. The extensive documentation and characterisation of the European germplasm collections of the genus *Daucus*, their evaluation for resistance and quality as well as the development of a core collection is the aim of the project. http://www.hri.ac.uk/gru/gen_res/genres.htm. The BAZ is substantially involved in the project with characterisation, regeneration and conservation work as well as in the evaluation of accessions for *Alternaria dauci* resistance.

Erhaltung, Regeneration und Charakterisierung (L. Frese, BAZ-Genbank)

Die Genbank vermehrte im Jahr 2003 auf insgesamt 7 Akzessionen Saatgut. Fünfzehn Akzessionen davon 3 Standardsorten wurden im Freiland angebaut und mit Hilfe 15

verschiedener Merkmale charakterisiert. Damit wurden die Arbeiten der Genbank bei *Daucus* beendet. Die gesamte Kollektion wurde in die Genbank des IPK Gatersleben überführt.

Evaluierung von *Daucus* Akzessionen auf Resistenz gegen *Alternaria dauci* (T. Nothnagel/P. Scholze, BAZ-GK)

Schwerpunkt der diesjährigen Resistenzuntersuchungen war die wiederholte Prüfung der jeweils dreißig besten Akzessionen der Versuchsjahre 2001 und 2002 (basierend auf der Rangsumme). Darüber hinaus wurden 6 Akzessionen des IHN Angers sowie 22 Akzessionen (Wildformen) der Greek Gene Bank geprüft. Die Evaluierung erfolgte analog der Vorjahre in einem vierfach wiederholten Labortest und einem Semi-Feldtest. Wie in den Vorjahren wurde für die Inokulationen ein 1:1 Gemisch aus den Isolaten I189 (IHN Angers, F) und I89001 (BBA/BAZ) eingestellt auf 10^5 Konidien/ml verwendet. Beide Inokulate wurden im Zeitraum von Januar bis Mai unter In-vitro-Bedingungen vermehrt.

Labortest:

In den vier Testserien variierte die Resistenzausprägung der getesteten Akzessionen unterschiedlich stark. Die Rangfolge zwischen den Akzessionen war aber weitgehend stabil. 25 Akzessionen zeigten im Versuchsmittel eine bessere Resistenzausprägung verglichen mit der als tolerant geltenden Standardsorte 'Bolero' (Abb. 1). In einigen Akzessionen konnten Pflanzen selektiert werden, bei denen die Blattsegmente nach Inokulation und neuntägiger Inkubationszeit weitgehend symptomfrei waren. Die entsprechenden Pflanzen wurden zur Saatgutproduktion weitergeführt.

Semi-Feldtest:

Im Vergleich zu den Labortests war eine wesentlich stärkere Ausprägung von Krankheitssymptome zu beobachten. Extrem hohe Temperaturen während der Inkubationszeit (zeitweilig >50 °C), kombiniert mit der hohen Luftfeuchtigkeit im Foliezelt durch die Beregnung, begünstigten die Pathogenentwicklung sehr stark. Einige Akzessionen fielen vollständig aus. Darüber hinaus wurden typische *Alternaria*-Symptome teilweise stark durch Sekundärinfektionen, vermutlich durch *Plasmopara*, *Cercospora* oder *Erwinia*, überdeckt. Symptomfreie Pflanzen konnten nicht selektiert werden.

Das Projekt wurde planmäßig zum Jahresende abgeschlossen. Der Datentransfer in die EUDB (European Umbellifer Data Base) wird zurzeit vorbereitet.

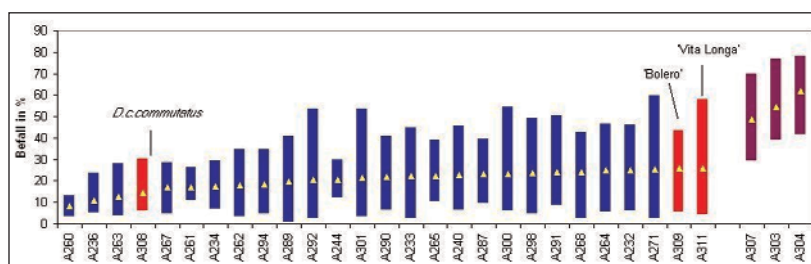


Abb. 1: Resistenzausprägung ausgewählter Akzessionen als Mittelwert der vier Labortests 2003 im Vergleich zu 'Bolero' und hoch anfälligen Akzessionen (violett). Die Säulen geben die Minimum/Maximum-Variation der Versuchsmittel wider. Das Gesamtversuchsmittel je Akzession ist als gelbes Dreieck dargestellt. Rote Säulen kennzeichnen die verwendeten Projektstandards

Fig. 1: Resistance expression of selected accessions of 2003 in comparison to 'Bolero' and high susceptible accessions (violet). Columns represent the minimum/maximum-variation of the laboratory test averages. The total test average per accession is given as, yellow triangle. The red columns mark the used project standards

Abstract:

The BAZ Gene Bank produced seeds on 7 accessions in 2003. Fifteen plant traits were scored, counted or measured to characterise 15 entries. Therewith the gene bank finished the work on carrot/*Daucus*. The collection was transferred to the gene bank of the IPK Gatersleben.

The project programme focussed on the repeated evaluation of the thirty best accessions of both years 2001 and 2002. The results could be verified for a large number of the accessions for their rank order and the resistance level in comparison to the standards. The project was finished end of this year. The data transfer to the EUDB is currently prepared.

In Zusammenarbeit mit: Astley, D. (Projektkoordinator), Pinnegar A. and Smith, B., HRI Wellesbourne (UK); Campbell; G. and Green, N., SASA Edinburg (UK); Börner, A., IPK Gatersleben (D); Briard, M., INH Angers (F); Samaras, S., NAGREF- Greek Gene Bank Thessaloniki (GR); D'Antuono, P., Universita' di Bologna (I); Poulsen, G. and Wedelsback, K., Nordic Gene Bank (S); Olsson K., Svalöf Weibull AB, SW Laboratory (S)

(BAZ-1152, GenRes CT99-105)

1.4 Charakterisierung der Resistenz gegenüber dem Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*) im Zusammenhang mit den Inhaltsstoffprofilen der ätherischen Öle von Petersilie (*Petroselinum crispum*)

Characterization of resistance to *Septoria* leaf spots (*Septoria petroselini*) in connection with essential oil profiles of parsley (*Petroselinum crispum*)

Marthe, F.; Scholze, P.; Krüger, H.

Zielstellung/Aim:

Ausgewählte Herkünfte von Petersilie (*Petroselinum crispum*) werden unter Freilandbedingungen am Versuchstandort Quedlinburg auf Resistenz bzw. Anfälligkeit gegenüber dem Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*) getestet. Basierend auf den Ergebnissen des Resistenztestes werden Verbesserungen des Standardsortimentes resistenter bzw. anfälliger Herkünfte vorgenommen. Einige Herkünfte werden erstmalig in die Resistenzprüfung einbezogen. Parallel zur Resistenzbonitur werden alle Herkünfte beprobt und die Gehalte und Zusammensetzungen der ätherischen Blattöle bestimmt. Der Zusammenhang zwischen Bestandteilen der ätherischen Öle, insbesondere deren Enantiomerverhältnisse und der *Septoria*-Resistenz wird charakterisiert. Die mehrfache Beprobung der Versuche ermöglicht darüber hinaus Aussagen über Veränderungen des Gehaltes und/oder der Zusammensetzung der ätherischen Öle im Jahresverlauf.

Selected accessions of parsley (*Petroselinum crispum*) will be tested for resistance and susceptibility to the causing agent of *Septoria* leaf spots (*Septoria petroselini*) under experimental field conditions at Quedlinburg. Based on the results of the resistance tests, a revision of the collection of resistant and susceptible standards will be carried out. Some accessions will be tested for the first time for *Septoria* resistance. For all accessions, parallel to the resistance classification, the content and composition of the essential leaf oils will be measured. From this it is possible to characterize the correlation between essential oil components, especially the relation of their enantiomers and the resistance to *S. petroselini*. The multiple analysis of leaf material also allows us to get detailed information about changes of amount and/or composition of essential oils over the vegetation period.

Ergebnisse:

In der Prüfung standen 30 Herkünfte in jeweils zwei Wiederholungen. Der Versuch wurde im Freiland unter natürlichen Befallsbedingungen angelegt. Erstmals wurden acht Prüfglieder angebaut, die als Ramsche geerntet wurden von Selbstungsnachkommen ausgewählter, wiederholt im Klimakammertest auf *Septoria*-Resistenz getesteter Einzelpflanzen. Am 20. Juni wurde trockenenes stark durch *S. petroselini* befallenes Blattmaterial aus dem Vorjahr zwischen die Prüfglieder eingestreut, um den Befallsdruck zu verstärken.

Es wurden sieben Bonituren durchgeführt im Zeitraum zwischen dem 20. Juni und dem 26. November. Der erste *Septoria*-Befall trat am 10. August auf. Zu drei Terminen (22.7., 2.9. und 21.10.) wurde die Petersilie geschnitten, getrocknet und eine Mischprobe für die Bestimmung des Gehaltes und der Zusammensetzung des ätherischen Öles hergestellt.

Das in den Vorjahren aufgestellte Standardsortiment wurde auch 2003 in den Versuch einbezogen. Es kam wiederum zu einer deutlichen Differenzierung zwischen den voll anfälligen Herkünften (Abbildung 6, P01/510, P03/510 glattblättrig und P01/619, P03/619 krausblättrig) und den Herkünften mit verminderter Anfälligkeit. Die Abbildung 6 zeigt neben dem Befallsverlauf des Versuchsjahres 2003 auch die Befallsverläufe der selben Herkünfte für die Versuchsjahre 2000, 2001 und 2002. In allen Jahren, die gemäß der unterschiedlichen Jahreswitterung modifizierte Befallsverläufe aufweisen, ist jedoch eine Verzögerung im Befallsbeginn und eine geringere Befallsstärke der Herkünfte mit verminderter Anfälligkeit (Abbildung 6, P01/504, P03/504; P01/663, P03/663; P01/516, P03/515; P01/656, P03/656 und P01/701, P03/701 alle glattblättrig) ablesbar. Diese Herkünfte zeigen eine quantitative Resistenzausprägung.

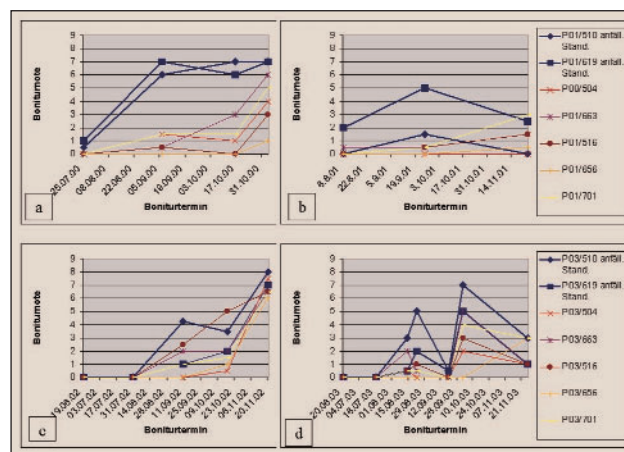


Abb. 1: Test des Standardsortimentes anfälliger bzw. resistenter Petersilienherkünfte (*Petroselinum crispum*) auf Resistenz gegenüber *Septoria petroselini*; Mittlere Boniturnote aus zwei Wiederholungen für die Versuchsjahre 2000 (a), 2001 (b), 2002 (c) und 2003 (d); 0, 1- resistent; 3, 5 - mäßig anfällig; 7 - stark anfällig, 9 - Pflanze abgestorben

Fig. 1: Test of parsley (*Petroselinum crispum*) standard collection highly susceptible and resistant respectively for resistance to *Septoria petroselini*; Mean value of scoring two replications for the experimental years (a) 2000, (b) 2001, (c) 2002, and (d) 2003; 0, 1- resistant; 3, 5 - low susceptible; 7 - highly susceptible, 9 - plant died

Die acht Populationen, die nach Selbstbestäubung resistenter Einzelpflanzen entwickelt wurden, zeigten in sieben Fällen eine hochgradige Resistenz. Eine Nachkommenschaft war hoch anfällig. Der Befallsverlauf der sieben resistenten Nachkommenschaften ähnelt dem der Standardherkunft P01/656, P03/656 in Abbildung 1.

Die Bestimmung des Gehaltes und der Zusammensetzung der ätherischen Blattöle der Versuchsglieder im Jahresverlauf liegt derzeit noch nicht vor und erfolgt zu Beginn des Jahres 2004.

Abstract:

The collection of highly susceptible and resistant standards of parsley accessions were clearly differentiated for infestation with *S. petroselini* also in the experimental year 2003. Accessions with lower susceptibility correspond for disease infestation in different experimental years and reveal delay and lower level of infestation. This accessions express quantitative resistance.

(BAZ-1159)

2. Markergestützte Selektion Marker-assisted selection

2.1 Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz gegen den Nematoden *Heterodera schachtii* aus *Raphanus*

Development of molecular markers for resistance to the nematode *Heterodera schachtii* from *Raphanus*

Peterka, H.; Budahn, H.; Schrader, O.

Zielsetzung/Aim:

Die Gattung *Raphanus* stellt ein wichtiges Genreservoir für Resistenz- und Qualitätsmerkmale bei Brassicaceen dar. So ist die Resistenz von Ölrettich gegen den Rübenzystennematoden, *Heterodera schachtii*, für Raps gewünscht, um in Fruchtfolgen mit hohem Zuckerrübenanteil die Populationsdichte des Schädling im Boden zu reduzieren. In einem Modellversuch sollen molekulare Marker anhand von *Raphanobrassica*-Bastardpopulationen entwickelt und zur Selektion auf intergenerische Introgression der Resistenz eingesetzt werden.

The genus *Raphanus* represents an important source of resistance and quality traits for *Brassica* crops. Resistance to the beet cyst nematode, *Heterodera schachtii*, from oil radish is desired for rape to reduce the pathogen population density in crop rotations with high sugar beet percentage. In a model experiment, molecular markers should be developed for *Raphanobrassica* hybrid populations and used to select intergeneric introgression of resistance.

Ergebnisse:

Zur chromosomalen Lokalisierung der Nematodenresistenz im *Raphanus*-Genom wurde erstmals die neu erstellte komplette Serie aus allen 9 disomen Additionen von Rettich-Chromosomen an Raps ($2n = 4x+2 = 40, AACC + 2R^x$) genutzt (Abb. 1). In die Resistenzprüfungen, die nach Inokulation mit L2-Larven von *H. schachtii* unter kontrollierten Bedingungen erfolgten, wurden neben den Additionslinien die Rettichlinie A24 als Chromosomenspender, die hochresistente Ölrettichsorte 'Colonel' sowie die nematodenanfällige Rapssorte 'Madora' als Empfänger der Chromosomenadditionen einbezogen. Damit war es möglich, den Beitrag jedes Rettichchromosoms zur Resistenzausprägung zu bestimmen. Acht Rettich-Raps-Additionen waren nematodenanfällig mit Zystenzahlen von 132,5 (Disom a) bis 230,6 (Disom c). Nur die disome Additionslinie für das Rettich-Chromosom d erwies sich als resistent und erreichte mit 5,8 Zysten das Resistenzniveau des Rettichdonors. Damit wurden frühere an monosomen Additionsformen erhaltene Resultate bestätigt, dass genetische Resistenz gegen den Rübenzystennematoden nur auf einem einzelnen Rettich-Chromosom lokalisiert ist. Die Additionslinie d stellt damit eine wichtige Vorstufe für die dauerhafte Introgression von Nematodenresistenz in Raps dar.

Um den Einfluss der nematodenresistenten disomen Rettich-Raps-Additionslinie auf die Populationsdichte von *Heterodera schachtii* in stark infizierten Böden im Vergleich zum Anbau anfälliger Formen über eine volle Vegetationsperiode unter praxisnahen Bedingungen zu untersuchen, wurde der wegen starker Auswinterung abgebrochene Versuch wiederholt.

Für die Nutzbarkeit der erzeugten disomen Additionen in Forschung und Züchtung ist ihre Stabilität eine wichtige Eigenschaft. Sie hängt von der Synchronie des addierten Rettich-Chromosomenpaares mit dem Meioseablauf der Rapsgenome des genetischen Hintergrundes ab. Geringe Synchronie kann zum Verlust des zusätzlichen Chromosoms in den generativen Zellen und somit zur Nichtweitergabe an die nächste Generation führen. Deshalb wurden in

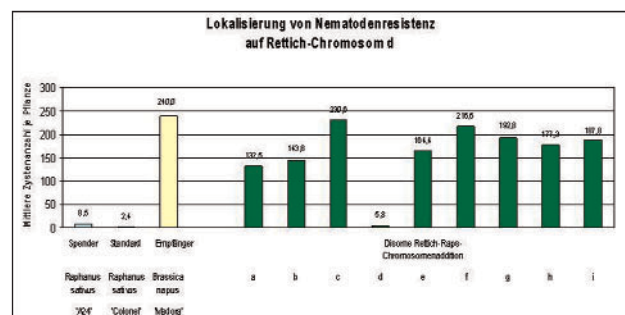


Abb. 1: Reaktion der neun disomen Rettich-Raps-Chromosomenadditionen auf Inokulation mit *Heterodera schachtii*

Fig. 1: Reaction of the nine disomic radish-rape-chromosome addition lines to inoculation with *Heterodera schachtii*

Selbstungsnachkommenschaften von disomen Additions-pflanzen die Übertragungsraten der Fremdchromosomen ermittelt. Um den Untersuchungsaufwand zu beschränken, erfolgte dies in einem zweistufigen Verfahren. Zunächst wurde durch Analysen von molekularen Markern mit Spezifität für einzelne Rettich-Chromosomen festgestellt, ob eine Fremdchromosomenübertragung stattgefunden hat. Anschließend zeigte die zytologische Analyse durch FISH mit einer *Raphanus*-spezifischen Sonde, ob eines oder beide Chromosomen auf eine Tochterpflanze übertragen wurden. Die Stabilität der einzelnen Additionen ist unterschiedlich, wobei sich der überwiegende Teil der Additionen als hochgradig stabil erwies. So ergaben die Additionen a, d, e, g und i unter 25, 30, 27, 27 bzw. 30 untersuchten Pflanzen ausschließlich wieder disome Nachkommen. Dagegen wiesen die Addition b (20 disom, 7 monosom) und die Addition c (11 disom, 13 monosom, 3 euploid) bei jeweils 27 untersuchten Pflanzen ein mittleres bzw. ein geringes Stabilitätsniveau auf. Für die Additionen der Chromosomen f und h müssen die Verhältnisse noch geklärt werden. Deshalb wurden disome Einzelpflanzen selektiert, an denen weitere Stabilitätsuntersuchungen vorgenommen werden.

Die Resistenzeigenschaften von Rettich wie TuMV-Resistenz, Kohlhernieresistenz, Nematodenresistenz sind für einen ökologisch orientierten Anbau von Gemüsekohl besonders wertvoll. Ausgehend von der Additionsserie am allotetraploiden Raps wurde deshalb begonnen, eine Additionsserie der Rettichchromosomen auch für den diploiden Gemüsekohl, *Brassica oleracea* ($2n = 2x = 18$, CC) zu entwickeln. Dies ist eine Voraussetzung für die Lokalisierung von Eigenschaften auf Rettichchromosomen und für die Übertragung der Eigenschaften von Rettich auf Kohl. Für dieses Ziel ist die Überwindung von Kreuzungsinkompatibilität zwischen den Rettich-Raps-Additionen und *Brassica oleracea* erforderlich. Um Hinweise auf potentielle pro- und postgame Inkompatibilitätsbarrieren zu erhalten, wurden 3 doppelhaploide Kohllinien, 24a/346, 24a/356 und 24a/358, mit der disomen Rettich-Raps-Additionslinie d gekreuzt. Untersuchungen von Pollenkeimung und -schlauchwachstum ergaben keine Hinweise auf Störungen. Dagegen wird die postzygotische Entwicklung frühzeitig unterbrochen, so dass die Samenbildung unterbleibt. Durch Einsatz der Sterilkultur von Samenanlagen 14 Tage nach Bestäubung entstanden keimende Embryonen, die sich zu normal differenzierten Pflanzen entwickelten (Abb. 2).

Unter 56 erhaltenen Kreuzungspflanzen ließ sich für 45 Pflanzen die Anwesenheit des Rettich-Chromosoms d molekular mit dem RAPD-Marker OPG19-488 nachweisen. Die zytologische Charakterisierung ergab die erwartete Chromosomenzahl $2n = 3x+1 = 29$ (Genomformel ACCR^d). Die Übertragung des Rettich-Chromosoms auf die Bastardpflanzen ließ sich durch FISH bestätigen (Abb 2).

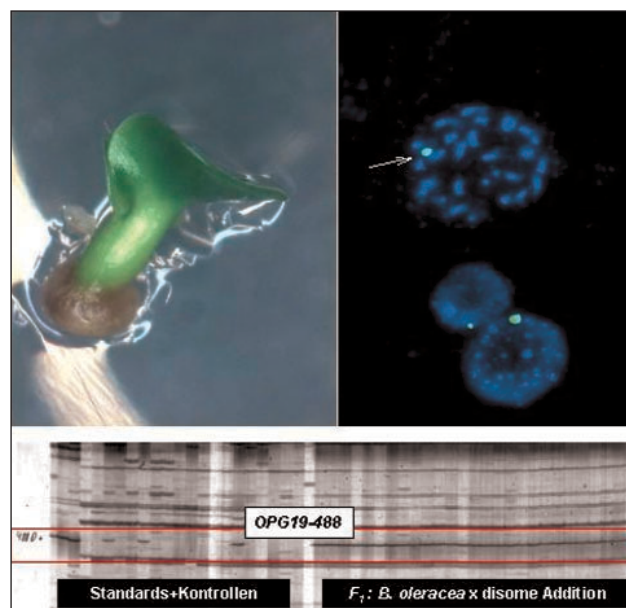


Abb. 2: Bastardierung *Brassica oleracea* x disome Rettich-Raps-Addition d. oben links: In-vitro-Keimung eines Bastardembryos; Oben rechts: Mitosezelle mit 28 *Brassica*-Chromosomen (blau) und dem *Raphanus*-Chromosom (grün); unten: RAPD-Marker zur molekularen Identifizierung des Rettich-Chromosoms d

Fig. 2: Hybridization between *Brassica oleracea* x disomic radish-rape-addition d. Top left: In vitro germination of hybrid embryo; top right: mitotic cell having 28 *Brassica* chromosomes (blue) and one *Raphanus* chromosome (green); bottom: RAPD marker for molecular identification of radish chromosome d

Es wurde ein Kreuzungsprogramm zur Hybridisierung von Kohl mit den übrigen 8 Rettich-Raps-Additionen angelegt. Durch weitere Rückkreuzungen der Bastardpflanzen mit Kohl und gleichzeitiger markergestützter Selektion soll die Einlagerung des Fremdchromosoms in *Brassica oleracea* erfolgen.

Abstract:

The complete set of all nine disomic radish-rape-seed chromosome additions ($4x = 2n = 38+2$) was screened for resistance to the Beet cyst nematode (*Heterodera schachtii*) together with the radish donor and rapeseed recipient lines. The results confirmed that radish chromosome d is the only carrier in the radish genome conferring the full resistance expression in a rapeseed background. The chromosomal stability of the addition lines after generative multiplication was assessed by a two-step procedure using molecular and cytogenetic techniques. Radish-rape addition line d was successfully crossed with a double-haploid line of *Brassica oleracea*. This suggests the possibility to introgress radish resistance traits into other vegetables of the *Brassicaceae* by conventional methods of sexual hybridization.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. Pflanzenanalytik, Schütze, W.; BBA, Inst. f. Nematodologie und Wirbeltierkunde, Außenstelle Elsdorf, Schlang, J.; P. H. Petersen Saatzucht, Lundsgaard, Schlathölder, M.

(BAZ-1343)

2.2 Morphologische Charakterisierung und genetische sowie molekulare Analyse der epikutikulären Wachsschicht der Laubblätter von *Daucus* ssp. Morphological characterization and the genetic as well as molecular analysis of the epicuticular wax layer on the leaves of *Daucus* ssp.

Nothnagel, T.; P. Straka ; F. Ehrig

Zielsetzung/Aim:

Epikutikuläre Wachsschichten sind für viele Pflanzenarten beschrieben und vielfach als natürliche Resistenzbarrieren gegen verschiedene Pflanzenpathogene diskutiert. Darüber hinaus haben Kutikula und epikutikuläre Wachsschicht eine zentrale Bedeutung bei Wasserregulierung und Trockenstress sowie beim Strahlungsschutz. Nach empirischen Phänotypvergleichen liegt in der Gattung *Daucus* eine breite Variation hinsichtlich Epidermisstruktur und Wachsschicht vor, allerdings fehlen systematische Untersuchungen. Ziel des Projektes ist die morphologische Charakterisierung der Wachsschicht verschiedener *Daucus* ssp. als mögliche Resistenzquelle. In Spaltungsanalysen an bereits vorliegenden Kreuzungspopulationen sollen Vererbungsmuster der Epidermisstruktur und Wachsschicht aufgeklärt und molekulare Marker entwickelt werden.

Leaf epicuticular wax layers are described for different plant species and often discussed as natural barriers of resistance against different pathogens. Moreover cuticle and wax layer play an important role in protecting against water loss and UV-B radiation. In the genus *Daucus* a broad variance for epicuticular wax layers exist but systematic investigation are unknown. The project aims to the morphological characterization of the wax layers of different *Daucus* ssp. as potential sources for resistance. Crossing populations developed earlier will be used for the analysis of the genetic background and the development of molecular markers.

Ergebnisse:

Die systematischen Untersuchungen der Laubblattstrukturen und der epikutikulären Wachsschicht wurden abgeschlossen. Ergebnisse der blatthistologischen Untersuchungen liegen nunmehr für 10 *Daucus* ssp. (Wildmaterial), drei Möhrensorten sowie einer Sellerieliene (*Apium graveolens*) vor. Signifikante Unterschiede

konnten zwischen den *Daucus* ssp. sowohl für die Dicke des Laubblattquerschnitts als auch für die Dicke der Epidermisschichten und der Kutikula nachgewiesen werden. Darüber hinaus wurden signifikante Unterschiede in der Form und der Größe der Epidermiszellen festgestellt.

Im Berichtszeitraum wurden methodische Voruntersuchungen durchgeführt um mögliche Zusammenhänge zwischen Kutikula- und Epidermisstrukturen und dem Infektions- bzw. Penetrationsvermögen von *Alternaria dauci* erfassen zu können. Anhand präparierter Epidermisschichten konnten nach Inokulation, Infektions- und Penetrationsabläufe In-vivo mikroskopisch beobachtet werden (Abb. 1). Erste Differenzierungsmuster des untersuchten Pflanzenmaterials liegen vor. Systematische Untersuchungen an vorliegendem Wildmaterial sowie Sortenmaterial mit unterschiedlichem Resistenzniveau sind Gegenstand derzeitiger Arbeiten.

Die im Vorjahr begonnenen molekularen Analysen (BSA) an DNA-bulks von verschiedenen für die „Wachsschicht“ spaltenden F₂-Populationen wurden fortgesetzt. An zwei ausgewählten F₂-Populationen werden derzeit die in den BSA's generierten Markerkandidaten verifiziert. (vergl. BAZ-1233)

Abstract:

Ten subspecies of *Daucus*, three carrot varieties and one celery line were investigated for leaf anatomy and histological leaf structure as well as by electron microscope (SEM). Partially significant variation between the subspecies was observed. A method was adapted for the In-vivo observation the infection and penetration of *Alternaria dauci* on prepared epidermis tissue. Systematic investigations of relationships of cuticle and epidermis structure to the mechanism of *Alternaria* infection are in progress.

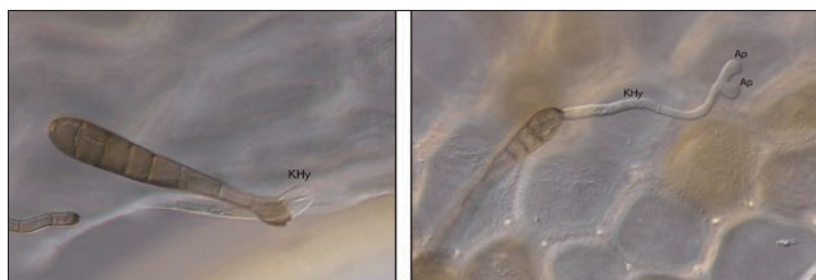


Abb. 1: Infektionsverlauf von *Alternaria dauci* auf der präparierten adaxialen Epidermis eines Laubblattes der Möhre *Daucus carota*. Ausbildung der Keimhypha (KH) 2 h nach der Inokulation (links) und die Entwicklung von Appressorien (Ap) 24 hpi (rechts)

Fig. 1: Conidial development of *Alternaria dauci* on the prepared adaxial epidermis of a carrot leaf. Development of a germhypha (KH) 2 hpi (hours after-inoculation, left) and development of appressoria 24 hpi (right)

The molecular marker analyses for a gene associated with the wax layer were continued. The verification of putative marker candidates on two selected F₂ populations is subject of the currently work.

(BAZ-1157)

2.3 Entwicklung einer kombinierten Kopplungskarte für die Möhre *Daucus carota sativus*

Development of a combined linkage map of carrot *Daucus carota sativus*

Nothnagel, T.; Straka, P.

Zielsetzung/Aim:

Im Rahmen des abgeschlossenen, BLE geförderten Projektes 95BF011/BAZ-1329 wurden zwei vorläufige Kopplungskarten der Möhre basierend auf zwei F₂-Spaltungspopulationen erarbeitet. Ziele des Anschlussprojektes sind die Integration weiterer im Rahmen von Projekt BAZ-1233 erarbeiteter molekularer Marker in die beiden Kopplungskarten, die gemeinsame Kartierung der Marker beider Spaltungspopulationen und Entwicklung einer kombinierten Kopplungskarte (Konsensus-Karte), Erzeugung und genetische Analyse von Spaltungsnachkommenschaften aus speziellen Kreuzungskombinationen im *Daucus carota*-Komplex, als Basis für Introgressionen und die Integration weiterer Merkmale in die Kopplungskarte.

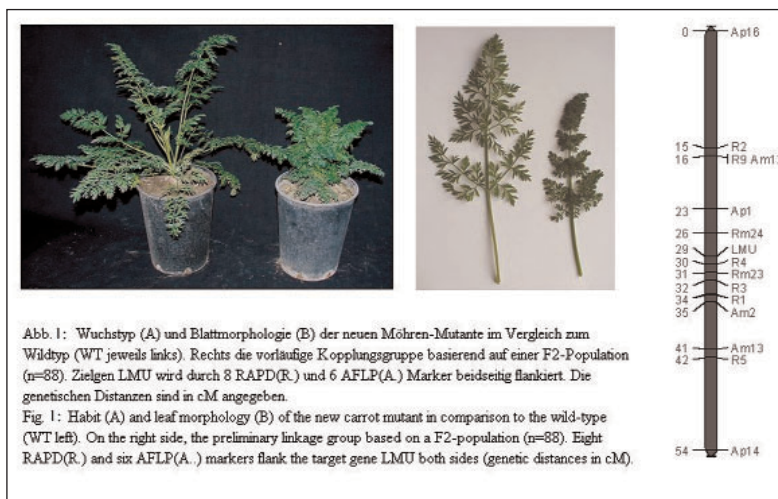
Two preliminary linkage maps of carrot were developed during the completed project BAZ-1329 based on two F₂ populations. Aims of the following project the integration of further molecular markers of the project BAZ-1233 in the both linkage maps, the integrated mapping of all markers and development of a consensus map of carrot, and the development and genetic analysis of crossing populations in the *Daucus carota*-complex as basis for introgressions and mapping of further traits

Ergebnisse:

Die beiden bestehenden Kopplungskarten wurden im Berichtsjahr weiter abgesättigt (15 AFLP-Marker). Für beide Kartierungspopulationen konnten bisher 40 vermeintlich identische Marker (RAPD, AFLP) selektiert werden, die partiell in den Kartierungsanalysen Markergruppen mit gleicher Anordnung ergaben. Allerdings waren diese nicht gleichmäßig auf alle Kopplungsgruppen verteilt. In Versuchen zur Erstellung einer Möhren-Konsensus Karte aus beiden Populationen konnten bisher fünf Kopplungsgruppen konstruiert werden.

In einer Möhren-Inzuchtlinie konnte eine neue Mutante (mut) selektiert werden, welche durch einen gestauchten Blatthabitus charakterisiert ist (Abb. 1). Die Pflanze wur-

de mit verschiedenen Pflanzen des entsprechenden Wildtyps (WT) gekreuzt. Alle F₁-Pflanzen zeigten einen wildtyp-identischen Phänotyp. In den bisher untersuchten 7 F₂-Populationen (n = 15-88) konnte ausnahmslos ein 3 : 1 (WT : mut) Spaltungsverhältnis nachgewiesen werden. Zwei F₂-Populationen wurden für eine BSA (bulk segregant analysis) ausgewählt, wobei die bulks aus jeweils zehn Einzelpflanzen gebildet wurden. Bisher wurden 43 AFLP-Primerkombinationen und 175 RAPD-Primer getestet. Dabei konnten 28 potentielle Markerkandidaten generiert werden. 14 dieser Markerkandidaten ließen sich in einer ausgewählten F₂-Populationen (n = 88) reproduzieren und nach Kopplungsanalyse in einer Kopplungsgruppe kartieren. Die vorläufige Kopplungsgruppe umspannt 54 cM. Das Zielgen (vorläufige Bezeichnung LMU) wird durch 6 bzw. 8 Marker beidseitig flankiert (Abb. 1). Untersuchungen zur detaillierten morphologischen und histologischen Charakterisierung der Mutante sowie die Verifizierung der genetische Analysen anhand von F₃-Nachkommenschaften sind gegenwärtiger Forschungsschwerpunkt.



Abstract:

The marker development and mapping of the MK8 and MK9 populations were continued. Forty putative identical markers (RAPD, AFLP) were selected so far which showed a similar alignment on the linkage groups. A preliminary consensus map with five linkage groups could be developed.

A new leaf mutant was selected in a carrot inbred-line. The analyses of seven F₂ progenies suggest a monogenic recessive inheritance of the mutant (preliminary named LMU). Six AFLP and eight RAPD markers were selected and linked with the target locus on a postulated linkage group with 54 cM.

(BAZ-1151, BAZ-1233)

3. Entwicklung alternativer Züchtungsmethoden

Development of alternative breeding methods

3.1 Erweiterung der genetischen Variabilität von Gemüsearten der Gattung *Allium* zur Erhöhung der Resistenz

Broadening of genetic variability in *Allium* vegetables for resistance improvement

Peterka, H.; Budahn, H.; Schrader, O.

Zielsetzung/Aim:

Projektziel ist die Erschließung von Wegen zur Erhöhung der genetischen Variation von *Allium*-Gemüse im Hinblick auf Resistenzeigenschaften. In diese Forschung werden ausgewählte genetische Ressourcen aus der Gattung, wie z. B. *A. fistulosum*, einbezogen. Dies soll auf dem Wege der Introgression nach sexuellen Artkreuzungen erfolgen. *A. fistulosum* ist als Träger von genetischen Resistenzen gegen pilzliche und tierische Pathogene sowie gegen Viren bekannt, die bei anderen *Allium*-Kulturarten fehlen. Der Schwerpunkt des Projektes ist insbesondere auf die Übertragung von Resistenz gegen einen tierischen Schaderreger (*Thrips tabaci*) in Porree gerichtet.

Aim of the project is the opening of pathways to enhance the genetic variation in *Allium* vegetables with regard to resistance characters. For this purpose, selected genetic resources of the genus, for instance as *A. fistulosum*, will be exploited, using sexual interspecific hybridization. *A. fistulosum* is known to carry genetic resistances to fungal diseases, pests as well as viruses, not present in other cultivated species. The emphasis of the project will be directed especially to evolve the resistance against a pest (*Thrips tabaci*) in leek.

Ergebnisse:

Die Winterheckenzwiebel, *A. fistulosum*, stellt eine genetische Ressource zur Erhöhung der Resistenz gegen Pathogene (z. B. leek yellow stripe, *Botrytis squamosa*, *Alternaria porri*) und gegen abiotischen Stress (z. B. Winterhärte) dar, die bisher nur in der Zwiebelzüchtung eingesetzt wird. Für andere *Allium*-Arten bestand diese Möglichkeit auf Grund der starken Kreuzungsbarrieren bisher nicht. Es gelang erstmals, Hybriden zwischen den taxonomisch weiter entfernten Arten *A. fistulosum* ($2n = 2x = 16$, FF) und Porree ($2n = 4x = 32$, AAAA) durch interspezifische Kreuzungen zu erzeugen. Damit eröffnet sich die Möglichkeit, Porree mit neuen Resistenzeigenschaften auszustatten. Der triploide Bastard ($2n = 3x = 24$, FFA) wurde auf vegetative Weise vermehrt. Bastardpflanzen zeichnen sich durch Wüchsigkeit und erhöhte Blattlänge aus. In Blütenform und Blattquerschnitt stehen sie zwischen den beiden Elterarten. Erste Untersuchungen an *A. fistulosum* im Gewächshaus weisen auf Resistenz gegen tierische Schaderreger wie Thrips (*Thrips tabaci*) hin, die sich auch im Bastard



Abb. 1: Unterschiedliche Schädigung durch Thrips (*Thrips tabaci*) auf Blättern von *Allium fistulosum*, von Artbastard *A. fistulosum* x Porree und Porree (von links nach rechts)

Fig. 1: Differential damage through thrips (*Thrips tabaci*) on leaves of *Allium fistulosum*, the interspecific hybrid *A. fistulosum* x Porree and *A. ampeloprasum* (from left to right)

manifestiert, während Porree starke Schadsymptome zeigte (Abb. 1).

Zur Beschreibung des Karyotyps für den triploiden Bastard *A. fistulosum* x *A. ampeloprasum* wurden mehrere zytogenetische Techniken aufeinanderfolgend an einem Präparat angewendet (Abb. 2). Die Unterscheidung der Chromosomen der beiden Elterarten erfolgte durch genomische In-situ-Hybridisierung (GISH) mit markierter Porree-DNA (A). Durch multiple Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung (FISH) mit der telomerspezifischen Sonde AC-SAT (B) und mit der 18/25S-rRNA-spezifischen Gensequenz (C) sowie durch morphologische Studien konnten Einzelchromosomen der Genome F und A im Bastardkern identifiziert werden (D). Damit lassen sich chromosomale Veränderungen im Bastardmaterial während der weiteren Bearbeitung verfolgen.

Ein weiteres Teilprogramm des Projekts ist auf die Verbesserung der Eigenschaften von alloplasmatischem Porree gerichtet. Porree mit T-Cytoplasma aus Zwiebel besitzt im Vergleich zu euplasmatischem Porree eine verminderte Wüchsigkeit. Dieser Cytoplasma-Effekt tritt nicht in alloplasmatischen Zwiebel-Porree-Additionen auf. Durch Kreuzungen zwischen einer dreifach monosomen alloplasmatischen Zwiebel-Porree-Addition (Genomformel: $32A+CG+C^E+C^D$) mit erfolgte molekular und zytogenetisch (GISH). Von den 8 möglichen Typen konnten 7 erzeugt werden, nur die zweifach monosome Addition DE trat nicht auf (Tab. 1). Die Chromosomenzahl variierte zwi-

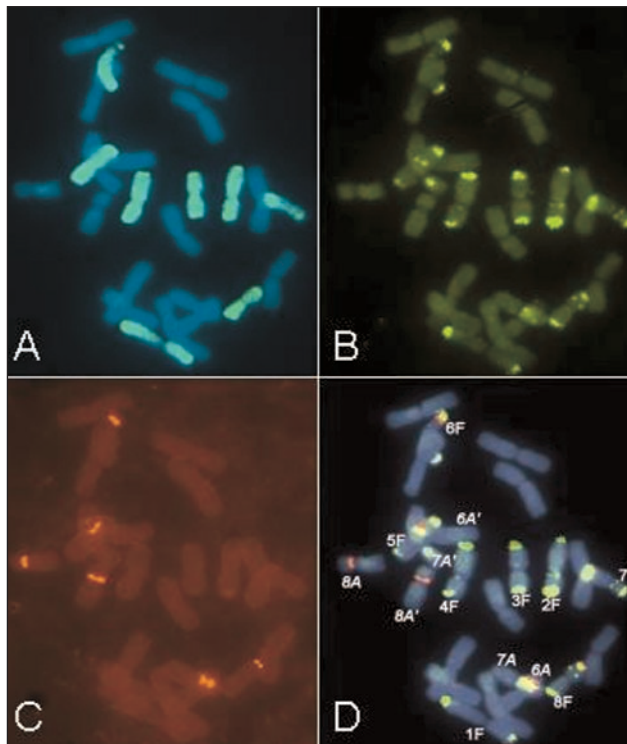


Abb. 2: Interspezifischer Bastard *A. fistulosum* x Porree. (A) Markierung der 8 Chromosomen des F-Genoms durch GISH mit DNA aus *A. fistulosum*; (B) Markierung der 8 Chromosomen des F-Genoms zusammen mit beiden Chromosomen 7 der A-Genome durch FISH mit Sonde AC-SAT; (C) Markierung der Chromosomen 6 und 8 der Genome A und F durch FISH mit Sonde 18/25S-rDNA; (D) Identifizierung von Einzelchromosomen der Genome A und F durch Zusammenfassung von (B) und (C)

Fig. 2: Interspecific hybrid *A. fistulosum* x leek. (A) Labelling of eight chromosomes of genome F by GISH with DNA from *A. fistulosum*; (B) Labelling eight chromosomes of genome F and of both chromosomes 7 of genomes A by FISH with probe AC-SAT, (C) Labelling six chromosomes 6 and 8 of genomes A and F by FISH with probe 18/25S-rDNA, (D) Identification of individual chromosomes of genomes A and F summarizing (B) and (C)

schen 32 und 35. 3 Pflanzen mit mehr als 48 Chromosomen entstanden unter Beteiligung von unreduzierten Gameten. Die Transmissionsrate betrug für Chromosom G(3C) 0,29, für Chromosom E(1C) 0,32 und für D(8C) 0,16.

Das Jugendwachstum der Kreuzungsnachkommen klassifizierte sich in zwei Wuchsformen mit reduzierter (R) bzw. normaler (N) Pflanzenentwicklung (Abb. 3). In Klasse R befanden sich neben Pflanzen ohne Addition auch solche mit ein- und zweifacher Addition, allerdings nicht mit dem *A. cepa*-Chromosom E. In Klasse N befanden sich ausschließlich Additionspflanzen, alle enthielten das Chromo-

Tab. 1: Häufigkeit und Wuchstyp der Chromosomen-Additionen in der Nachkommenschaft der Kreuzung dreifach monosome Zwiebel-Porree-Addition x Porree

Table 1: Frequency and growth type of chromosome additions in the progeny of cross of triple-monosomic onion-leek addition x leek

Chromosomen-Addition	Pflanzen	Wuchsform (N = normal, R = reduziert)
DEG	5 ¹	N
DE	0	R
DG	4	N
EG	11	
D	6	R
E	9	N
G	3	R
0 ²	34	R

¹ einschließlich der aus unreduzierten Gameten entstandenen Pflanzen

² ohne addiertes Zwiebel-Chromosom



Abb. 3: Chromosom E von *A. cepa* normalisiert die Wüchsigkeit von alloplasmatischen Porree (von links nach rechts: Additionen DEG, DG, EG, D, E, G, ohne Addition)

Fig. 3: Chromosome E of *A. cepa* normalizes the growth of alloplasmic leek (from left to right: additions DEG, DG, EG, D, E, G, without addition)

som E. Die einfache Addition E bewirkte normales Jugendwachstum. Dieses Ergebnis zeigt, dass *A. cepa*-Chromosom E (C1) genetische Faktoren trägt, die mit dem T-Cytoplasma in Wechselwirkung stehen.

Abstract:

The triploid hybrid between Japanese bunching onion, *A. fistulosum*, and leek, *A. ampeloprasum*, was obtained by sexual interspecific crosses. First results suggest a new resistance of *A. fistulosum* to thrips (*Thrips tabaci*) which was expressed in the hybrid. The hybrid plant was multi-

licated vegetatively and characterized karyotypically with GISH and FISH techniques.

(BAZ-1166)

3.2 Erzeugung von Linien mit neuen Resistenzen aus allotetraploiden Hybridnachkommenschaften der Kombinationen Kohl (*Brassica oleracea*) und Schwarzer Senf (*B. nigra*), Sareptasenf (*B. juncea*), Abessinischer Senf (*B. carinata*) bzw. Rettich (*Raphanus sativus*)

Generation of lines with new resistance from progenies of allotetraploids of the combination of cabbage (*Brassica oleracea*) with black mustard (*B. nigra*), Indian mustard (*B. juncea*), Abyssinian mustard (*B. carinata*) and radish (*Raphanus sativus*) respectively

Marthe, F.; Ryschka, U.; Scholze, P.; Richter, K.; Krämer, R. und Kecke, S.

Zielstellung/Aim:

Die Nachkommenschaftspopulationen somatischer Hybriden der Kombinationen Kohl (*Brassica oleracea*) (+) Schwarzer Senf (*B. nigra*), Sareptasenf (*B. juncea*) Abessinischer Senf (*B. carinata*) bzw. Rettich (*Raphanus sativus*) weisen Unterschiede hinsichtlich der Populationsgröße und der Generationszahl auf. In der am weitesten entwickelten Population aus der Kombination von *B. oleracea* und *B. nigra* werden bevorzugt Rückkreuzungen mit *B. oleracea* und anschließender Embryokultur sowie In-vitro-Verklonung durchgeführt, um morphologisch kohllähnliche, 18chromosomige Pflanzen mit neuer Resistenz zu selektieren. Diese Pflanzen sind umfassend zu charakterisieren. Die anderen Populationen werden entsprechend des jeweiligen Bearbeitungsstandes durch Selbstbestäubungsnachkommen und wenn möglich durch Rückkreuzungen mit *B. oleracea* weiterentwickelt. Die Ergebnisse der umfangreichen Resistenztests gegenüber *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, *Plasmidiophora brassicae*, *Phoma lingam*, getestet am Wurzelhals und auf dem Blatt und das *Turnip mosaic virus* (TuMV) sind die Grundlage für die Selektionsentscheidungen.

The progenies of the combination cabbage (*Brassica oleracea*) (+) black mustard (*B. nigra*), Indian mustard (*B. juncea*), Abyssinian mustard (*B. carinata*), and radish (*Raphanus sativus*) respectively exhibit differences in the population size and the number of generations after the respective protoplast fusion. The most developed progeny resulting from the combination of *B. oleracea* and *B. nigra* will be preferentially backcrossed with *B. oleracea*, with following embryo rescue and in vitro cloning. The aim is to select plants with 18 chromosomes, a morphology like cabbage and new resistances. These plants must be characterized extensively. The other progenies will be self-pollinated and, if possible, backcrossed with *B. oleracea* depending of the situation in each population. The results of extensive tests for resistance to black rot (*Xanthomonas*

campestris pv. *campestris*), clubroot (*Plasmidiophora brassicae*), *Phoma lingam* causing blackleg and leaf necrosis and *Turnip mosaic virus* (TuMV) are criteria for selection.

Ergebnisse:

Aus den Populationen des Anbaujahres 2002 standen die in Tabelle 1 aufgeführten Anzahlen von Genotypen in verschiedenen Generationen nach dem primären Regenerat (Generation F₀) der jeweiligen Fusion somatischer Protoplasten aus verschiedenen Kombinationen zur Verfügung.

Tab. 1: Anzahl der Genotypen und Generationen nach der Fusion somatischer Protoplasten unterschiedlicher Kombinationen im Versuchsjahr 2003

Table 1: Number of genotypes and generations after fusion of somatic protoplasts for experimental year 2003

Kombination	Generation	Anzahl Genotypen 2003
<i>Brassica oleracea</i> (+) <i>B. nigra</i>	8	78
<i>B. oleracea</i> (+) <i>B. carinata</i>	3	12
<i>Raphanobrassica</i> (<i>B. oleracea</i> (+) <i>Raphanus sativus</i>)	4 und 5	27
<i>B. oleracea</i> (+) <i>B. juncea</i> *	6	5

* Für die Kombination *B. oleracea* (+) *B. juncea* konnten im Jahr 2002 keine Nachkommen erzeugt werden. Hier konzentrierten sich die Arbeiten erneut auf fünf Genotypen der sechsten Nachkommenschaftsgeneration aus dem Anbaujahr 2002

Für die Weiterentwicklung des Materials sind generativ erzeugte Nachkommenschaften unerlässlich. Dazu wurden am dargestellten Material (Tabelle 1) insgesamt mehr als 8.000 Kreuzungen mit *B. oleracea* und mehr als 10.000 Selbstbestäubungen ausgeführt. Aus dem resultierenden Ansatz wurden knapp 1.000 Schoten geerntet und 575 Embryonen *in vitro* kultiviert.

Die Nachkommenschaft der Kombination *B. oleracea* (+) *B. nigra* ist die umfangreichste und im Hinblick auf die Anzahl der realisierten Generationen am weitesten entwickelt. Die Struktur der Populationen, die über sechs Jahre jeweils aus der Vorgängergeneration hervorgegangen sind, stellt Tabelle 2 dar. Der Anteil von Genotypen mit mindestens einem bis zu fünf Rückkreuzungsschritten mit *B. oleracea* wurde von 8,7 % im Jahr 1998 auf 47,3 % im Jahr 2003 gesteigert. Entsprechend sank der Anteil von Pflanzen, die in jeder Generation ausschließlich durch Selbstbestäubung entwickelt wurden.

Tab. 2: Anzahl und relativer Anteil von Genotypen mit unterschiedlicher Anzahl von Rückkreuzungen mit Kohl (*Brassica oleracea*) in sechs Nachkommenschaftsgenerationen der Kombination *B. oleracea* (+) *B. nigra*

Table 2: Number and percentage of genotypes with different numbers of backcrossing steps with cabbage (*Brassica oleracea*) for six progenies of the combination *B. oleracea* (+) *B. nigra*

Versuchsjahr	1998	1999	2000	2001	2002	2003
Anzahl Genotypen	126	135	133	102	104	78
Struktur	F ₃ : 115 (91,3 %)	F ₄ : 109 (80,7 %)	F ₅ : 71 (53,4 %)	F ₆ : 31 (30,3 %)	F ₇ : 34 (32,7 %)	F ₈ : 20 (25,7 %)
	F ₂ BC ₁ : 7 (5,5 %)	F ₃ BC ₁ : 21 (15,6 %)	F ₄ BC ₁ : 29 (21,8 %)	F ₅ BC ₁ : 32 (31,4 %)	F ₆ BC ₁ : 15 (14,4 %)	F ₇ BC ₁ : 9 (11,5 %)
	F ₁ BC ₂ : 4 (3,2 %)	F ₂ BC ₂ : 4 (3,0 %)	F ₃ BC ₂ : 30 (22,6 %)	F ₄ BC ₂ : 27 (26,5 %)	F ₅ BC ₂ : 39 (37,5 %)	F ₆ BC ₂ : 27 (34,6 %)
		F ₁ BC ₃ : 1 (0,7 %)	F ₂ BC ₃ : 3 (2,2 %)	F ₃ BC ₃ : 12 (11,8 %)	F ₄ BC ₃ : 8 (7,7 %)	F ₅ BC ₃ : 13 (16,7 %)
					F ₃ BC ₄ : 8 (7,7 %)	F ₄ BC ₄ : 3 (3,8 %)
						F ₃ BC ₅ : 6 (7,7 %)



Abb. 1: Klonpflanzen des Genotypes E03/111/1, F4BC4, a: E03/111/1.5, b: E03/111/1.6 mit Resistenz gegenüber der Adernschwärze (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) und der Kohlhernie (*Plasmiodiophora brassicae*)

Fig. 1: Clons of the genotype E03/111/1, F4BC4, a: E03/111/1.5, b: E03/111/1.6 resistant to black rot (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) and club root (*Plasmiodiophora brassicae*)

In der aktuellen Nachkommenschaft dieser Kombination liegt Resistenz vor gegenüber den für Kohl bedeutsamen Pathogenen, dem Erreger der Adernschwärze *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* und dem Erreger der Kohlhernie *Plasmiodiophora brassicae*. Mit steigender Anzahl von Rückkreuzungen mit Kohl sinkt der Anteil resistenter Genotypen (Tabellen 3, und 4). Der Genotyp E03/111/1 gehört zur Kombination *B. oleracea* (+) *B. nigra* und ist aus jeweils vier Selbstbestäubungsschritten und vier Rückkreuzungen mit *B. oleracea* entstanden. Er exprimiert Resistenz gegenüber beiden Pathogenen (Abb. 1).

Die Erschließung dieser Resistenzen für Kohl bedingt Pflanzen mit freier Kreuzbarkeit mit *B. oleracea* und einer kohlähnlichen Morphologie. Die Arbeiten werden bis zur Erreichung dieses Zieles weitergeführt.

Im Berichtszeitraum wurde die Datenbank zur Erfassung von morphologischen und Resistenzdaten sowie Inhaltsstoffen, die bisher der Nutzung innerhalb der Familie *Cruciferae* vorbehalten war, auf beliebig viele Pflanzenarten unterschiedlicher Familien erweitert.

Abstract:

From extensive backcrosses with cabbage (*Brassica oleracea*) and self pollinatings respectively of different groups of the material involved (Table 1) result 575 embryos in vitro culture. The progeny of protoplast fusion *B. oleracea* (+) *B. nigra* has the highest number of genotypes and progeny generations (Table 2, 3, 4). This Population is resistant to black rot caused by *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* and club root caused by *Plasmiodiophora bras-*

Tab. 3: Genotypen mit Resistenz bzw. Anfälligkeit gegenüber dem Erreger der Adernschwärze *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in der achten Nachkommenschaftsgeneration der Kombination *Brassica oleracea* (+) *B. nigra*

Table 3: Genotypes resistant and susceptible respectively to the black rot causing agent *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in the eighth progeny of combination *Brassica oleracea* (+) *B. nigra*

	F ₈	F ₇ BC ₁	F ₆ BC ₂	F ₅ BC ₃	F ₄ BC ₄	F ₃ BC ₅	gesamt
getestete Genotypen	20	9	24	12	3	5	73
resistent	11 (15,1 %)	1 (1,4 %)	7 (9,6 %)	7 (9,6 %)	1 (1,4 %)	0	27 (37,1 %)
anfällig	9 (12,3 %)	8 (11,0 %)	17 (23,3 %)	5 (6,8 %)	2 (2,7 %)	5 (6,8 %)	46 (62,9 %)

Tab. 4: Genotypen mit Resistenz bzw. Anfälligkeit gegenüber dem Erreger der Kohlhernie *Plasmodiophora brassicae* in der achten Nachkommenschaft der Kombination *Brassica oleracea* (+) *B. nigra*
 Table 4: Genotypes resistant and susceptible respectively to the club root causing agent *Plasmodiophora brassicae* in the eighth progeny of combination *Brassica oleracea* (+) *B. nigra*

	F ₈	F ₇ BC ₁	F ₆ BC ₂	F ₅ BC ₃	F ₄ BC ₄	F ₃ BC ₅	gesamt
getestete Genotypen	20	9	25	12	3	6	75
resistent	1 (1,3 %)	1 (1,3 %)	5 (6,7 %)	0	1 (1,3 %)	2 (2,7 %)	10 (13,3 %)
anfällig	19 (25,3 %)	8 (10,7 %)	20 (26,7 %)	12 (16,0 %)	2 (2,7 %)	4 (5,3 %)	65 (86,7 %)

sicae (Abb. 1). With a new progeny the work will be continued to reach plants with new resistance similar and free crossible to cabbage.

(BAZ-1160)

3.3 Erstellung interspezifischer Hybriden zwischen *Daucus carota* und *Apium graveolens* mittels somatischer Zellhybridisierung Development of interspecific hybrids between *Daucus carota* and *Apium graveolens* via somatic hybridization

Ryschka, U.; Nothnagel, T.; Simlat, M.; Schumann, G.; Klocke, E.

Zielsetzung/Aim:

Die Möhre *Daucus carota* und der Sellerie *Apium graveolens* gehören weltweit zu den wirtschaftlich bedeutendsten Apiaceen. Beide Arten werden relativ stark züchterisch bearbeitet. Umfangreiche Aktivitäten sind im Rahmen der Züchtungsforschung bei beiden Arten bezüglich der Resistenzen gegen pilzliche und tierische Schaderreger, der Entwicklung von Hybridsystemen, der Qualitätsverbesserung der Nutzorgane, sowie der Entwicklung von Markersystemen zu verzeichnen.

Ziel des Projektes ist es, durch interspezifische Hybridisierung mittels Protoplastenfusion neue genetische Ressourcen zu erschließen und die genetische Variabilität sowohl des Plasmons als auch des Genoms der Möhre und des Selleries zu erweitern.

Carrot *Daucus carota* and celery *Apium graveolens* are the economically most important Apiaceae worldwide. Both species are subject of intensively breeding. There are comprehensive activities in the breeding research concerning the resistances of fungal pathogens and pest, the development of hybrid systems, the improvement of the quality of useful organs and the developing of marker systems.

Main goal of the project is to open new genetic resources by using of interspecific hybridisation by protoplast fusion and to extend the genetic variability of plasmon as well as genome of both carrot and celery.

Ergebnisse:

Zur Überwindung der Kreuzungsinkompatibilität zwischen Arten mit einem genetisch weiten Verwandtschaftsgrad kann die Protoplastenfusion herangezogen werden. Diese Methode erlaubt sowohl Neukombinationen des Genoms als auch des Plasmons, die durch konventionelle Züchtungsprogramme nicht realisierbar sind.

Die Möhre *Daucus carota* und der Sellerie *Apium graveolens* sind sexuell nicht kreuzbar. Somatische Hybridisierungen könnten hier neue genetische Ressourcen erschließen. Wichtige Ziele sind die Kombination der Resistenzen gegenüber verschiedener Pathogene von beiden Eltern als auch die Übertragung der cytoplasmatischen männlichen Sterilität der Möhre. Beim Sellerie ist bisher noch keine männliche Sterilität bekannt.

Nach Erarbeitung der Methoden zur Isolierung, Kultur und Fusion von Hypokotyl- und Mesophyllprotoplasten aus der Möhre und dem Sellerie erfolgten die Durchführung der somatischen Hybridisierungsexperimente mit Polyäthylenglykol (PEG). Die Ausbeuten und die Stabilität der Protoplasten waren ausreichend. Die Verwendung von farblosen Hypokotyl- und grünen Mesophyllprotoplasten erlaubten eine frühzeitige mikroskopische Einschätzung der Zellverschmelzungsrate. Die ersten gewählten Parameter zur Protoplastenfusion ergaben befriedigende Ergebnisse. Erste Zellteilungen der kultivierten Protoplasten fanden 9 Tage nach der Zellhybridisierung mit PEG statt. Die morphologische Unterscheidung zwischen Eltern- und Hybridkolonien verschwand graduell nach 3-4 Zellteilungen. Ein Monat nach Kulturbeginn entwickelten die PEG-behandelten Protoplasten 2-3 mm große Zellkluster. Insgesamt wurden 202 Mikrokalluse auf Regenerationsmedium übertragen und nach 2 Monate Kulturdauer entstanden 143 Sprosse, von denen 72 bewurzelt werden konnte. Davon waren nur 33 Pflanzen in Erde überführbar. Vom Phänotyp entsprachen die erhaltenen Pflanzen der Möhre. Die Bestimmung des relativen DNA-Wertes (C-Wert) aller regenerierten Sprosse mittels Flowcytometrie ergab folgendes Bild: 16 Pflanzen (11 % aller Regeneratpflanzen) waren 4C (Tetraploid), 82 Pflanzen (57 %) hatten ein diploides Niveau (2C). Der Rest zeigte relative DNA-Werte zwischen 1C - 5C.

Eine sichere Identifizierung des Hybridcharakters der regenerierten Pflanzen war nur auf der Basis der DNA-Analyse möglich. Nach 6 RAPD-PCR mit verschiedenen De-

kamerprimern konnten 55 Pflanzen (76 %) der bewurzelten Regenerate als somatische Hybride bestimmt werden, die elternspezifische Amplifikationsprodukte enthielten. Daneben wurden im Elektropherogramm auch neue Banden, die nicht bei den Eltern auftraten, gefunden. Von den über die PCR-RAPD ermittelten Hybridpflanzen hatten 14 ein diploides Niveau (2C) und 21 einen tetraploiden DNA-Betrag (4C). Die anderen Pflanzen wiesen höhere C-Werte auf. Die Ergebnisse, dass ein großer Teil der Hybridpflanzen einen relativen DNA-Wert von 2C hatten und einen *Daucus*-ähnlichen Phänotyp zeigte sowie eine hohe Zahl Möhrenspezifischer Fragmente in den RAPD-Profilen aufwies, führte zu dem Schluss, dass unter den durchgeführten Fusionsbedingungen nur ein relativ kleiner Betrag an Sellerie-DNA in den erzeugten somatischen Hybriden übertragen wurde. Zur Verbesserung der molekularbiologischen Charakterisierung wurden zusätzlich AFLP-Untersuchungen durchgeführt. Bei AFLP-Reaktionen ist die Anzahl der festgestellten DNA-Polymorphismen pro Reaktion viel höher als bei RAPD-Amplifikationen. Diese Analysen ergaben ein klares Bild über das Vorhandensein von intergenomischen Rekombinationen zwischen den Fusionspartnern. Die Herkunft der Amplifikationsprodukte der RAPD- und der AFLP-Analyse ist hauptsächlich die Nuklear-DNA, so dass diese Fingerprints nur eine Information über diesen Teil der gesamten DNA ergeben. Für die Erfassung der Veränderungen der Zellorganellen-DNA wie cpDNA und mtDNA wurden RAPD-Methoden mit „Universal-Primer“ und die Southern-Technik herangezogen.

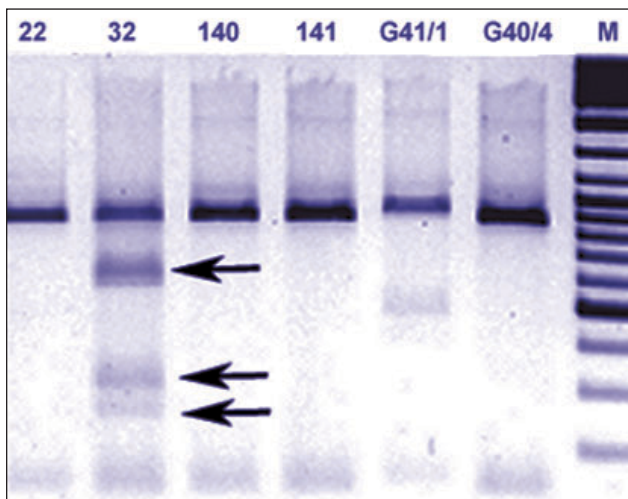


Abb 1: CpDNA Analyse von interspezifischen Hybridpflanzen (22, 32, 140, 141) und den beiden Fusionspartnern (G41/1-*A. graveolens*, G40/4-*D. carota*) unter Verwendung der Primer/Enzym Kombination trnD-trnT/AluI. M: 100 bp DNA Marker (MBI Fermentas)

Fig. 1: cpDNA analysis of the intergeneric hybrid plants (22, 32, 140, 141) and both fusion partners (G41/1-*A. graveolens*, G40/4-*D. carota*) using primer/enzyme combination trnD-trnT/AluI. M: 100 bp DNA ladder (MBI Fermentas)

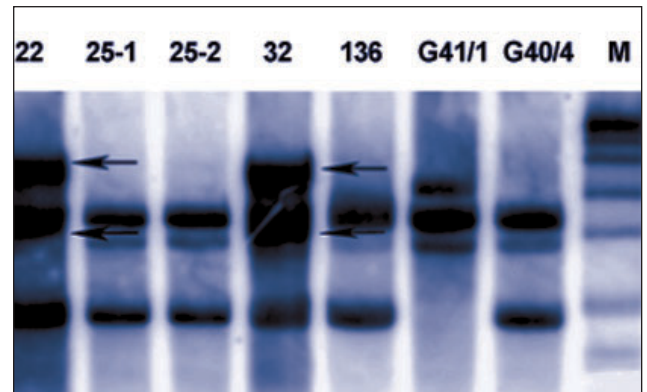


Abb. 2: Southern Hybridisierung von *EcoRI/HindIII* geschnittene genomische DNA der beiden Fusionspartnern (G41/1-*A. graveolens*, G40/4-*D. carota*) und von 5 wahrscheinlichen Hybridpflanzen (22, 25-1, 25-2, 32, 136) mit der mtDNA-spezifischen Sonde *clone4.0*, Pfeile illustrieren neue Fragmente. M: DIG markierte Molekularmarker VII (Roche Diagnostiks)

Fig. 2: Southern hybridisation of *EcoRI/HindIII* restricted genomic DNA of two parental species (G41/1-*A. graveolens*, G40/4-*D. carota*) and 5 putative somatic hybrid plants (22, 25-1, 25-2, 32, 136) with the mtDNA specific probe *clone4.0*, arrows indicate novel fragments. M: DIG labelled DNA molecular-weight marker VII (Roche Diagnostics)

Bei einer Hybridpflanze zeigte das Fingerprint in der cpDNA eine neue Bande (Abb. 1) und bei 4 regenerierten Pflanzen konnten in der mtDNA Neukombinationen identifiziert werden (Abb. 2). Weitere Untersuchungen der erhaltenen somatischen Hybridpflanzen zur Fertilität, Produktivität und Krankheitsresistenzen sind in Arbeit.

Da für die weitere konventionelle Bearbeitung mehr die Hybridpflanzen mit einem Sellerie-Phänotyp von großem Interesse sind, werden weitere Bedingungen der Methodik zur somatischen Hybridisierung untersucht. Erste Regeneratpflanzen nach der Protoplastenfusion mit sellerieähnlichen und intermediären morphologischen Merkmalen konnten produziert werden, deren molekularbiologischen Charakterisierungen noch ausstehen.

Abstract:

Hypocotyl protoplasts from *Apium graveolens* and mesophyll protoplasts from *Daucus carota* were fused using PEG. 143 shoots were regenerated and all of them were tested for ploidy level by flow cytometry. Thirty-three plants from rooted shoots were planted in soil. The hybridity of regenerated plants was verified in early stages of in vitro growth using RAPD-PCR, AFLP and „universal primers“. Greenhouse grown plants were characterised by Southern hybridisation. All plantlets obtained were morphologically similar to the mesophyll parent, but analysis of nucleic DNA shows a high degree of their genetic poly-

morphism. Cytoplasmic DNA analysis using „universal primers“ and specific probes revealed chloroplast and mitochondrial DNA rearrangement. Novel bands not present in cpDNA and mtDNA parental patterns were detected for one and four regenerated plants, respectively. The results presented show a successful formation of hybrid plants between celeriac and carrot on the genomic and cytoplasmic DNA level.

(BAZ-1164)

3.4 Erzeugung von *Brassica*-Pflanzen mit TuMV-Genen, Untersuchung zur Resistenz und Vererbung der Fremdgene

Creation of *Brassica* Plants with TuMV Genes - Investigations for Resistance and Heredity of Transgenes

Klocke, E.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Schubert, J.; Schumann, G.

Zielsetzung/Aim:

Die Bereitstellung von Pflanzen mit erhöhter Krankheitsresistenz ist von großer Bedeutung für eine nachhaltige und ökologisch verträgliche Landwirtschaft. Beim TuMV, einer wirtschaftlich bedeutenden Virose verschiedener Brassicaceen, werden nur selten natürliche Resistenzquellen evaluiert. Darüber hinaus ist es schwierig, diese Resistenz in Hochleistungssorten beim Kohl ohne Qualitätsverlust einzulagern. Da ein effektiver Pflanzenschutz aufgrund der Übertragung durch Aphiden bisher nicht etabliert werden konnte, sind pflanzeigene Resistenzmechanismen besonders wünschenswert. Aus diesem Grunde ist es Ziel der Forschungsarbeiten, den Gentransfer mittels *Agrobacterium* zur Resistenzinduktion gegen das TuMV als neue und alternative Möglichkeit zur Ergänzung klassischer Züchtungsmethoden zu prüfen. Die umfangreiche Aufgabe umfasst den Prozess des Gentransfers und die molekulare Charakterisierung der transformierten Pflanzen. Weiterhin sind Resistenztestungen und erste Untersuchungen zur Vererbung und Stabilität der übertragenen Gene durchzuführen.

Development of crops with improved resistance traits has got a big importance for a sustainable and environmental compatible agriculture. For TuMV, an economically important virosis of various Brassicaceae, natural resistance resources have been evaluated very rarely. Moreover, it is difficult to transfer these resistance traits into modern commercial varieties without loss of quality. An effective pest management fails since aphids are the vectors of this virus disease. For this reason plants with own resistance are preferable. Aim of the research is to proof if the gene transfer via *Agrobacterium* could be a new and alternative possibility complementary to classical breeding methods. The research project comprises the gene transfer process as well as the molecular characterisation of transformed

plants. Furthermore, resistance screening and investigations about the heredity and stability of the foreign genes should be performed.

Ergebnisse:

Nach Kokultivierung mit einer *Agrobacterium*-Suspension wurden 380 Regeneratpflanzen erhalten. Die Transformation erfolgte über Hypocotylexplantate von *in vitro* angezogenen Keimlingen der Blumenkohl-Sorte 'Korso'. Hohe Regenerationsraten bis fast 20 % bezogen auf die Anzahl der inkubierten Hypocotylexplantate wurden mit dem *Agrobacterium*-stamm EHA 105 erreicht. Es wurden die viralen Gene *PVY-cp*, *TuMV-cp* und *TuMV-NiB* zur Resistenzinduktion übertragen. Als Selektionsmarker diente das *pat*-Gen.

Alle Pflanzen wurden mit den genspezifischen Primern untersucht. Bei den gewählten Versuchsbedingungen stellten nicht transformierte Pflänzchen die Ausnahme dar. Mittels Southern-Hybridisierung konnten 2-6 Kopien der Fremdgene im pflanzlichen Genom gefunden werden. Die Primärpflanzen wurden *in vitro* verklont und für den Resistenztest im Gewächshaus vorbereitet.

Insgesamt 720 T₀-Pflanzen wurden mit dem TuMV-Isolat 2 inokuliert. Das TuMV-Isolat 2 gehört zum Pathotyp 4 und spielt als Erreger eine bedeutende Rolle in Mitteleuropa. Die Infektionsrate war bei allen Pflanzenlinien mit mehr als 80 % hoch. Von drei T₀-Pflanzen mit unterschiedlichem Resistenzverhalten (anfällig: B14/19, resistent: B18/49, „recovery Resistenz“: B18/48) wurde durch Selbstung T₁-Saatgut erhalten. Die PCR-Analysen der T₁-Pflanzen zeigten eine stabile Vererbung der Fremdgene. Von den insgesamt 39 untersuchten Pflanzen konnten bei 37 die übertragenen Gene nachgewiesen werden.

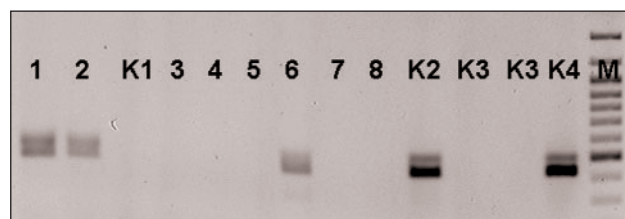


Abb. 1: IC-RT-PCR transgener T₁-Pflanzen. Anfällige Pflanzen zeigen ein PCR-Fragment (1,2,6), bei den resistenten Pflanzen ist kein Fragment (3,4,5,7,8); K1: nichtinfizierte, transgene Pflanze; K2: infizierte, nichttransgene Pflanze; K3: nichtinfizierte, nichttransgene Pflanze, K4: Positivkontrolle; M: 100 bp Leiter

Fig. 1: IC-RT-PCR of transgenic T₁-plants: Susceptible plants show a fragment (1,2,6); resistant plants not (3,4,5,7,8); K1: noninfected, transgenic plant; K2: infected, nontransgenic plant, K3: noninfected, nontransgenic plant, K4: positive control; M: 100 b.p. ladder

Das Resistenzscreening wurde im Gewächshaus, mittels DAS-ELISA und bei selektierten Pflanzen zusätzlich mit IC-RT-PCR durchgeführt.

Die Ergebnisse zeigten einen höheren Anteil resistenter Pflanzen und zwar weitgehend unabhängig vom Resistenztyp der T₀-Pflanze.

Die Ursachen dieses überraschenden Ergebnisses müssen mit weiteren Versuchen untersucht werden. Eine wichtige Schlussfolgerung könnte sein, dass Primärpflanzen aus der In-vitro-Kultur sich physiologisch von traditionell aus Samen erhaltenen Pflanzen unterscheiden.

Derzeit wird Saatgut für die T₂ vorbereitet und weitere Pflanzen der T₁ sollen im laufenden Projekt überprüft werden.

Tab. 1: Ergebnisse des Resistenzscreenings selektierter Pflanzen gegen das TuMV in T₀ und T₁

Table 1: Results of resistance screening of selected plants against TuMV in T₀ and T₁

Fremdgene	Pflanzen-Nr.	Generation	Resistente Pflanzen	Anfällige Pflanzen	Infektionsrate (%)
<i>PVY-cp</i>	B14/19	T ₀	1	16	94,1
<i>PVY-cp</i>	B14/19	T ₁	5	1	16,7
<i>TuMV-cp</i>	B18/48	T ₀	9	2	18,2
<i>TuMV-cp</i>	B18/48	T ₁	9	3	25,0
<i>TuMV-cp</i>	B18/49	T ₀	2	1	33,3
<i>TuMV-cp</i>	B18/49	T ₁	11	1	8,3

Abstract:

Via *Agrobacterium* mediated gene transfer 380 transgenic cauliflower plants variety 'Korso' harbouring the genes *PVY-cp*, *TuMV-cp* or *TuMV-Nib* were received. The selective gene was the *pat*-gene. The *Agrobacterium* strain EHA 105 revealed an high transformation efficiency up to 20 %. The regenerated plants were characterised by PCR and Southern hybridisation with gene specific probes. There were found 2-6 copies of the foreign gene in the plant genome.

720 plants partially cloned from 380 various primary regenerated transgenic plants (T₀) were tested against TuMV isolate 2 (pathotype 4), the most important isolate in Central Europe. The infection rate was high with about 80 %. Three selected plants with different resistance behaviour (susceptible, „recovery resistance“, resistant) were selfed for seed set. The resistance screening for T₁ shows a number of resistant plants. Plants developed directly from *in vitro* culture seem to be less suitable for resistance screening. One reason could be that such plants are physiologically different from their counterpart obtained from traditional propagules. Further plants of T₁ and T₂ will be investigated.

(BAZ-1165)

4. Molekulare Zytogenetik Molecular cytogenetic

4.1 Molecular-zytogenetische Analyse karyotypischer Differenzierungen zwischen Arten innerhalb der Gattungen *Allium* und *Alstroemeria* Molecular-cytogenetic analysis of karyotypic differentiations between species within generas of *Allium* and *Alstroemeria*

Schrader, O.; Baeza, C.M.; Budahn, H.; Peterka, H.

Zielsetzung/Aim:

Projektziel ist die molekular-zytogenetische Evaluierung evolutionärer Veränderungen im Karyotyp von *Allium*-Kulturformen (*A. cepa*, *A. fistulosum*) und verschiedenen Arten von *Alstroemeria* zum Beispiel *A. aurea*, *A. ligtu*, *A. hookeri*, *A. pelegrina* und *A. presliana*. Die Aufklärung karyotypischer Unterschiede zwischen diesen Arten ist ein wichtiges zytogenetisches Hilfsmittel für den Nachweis von Introgressionen in Artkreuzungen und zur taxonomischen Unterscheidung. Der Schwerpunkt des Projektes liegt in der Verwendung von Tandemrepeats (Satelliten-DNA-Sequenzen) in der FISH für die vergleichende Karyotypanalyse.

Aim of the project is the molecular-cytological evaluation of evolutionary changes in the karyotype of *Allium*-cultivated species (*A. cepa*, *A. fistulosum*) and different species of *Alstroemeria* e.g. *A. aurea*, *A. ligtu*, *A. hookeri*, *A. pelegrina* and *A. presliana*. The solution of karyotypical differences between these species is an important cytogenetic tool for the recognition of introgressions in interspecific hybrids and for taxonomic classifications. The emphasis of the project will be directed to the use of tandemrepeats (satellite DNA sequences) in FISH for comparative karyotype analysis.

Ergebnisse:

Allium

Bei *Allium fistulosum* (2n = 16) wurde die Satelliten-DNA-Sequenz AC-SAT erstmalig zur Karyotypanalyse eingesetzt. In der FISH zeigte es sich, dass die AC-SAT-Sequenz (375 bp lang) auf Grund ihrer hochgradigen Reiteration als zytologischer Marker wie in *A. cepa* auch in der taxonomisch nahe verwandten Art *A. fistulosum* einsetzbar ist. Diese Satelliten-DNA-Sequenz ist in beiden Arten überwiegend im Heterochromatin der Telomere lokalisiert. Für Karyotypanalysen sind die kleineren artspezifischen Cluster dieser Sequenz, die überwiegend in interstitiellen bzw. zentromernahen Chromosomenbereichen lokalisiert sind, geeignet. Bei *A. fistulosum* konnten nach der FISH solche artspezifischen Sites in den Chromosomen 2F - 8F detektiert werden (Abb. 1). Außerdem wurden durch die FISH mit 5S und 18/25S rDNA die Chromoso-

men 6F, 7F und 8F charakterisiert, wobei sich die Chromosomen 6F (mit Satellit) und 7F (nur ein Signal von 5S rDNA) von ihren *A. cepa*-Homöologen unterscheiden. Bisher wurden 11 Metaphasen vermessen. Für vergleichende Karyotypanalysen eigneten sich 5 Chromosomensätze. Weitere Vermessungen sind notwendig. Erstmals konnte für *A. fistulosum* ein B-Chromosom nachgewiesen werden (Abb. 2). Wie die meisten pflanzlichen B-Chromosomen ist auch dieses metazentrisch und weist nur 1/3 der durchschnittlichen Länge der 8 autosomen Chromosomenpaare auf. Ein besonderes Merkmal dieses B-Chromosoms ist die Lokalisation der AC-SAT-Sequenz im Telomer eines Armes, was ihre Abstammung vom Telomerbereich eines autosomen Chromosoms wahrscheinlich macht (alle Maßstäbe = 10 µm).

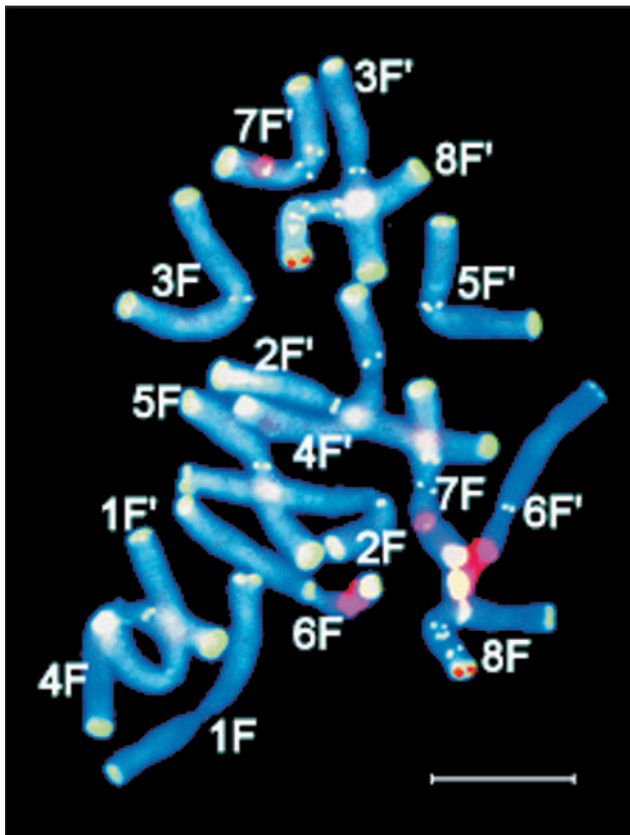


Abb. 1: Multiple FISH in *Allium fistulosum* mit DIG AC-SAT-DNA (gelb-weiß), BIO 18/25S-rDNA (rot), DIG/BIO 5S-rDNA (rot-gelb in Chromosom 7F) und DAPI-Gegenfärbung (blau); Klassifizierung der Chromosome 1F - 8F nach Vermessung

Fig. 1: Multipel FISH in *Allium fistulosum* with DIG AC-SAT DNA (yellow-white), BIO 18/25S rDNA (red), DIG/BIO 5S DNA (red-yellow in chromosome 7F) and DAPI counterstaining (blue); Classification of chromosomes 1F - 8F after measurement

Alstroemeria

Aus der Gattung *Alstroemeria* wird als Zierpflanze bisher nur *A. aurea* genutzt. Auch andere Wildformen aus dem natürlichen Verbreitungsgebiet in Chile sind in Ihrer Blüte

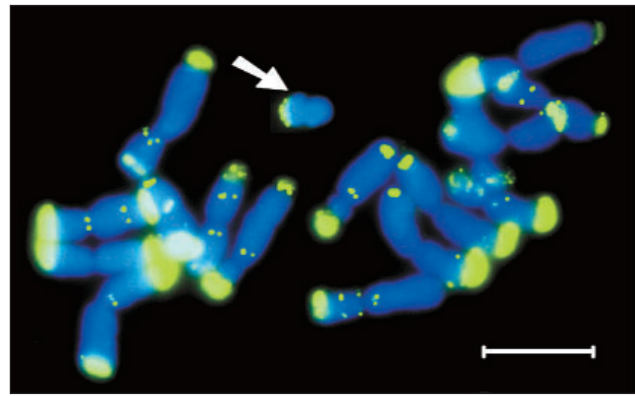


Abb. 2: FISH mit DIG AC-SAT-DNA (gelb) und DAPI-Gegenfärbung (blau) bei *Allium fistulosum*; B-Chromosom (Pfeil) mit Telomersignal (AC-SAT-DNA)

Fig. 2: FISH with DIG AC-SAT DNA (yellow) and DAPI counterstaining (blue) in *Allium fistulosum*; B-chromosome (arrow) with telomeric signal (AC-SAT DNA)

sehr ansprechend. Fünf in Chile endemisch vorkommende Arten von *Alstroemeria* wurden hinsichtlich möglicher Unterschiede im Karyotyp analysiert. Als zytologischer Marker in der FISH diente die Satelliten-DNA-Sequenz A001, deren Verwendung bezüglich *A. aurea* in der Literatur beschrieben wurde. Die A001-Sequenz ist ausschließlich im Heterochromatin von *A. aurea* lokalisiert und korreliert eng mit den DAPI-Banden (Abb. 20, 5S-rDNA). Es konnte nachgewiesen werden, dass diese Sequenz auch in *A. hookeri* hybridisiert. Außerdem kamen die ribosomalen RNA-spezifischen Gensequenzen der 5S- und 18/25S-rDNA zur Anwendung. Nach sequentieller FISH wurde die Hybridisierung aller 3 DNA-Proben in einer Metaphase dargestellt. Es besteht eine enge, aber nicht vollständige Übereinstimmung zwischen den Signalen der 18/25S-rDNA und A 001. Für *A. hookeri* ssp. *hookeri* und *A. presliana* ssp. *presliana* sind bisher keine Karyotypanalysen bekannt. Nach Vermessung der Chromosomenlängen von mindestens 10 Metaphasen pro Art wurden die Chromosomentypen entsprechend der Armverhältnisse und Zentromerpositionen, median (m), submedian (sm), terminal (t), subterminal (st) und Satellitenchromosomen (sat) (Levan 1964) klassifiziert (Tab. 1) bzw. im Idiogramm (Abb. 3) dargestellt. Große Unterschiede in den Chromosomentypen zeigten sich im Vergleich der Arten von *Alstroemeria* und auch zwischen verschiedenen Populationen von *A. hookeri* (Tab. 1). Im Populationsvergleich bei *A. aurea* waren bei gleichen Chromosomentypen die Lokalisationen der DNA-Proben A001, 5S- und 18/25S-rDNA nach der FISH bei 5 Chromosomen polymorph (Abb. 3). Dieses belegt die erhebliche Variabilität zwischen den in unterschiedlichen Regionen Chiles gesammelten Populationen und kennzeichnet die evolutionäre Dynamik bei *A. hookeri* und *A. aurea*.

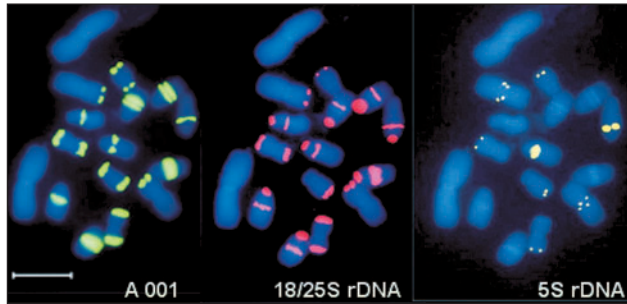


Abb. 3: Sequentielle FISH in *Alstroemeria aurea* ($2n = 16$) mit DIG 5S-rDNA (gelb-weiß) und BIO 18/25S-rDNA (rot) sowie in der zweiten FISH mit DIG A001 (gelb), DAPI-Gegenfärbung (blau)

Fig. 3: Sequential FISH in *Alstroemeria aurea* ($2n = 16$) with DIG 5S-rDNA (yellow-white) and BIO 18/25S-rDNA (red) and also in the second FISH with DIG A001 (yellow), DAPI counterstaining (blue)

Abstract:

Three DNA probes, AC-SAT (satellite DNA sequence with 375 bp), 5S rDNA and 18/25S rDNA were used in FISH for karyotype analysis of *Allium fistulosum*. The AC-SAT sequence was predominantly localized in the heterochromatin of the telomers. Smaller clusters of this sequence, locating interstitially and near to the centromers were used in karyotype analysis like in *A. cepa*. Such specific clusters were detected in chromosome 2F-8F of *A. fistulosum*. In difference to *A. cepa*, 6F had a satellite an 7F only one 5S rDNA signal which allows their identification in hybrids of bunching onion x leek. A B-chromosome was firstly detected in *A. fistulosum* with an telomeric site of the AC-SAT sequence.

In *Alstroemeria* it was shown after FISH that FISH with the satellite DNA A001 sequence (217 bp) is usable in karyotype analysis in combination with that of rRNA specific gene sequences. Several differences in chromosome morphology were detected between the karyotypes of the

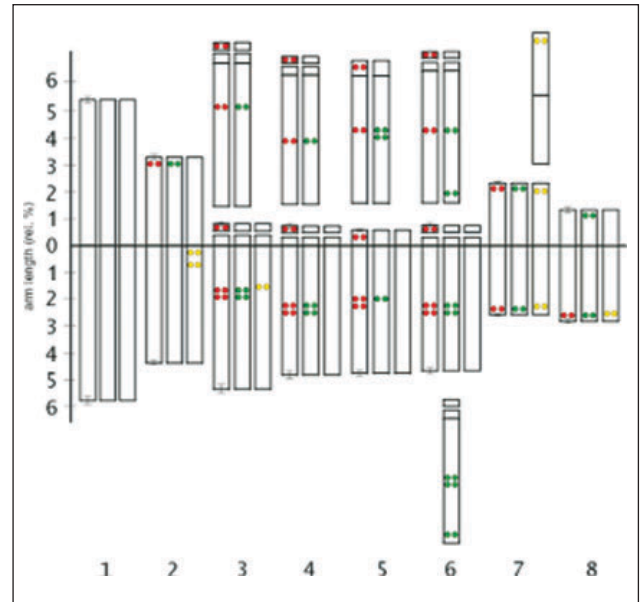


Abb. 4: Idiogramm der Chromosomen 1 - 8 von *Alstroemeria aurea* aus 3 Populationen nach Vermessung der Armlängen relativiert auf die Genomlänge mit Standardabweichungen der Chromosomenarme (bar). Signale nach FISH mit DNA-Proben: rot (18/25S-rDNA), grün (A 001) und gelb (5S-rDNA)

Fig. 4: Idiogramm of chromosomes 1 - 8 of *Alstroemeria aurea* from 3 populations after measurement of arm length relativized to the genome length with standard deviations of chromosome arms (bar). Signals after FISH with DNA probes: red (18/25S rDNA), green (A001) and yellow (5S rDNA)

5 investigated varieties of *Alstroemeria*. A high variability of detected signals was also shown within *A. aurea* in populations of different geographic origin which indicated their evolutionary dynamics. The investigated natural populations are interestingly resources for breeding of ornamental plants.

Tab. 1: Karyotypcharakterisierung bei *Alstroemeria* spp. (BAZ-1167)
Table 1: Karyotype features of *Alstroemeria* spp.

Arten (Populations-Nr.)	2n	Karyotypen (haploid) Anzahl Chromosomentypen
<i>A. pelegrina</i>	16	3m + 1sm + 4st-sat
<i>A. presliana</i>	16	4m + 1sm + 1st-sat + 1t-sat + 1t
<i>A. aurea</i> (1090)	16	3m + 1sm + 3t-sat + 1t
<i>A. aurea</i> (4197, 4201, 4202)	16	3m + 1sm + 3t-sat + 1t
<i>A. ligtu</i> (4178, 4179, 4180, 4184, 4185)	16	4m + 1sm + 3t-sat
<i>A. hookeri</i> (4175)	16	2m + 2m + 1t + 1t-sat + 1st + 1st-sat
<i>A. hookeri</i> (4175, 4187, 4189)	16	3m + 1sm + 1st-sat + 3st-sat

5. Hochwertige Arznei- und Gewürzpflanzen für den Verbraucher High-value medicinal and aromatic plants for the consumer

5.1 Entwicklung von Linien des einjährigen Kümmels (*Carum carvi* var. *annuum hort*) für die Züchtung ertragreicher synthetischer Sorten Development of annual caraway lines (*Carum carvi* var. *annuum hort*) for the breeding of high-yield synthetic varieties

Pank, F.; Krüger, H.

Zielstellung/Aim:

Durch die Einführung des einjährigen Kümmels anstelle der bisher kultivierten zweijährigen Formen kann die Wettbewerbsfähigkeit des Anbaus wesentlich verbessert werden. Nachdem die Züchtung von einjährigem Kümmel mit einem gesteigerten Gehalt an ätherischem Öl gelungen ist, soll nunmehr der Ertrag durch die Züchtung von synthetischen Sorten angehoben werden. Als Voraussetzung werden im Rahmen des Projektes genetisch diverse Linien mit hoher Eigenleistung aus Kreuzungsnachkommen von zwei- und einjährigem Kümmel entwickelt. Diese Linien stehen nach Abschluss des Projektes für den Test auf Kombinationseignung und die Verwendung als Komponenten für synthetische Sorten zur Verfügung.

The competitiveness of caraway cultivation can be considerably improved by the introduction of annual instead of the traditionally cultivated biennial genotypes. After the successes in breeding of annual caraway with improved essential oil content the breeding activities shall be continued rising the yield by the development of synthetic varieties. As a prerequisite genetically diverse lines with high per se performance will be developed from cross progenies of biennial and annual caraway in the frame of this project. These lines are available for combination ability tests and for the use as components of synthetic varieties after the project has been finished.

Ergebnisse:

Für die Entwicklung potentieller genetischer Komponenten für die anvisierten synthetischen Sorten steht genetisch diverses Material des IGK zur Verfügung, das aus Kreuzungen eines einjährigen Kümmelzuchtstammes mit verschiedenen zweijährigen Kümmelsorten hervorgegangen ist. Die zu entwickelnden Linien müssen eine hohe Eigenleistung aufweisen, das bedeutet neben einem hohen Ertrag auch einen Gehalt der Früchte an ätherischem Öl von mindestens 3 % und einen Carvongehalt des ätherischen Öles im Bereich von 50 - 65 %. Die Linien werden durch drei Zyklen von Selektion und isolierter Abblüte von Eli-

tepflanzen und Prüfung ihrer Nachkommenschaften bis zur I₃ im Jahre 2004 entwickelt. Die Kombinationseignungsprüfung ist für die Jahre 2005 und 2006 vorgesehen. Der Ertrag (g/Einpflanze) wird durch Ernte und Aufbereitung der Einzelpflanzen und der Gehalt der Früchte an ätherischem Öl (% v/g) und des Carvongehaltes des ätherischen Öles (% v/v) mit Hilfe der Nah-Infrarot-Spektroskopie bestimmt.

Abb. 1 zeigt die Einzelpflanzen mit isolierten Blüten im Zuchtgarten. In Tab. 1 sind die wichtigsten Merkmale der Mittelwerte der 2002 geprüften besten I₁-Populationen aufgeführt, die sich durch hohen Ertrag aber auch durch einen hohen Gehalt an ätherischem Öl bei angemessenem Carvacrolgehalt des äth. Öles auszeichnen müssen. Da hoher Ätherischöl-Gehalt häufig nicht mit einem hohen Ertrag korrespondiert, mussten einige I₁-Populationen trotz guter Erträge von der weiteren züchterischen Bearbeitung ausgeschlossen werden.



Abb. 1: Isolierte Dolden von Einzelpflanzen des einjährigen Kümmels

Fig. 1: Isolated umbels of individual plants of annual caraway

Tab. 1: Eigenschaften von I₁-Populationen des einjährigen Kümmels, 2002
Table 1: Characteristics of I₁-strains of annual caraway, 2002

PG	Ertrag (g/EP)	äth. Öl (% v/g)	Carvon (% v/v)	PG	Ertrag (g/EP)	äth. Öl (% v/g)	Carvon (% v/v)
12	29,3	4,61	65,1	16	39,2	4,52	58,9
13	49,4	3,60	63,4	17	36,4	4,10	63,9
14	38,7	4,99	58,4	18	38,3	4,51	61,0
15	42,9	4,15	57,3	20	30,7	4,09	58,0
GD α 5 % (Tukey)					15,0	0,84	4,0

Abstract:

Diverse genetic IGK material originating from crossings of different biennial caraway varieties with an annual strain is used as initial material for the development of genetic components for the aspired synthetic varieties. The lines needed must have a high per se performance, that means, in addition to a high yield, an essential oil content of the fruits of at least 3 % and a carvone content of the essential oil in the range of 50 - 65 %.

The lines will be developed by three cycles of selection and inbreeding of elite plants and tests of their progenies up to I₃ in 2004. The accomplishment of the combination ability test is intended for 2005 and 2006.

The yield (g/individual plant) is determined by harvest and processing of individual plants and the essential oil content of the fruits (% v/w) and the carvone content of the essential oil (% v/v) are analyzed by means of near-infrared-spectroscopy.

Fig. 1 shows the individual plants with isolated flowers on the experimental field. Table 1 presents the most important characteristics of the best I₁-populations tested in 2002 which must excel by high yield, high essential oil content and adequate carvacrole content of the essential oil. Despite good yields, some I₁-populations had to be excluded from further development by breeding because high essential oil content often does not correspond with high yield.

(BAZ-1155)

5.2 Genetische und pflanzenbauliche Grundlagen für die Erzeugung von kleinfrüchtigem Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare*) im traditionellen Anbau von Sachsen-Anhalt

Genetic- and agronomical fundamentals for the production of pharmaceutically used fennel (*Foeniculum vulgare*) in the traditional crop area in Saxony-Anhalt

Pank, F.; Krüger, H.

Zielstellung/Aim:

Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare*) nimmt einen festen Platz im Arzneipflanzenanbau Deutschlands ein. Er wird traditionell in Sachsen-Anhalt angebaut. Das Forschungsprojekt stellt sich das Ziel, die Wettbewerbsfähigkeit des Fenchelanbaus durch genetische und pflanzenbauliche Grundlagen für die Erzeugung von kleinfrüchtigem Fenchel zu verbessern, der für die Tee-Aufgussbeutel-Produktion benötigt wird und dessen Inhaltsstoffe den Anforderungen des Europäischen Arzneibuches gerecht werden. Das Projekt wird vom Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt gefördert. Die pflanzenbaulichen Grundlagen werden von Kooperationspartnern erarbeitet: Einfluss unterschiedlichen Standraumes auf Ertrag, Fruchtgröße und Inhaltsstoffe und Ermittlung der Genotyp-Standraum-Interaktion. Eine Mustertechnologie für die landwirtschaftliche Produktion von kleinfrüchtigem Arzneifenchel wird den landwirtschaftlichen Erzeugern zur Verfügung gestellt. Aufgaben der Züchtungsforschung werden an der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen Quedlinburg bearbeitet. Diese umfassen die Untersuchung der Kombinierbarkeit von Kleinfrüchtigkeit und hohem Gehalt an ätherischen Öl durch Kreuzung geeigneter Donoren, die Ermittlung des Erfolges bei simultaner Selektion auf Kleinfrüchtigkeit und hohem Ätherischöl-Gehalt und die Entwicklung von Ausgangsmaterial für die Sortenzüchtung.

The cultivation of pharmaceutically used fennel (*Foeniculum vulgare*) takes an important position in Germany. It is

traditionally cultivated in Saxony-Anhalt. The research project aims at improving the competitiveness of fennel cultivation by genetic and agronomic fundamentals for the production of small grained fennel, which is needed for the tea bag production and whose compounds meet the requirements of the European Pharmacopoeia. The research project is funded by the federal country of Saxony-Anhalt. Research for the development of agronomic fundamentals is performed by co-operation partners. The influence of different standing area on yield, fruit size and compounds and the genotype-standing area interaction is studied. A model technology for cropping of small grained fennel will be provided. The part of breeding research is performed by the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants Quedlinburg. These tasks include the investigation of the feasibility of the combination of the traits „small grain“ and „high essential oil content“ by crossing of appropriate donors, the response of simultaneous selection on small shaped fruits and high essential oil content and the provision of basic material for subsequent variety breeding.

Ergebnisse:

Zur Ermittlung der Kombinierbarkeit der Merkmale Kleinfrüchtigkeit und hoher Gehalt an ätherischem Öl wurden die kastrierten Blüten von 9 Einzelpflanzen einer großfrüchtigen Population mit hohem Gehalt an ätherischem Öl mit dem Pollengemisch von 9 Einzelpflanzen einer Population mit kleinen Früchten und geringem Gehalt an ätherischem Öl bestäubt. Durch isolierten Anbau von Einzelpflanzen der entstandenen F₁ wurde das F₂-Saatgut gewonnen. Abb. 1 zeigt die unterschiedliche Fruchtgröße der Kreuzungseltern.

Die Bewertung der Tausendkornmasse (TKM) erfolgt durch manuelle Auszählung mit anschließender Wägung und die Bestimmung des Gehaltes der Früchte an ätherischem Öl (% v/g) und der Komponenten des ätherischen



Abb. 1: Unterschiedliche Fruchtgröße der Kreuzungseltern

Fig. 1: Different fruit shape of the crossing parents

Öles (% v/v) mit Hilfe der Nah-Infrarot-Spektroskopie. Der Vergleich der Nachkommen von Elitepflanzen, die aus der F₁ [S2(F₁)] und aus der F₂ [S1(F₂)] ausgelesen wurden, mit den Ausgangspopulationen gibt über den Erfolg der Selektion auf sowohl Kleinfrüchtigkeit als auch hohen Gehalt an ätherischem Öl Auskunft.

Im Jahre 2002 wurden die Populationen der Eltern, der F₁ und der F₂ in einem Feldversuch angebaut, um durch Bewertung der Einzelpflanzen Schlussfolgerungen über die Kombinierbarkeit der erwünschten Ausprägung beider Merkmale abzuleiten.

Frühzeitiger Frost und orkanartiger Sturm im Herbst beeinträchtigten die Auswertbarkeit des Versuches, der deshalb 2003 erneut angelegt wurde. Tab. 1 enthält die 2002 ermittelten Ergebnisse, die als vorläufig gewertet werden sollten. Populationen mit den gleichen Buchstaben in der Spalte „Statistische Sicherung“ unterscheiden sich nicht signifikant.

Die Boniturnoten des Ertrages weisen keine erheblichen Unterschiede auf. Die gegensätzliche Ausprägung von Ölgehalt und TKM bei den Eltern wird durch die experimentellen Ergebnisse bestätigt. F₁ und F₂ unterschieden sich kaum. Ölgehalt und Korngröße werden intermediär vererbt. Eine signifikante Selektionsresponse beider Merkmale konnte nur bei der zweimaligen Selektion beginnend mit der F₁ [S2(F₁)] nachgewiesen werden.

Abstract:

For testing the feasibility of the combination of small shaped fruits with high essential oil content, castrated

flowers of ten individual plants of a population with big fruits and high essential oil content were pollinated with the pollen mixture of nine individual plants of a population with small fruits and low essential oil content. The F₂ seeds were produced by isolated cultivation of individual plants of the resulting F₁. Fig. 1 demonstrates the differing fruit shape of the crossed parental forms. The evaluation of the thousand seed weight (TWS) is performed by manual counting and subsequent weighing of the fruits. The essential oil content of the fruits (% v/w) and the components of the essential oil (% v/v) were determined by near-infrared-spectroscopy. The comparison of the elite plants progenies selected from the F₁ [S2(F₁)] and the F₂ [S1(F₂)] with the starting populations provides information on the response to simultaneous selection for both small fruits and high essential oil content. Populations of the parents, the F₁ and the F₂ were cultivated in a field experiment in 2002 to derive conclusions on the fitness for combination of both traits by evaluation of the individual plants. Early frost and heavy storms in autumn affected the conditions for the evaluation of the experiment. Therefore, it was established a new in 2003. Table 1 shows the results of 2002 which should be assessed as preliminary. Populations with the same letter are not significantly different. The scores of the yield are not substantially different. The unlike expression of the essential oil content and the thousand seed weight of both parents is confirmed by the experimental results. There are not great differences between F₁ and F₂. Essential oil content and fruit shape are obviously inherited intermediately. The selection response proved to be significant only after two-fold selection starting with the F₁ [S2(F₁)].

In Zusammenarbeit mit: Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau des Landes Sachsen-Anhalt, Abt. Bernburg, Isolde Reichardt; Majoranwerk Aschersleben GmbH, Jörg Overkamp; Agrargenossenschaft Hedersleben e.G., Lutz Trautmann

Tab. 1: Populationsvergleich: mütterlicher Elter, väterlicher Elter, F₁,F₂, S1(F₂), S2(F₁), Quedlinburg 2002 (fv220)

Table 1: Comparison of populations: mother, father, F₁,F₂, S1(F₂), S2(F₁), Quedlinburg 2002 (fv220)

PG-Nr	Abstammung	Ertragsnote (Bonitur) *	Ölgehalt (% v/g)	Statist. Sicherung (Tukey)	TKM (g/1000 Früchte)	Statist. Sicherung (Tukey)
02,03	Mütterlicher Elter	6,27	11,91	A	9,91	A
04,05	Väterlicher Elter	6,71	6,10	E	3,17	E
06,07	Mischung F ₁	6,65	8,71	D	5,32	C
08-16	F ₂	6,12	9,00	CD	5,71	C
18-21	S1(F ₂)	6,71	9,50	BC	5,28	C
22-25	S2(F ₁)	7,08	9,56	BC	4,66	D
01,17	'Berfena'	6,23	9,58	B	7,68	B
	GD $\alpha = 5\%$ (Tukey)		0,56		0,47	

* = Ansatz: 9 = sehr guter, 7 = gut, 5 = mittel, 3 = gering, 1 = kein

5.3 Entwicklung von Arzneifenchelformen (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *vulgare*) mit neuen Werteigenschaften und Resistenz gegen *Mycosphaerella anethi*

Development of bitter fennel forms (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *vulgare*) with new important characters and resistance to *Mycosphaerella anethi*

Pank, F.; Krüger, H.

Zielstellung/Aim:

Die wichtigste Voraussetzung für die Sicherung und Erweiterung des Fenchelaufkommens aus heimischem Anbau ist die Bereitstellung von Fenchelsorten für die Tee-Aufgussbeutel-Produktion mit kleinen Früchten und Resistenz gegen *Mycosphaerella anethi*. Die Inhaltsstoffe müssen den Forderungen des Europäischen Arzneibuches gerecht werden: Mindestens 4 % ätherisches Öl in den Früchten mit > 60 % trans-Anethol, > 15 % Fenchon und < 5 % Estragol. Es sollen zwei Typen von Linien entwickelt werden, die als Donoren der gewünschten Eigenschaften verwendet werden können: Typ 1 erfüllt die agrotechnischen und chemischen Forderungen an einen kleinfrüchtigen Arzneifenchel, Typ 2 wird als Träger der Resistenz entwickelt. Die Linien stehen nach Abschluss des Projektes für die Kombinationszüchtung zur Verfügung.

The most important prerequisite for a stable and even extended fennel supply from domestic cultivation is the provision of fennel varieties with small fruits suitable for tea bag production and with resistance to *Mycosphaerella anethi*. The important compounds must comply with the requirements of the European pharmacopoeia: at least 4 % essential oil in the fruits with > 60 % trans-anethol, > 15 % fenchone and < 5 % estragol. Two types of lines shall be developed as donors of the required characteristics: type 1 to meet the agronomic and chemical requirements for bitter fennel with small fruits, type 2 to be used as donor of disease resistance. The lines will be available for combination breeding after the project has been finished.

Ergebnisse:

Die Linien werden beginnend mit dem Jahre 2001 durch Selektion von Elitepflanzen und nachfolgende Prüfung ihrer Nachkommen entwickelt. Ausgangsmaterial sind geeignete Populationen der BAZ, die aus der Evaluierung zahlreicher Akzessionen mit nachfolgender züchterischer Bearbeitung hervorgegangen sind. Die Bestimmung des Gehaltes der Früchte an ätherischem Öl (% v/g) und der Komponenten des ätherischen Öles (% v/v) erfolgte mit Hilfe der Nah-Infrarot-Spektroskopie. Die Testpopulationen wurden durch einen Spreader unter natürlichen Bedingungen im Freiland mit *M. anethi* infiziert. Die Bewertung der Befallsintensität erfolgte



Abb. 1: Befall des Stängels einer Fenchelpflanze durch *Passalora puncta*, einem Anamorph von *M. anethi*

Fig. 1: Stem of a fennel plant infected by *Passalora puncta*, an anamorph of *M. anethi*

durch Bonitierung der Schadsymptome mit den Noten 1 (kein Befall) bis 9 (Totalbefall). Abb. 1 zeigt einen von *Passalora puncta* (Anamorph von *M. anethi*) befallenen Stängel einer Fenchelpflanze.

Tabelle 1 enthält die Ergebnisse der Bewertung der 2002 geprüften Familien von für die Entwicklung *Mycosphaerella* resistenter Linien selektierten Elitepflanzen

Der *Mycosphaerella*-Befall der Familien der Elitepflanzen lag deutlich unter der Vergleichssorte 'Berfena'. Vollständige Befallsfreiheit wiesen die Prüfglieder zwei und drei auf. Der Gehalt an ätherischem Öl betrug jedoch bei den meisten Prüfgliedern weniger als die Hälfte der Vergleichssorte und lag zum Teil unter der von der Pharmakopöe geforderten Mindestgrenze von 4 %. Auch der Fenchongehalt des ätherischen Öles erreichte bei vier Prüfgliedern nicht den geforderten Mindestwert von 15 %, während Anethol- und Estragolgehalt des ätherischen Öles

Tab. 1: Eigenschaften von Familien für die Entwicklung *Mycosphaerella* resistenter Linien selektierter Fenchel-Elitepflanzen. Quedlinburg 2002 (fv222)

Table 1: Characteristics of elite fennel plant families selected for the development of *Mycosphaerella* resistant lines. Quedlinburg 2002 (fv222)

PG	Mycos. Note	äth. Öl % v/g	Anethol % v/v	Fenchon % v/v	Estragol % v/v
'Berfena'	7,0	11,41	63,7	25,0	2,32
2	1,0	3,10	81,4	10,2	3,09
3	1,0	3,02	75,2	17,5	2,86
4	3,5	4,10	83,4	13,3	2,99
5	5,0	6,10	73,4	18,2	2,71
6	3,5	4,84	82,6	13,9	2,91
7	3,5	6,39	78,6	14,3	2,87
GD α 5 % (Tukey)	2,9	1,81	8,6	6,2	0,29

bei allen Prüfgliedern den Arzneibuchforderungen entsprechen. Trotz des erzielten Selektionsfortschrittes zeigen die Ergebnisse, dass das verfügbare weniger *Mycosphaerella* anfällige genetische Material das hohe Inhaltsstoffniveau eingeführter Sorten nicht erreicht, so dass der Entwicklung resistenter Linien Rückkreuzungsprogramme zur Einlagerung des geforderten Chemotyps folgen müssen.

Abstract:

The lines were developed by selection of elite plants and subsequent progeny testing starting from 2001. Suitable populations from the Federal Centre originating from the evaluation of numerous accessions and consecutive improvement were used as starting material. The essential oil content of the fruits (% v/w) and the components of the essential oil (% v/v) were determined by near-infrared-spectroscopy. The test populations were infected by a highly *Mycosphaerella*-susceptible spreader on the experimental field. The susceptibility is evaluated by scoring the symptoms (1 = without infestation, 9 = thorough infestation). Fig. 1 shows the stem of a fennel plant infested by *Passalora puncta* - an anamorph of *M. anethi*. Table 1 informs about the characteristics of families tested in 2002. The families originated from elite plants selected for the development of *Mycosphaerella* resistant lines.

The *Mycosphaerella* infestation of the elite plant families under-run considerably the reference cultivar 'Berfena'. The variants two and three were thoroughly resistant.

But, the essential oil content of most variants amounted to less than half of the reference cultivar and under-run partly the minimum value of 4 % required by the pharmacopoeia. Also the fenchone content of the essential oil of four variants did not achieve the required minimum value of 15 %, whereas the anethole and estragole content of the essential oil complied with the pharmacopoeia requirements in every case. Despite the achieved selection response, the results show that the less susceptible genetic material available does not reach the high level of important constituents of established cultivars. Therefore, the development of resistant lines must be complemented by back crossing programs for the introgression of the desired chemotypes.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Genbank, K. Hammer und A. Graner

(BAZ-1154)

5.4 Entwicklung von Basismaterial des Johanniskrautes (*Hypericum perforatum*) und seine Verwendung zur Merkmalsübertragung bei der Züchtung welkeresistenter Sorten

Development of starting material of Saint John's Wort (*Hypericum perforatum*) and its use for trait transfer in breeding of wilt resistant varieties

Kästner, U.; Pank, F.; Scholze, P.

Zielstellung/Aim:

Johanniskraut ist eine der wichtigsten Arzneipflanzen Deutschlands. Der Anbau ist durch die Johanniskrautwelke stark gefährdet. Pflanzenzüchter sind an der Kombination wichtiger Merkmale verschiedener Genotypen durch Kreuzung interessiert, z. B. der Resistenz gegenüber dem Welkeerger (*Colletotrichum gleosporioides*) und dem Gehalt an pharmazeutisch interessanten Inhaltsstoffen. Da sich Johanniskraut vorwiegend apomiktisch fortpflanzt, ist die Suche nach sexuellen Pflanzen für Kreuzungen von Bedeutung.

Nachdem sexuelle Johanniskrautpflanzen und Donoren der Welkeresistenz im Rahmen eines vorangegangenen Projektes gewonnen wurden, werden nunmehr im Rahmen eines weiteren von der FNR geförderten Verbundprojektes am IGK spezifische Linien mit Welkeresistenz, hohem Gehalt an Hypericin/Hyperforin und sexueller Reproduktion für die Kreuzungskombinationszüchtung entwickelt.

Durch methodische Ergebnisse zum Resistenztest, zur Bestimmung des Reproduktionstyps an Flow-Cytometer und Mikroskop sowie durch Ermittlung des Selektionsresponse bei der Linienentwicklung entstehen neue Erkenntnisse für die Züchtungsmethodik beim Johanniskraut.

Durch den Verbundpartner N. L. Chrestensen Erfurter Samen- und Pflanzenzucht GmbH werden mit definiertem Material des IGK Kreuzungsexperimente durchgeführt, um die Kombinierbarkeit erwünschter Merkmale unter den Bedingungen der besonderen Reproduktionsbiologie des Johanniskrautes zu erproben. Dabei wird die unterschiedliche Ausprägung der Sexualität und Apomixie für die Rekombination bzw. die rasche genetische Fixierung erwünschter Genotypen genutzt.

St. John's wort is one of the most important medicinal plants in Germany. The cultivation is severely endangered by the St. John's wort wilt. Plant breeders are interested in combining important traits - e. g. wilt (*Colletotrichum gleosporioides*) resistance and the content of pharmaceutically interesting substances - from different genotypes by crossing. Since St. John's wort reproduces primarily by apomixis the search of sexual plants is important for crossing.

In a previous project funded by FNR, the IGK screened sexual St. John's wort populations to find particularly suitable populations for cross combination and selected

donors of wilt resistance. The present project focuses on the development of lines characterized by wilt resistance, high hypericin/hyperforin content and sexual reproduction pathway.

New breeding-relevant findings arose from methodical results on resistance testing, the determination of the reproductive pathway by flow cytometry and microscopy as well as the determination of the response to selection during line development.

The project partner N. L. Chrestensen Erfurter Samen- und Pflanzenzucht GmbH carries out crossing experiments with well-defined genetic IGK material to test the feasibility of cross combination of requested characteristics under the conditions of the specific reproduction biology of St. John's wort. Thereby the different expression of sexuality and apomixis is used for recombination or the fast genetic fixation of desired genotypes.

Ergebnisse:

Saatgut und Stecklinge selektierter Pflanzen aus 140 verschiedenen Akzessionen des vorangegangenen Projektes 97NR135-F, die besonders wertvolle Eigenschaften als Ausgangsmaterial für die Johanniskrautzüchtung aufwiesen, wurden in die Entwicklung spezifischer Linien einbezogen.

Bei der Entwicklung resistenter Linien wurde die Anfälligkeit gegenüber dem Erreger der Johanniskrautwelke (*Colletotrichum cf. gloeosporioides*) im Freiland und im Gewächshaus nach Behandlung der Pflanzen mit einer Konidien suspension des Pilzes ermittelt.

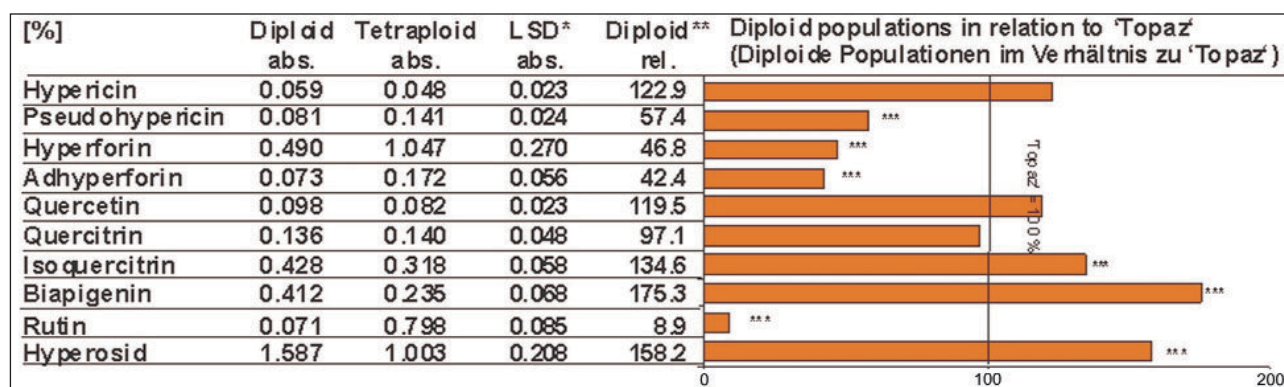
Pflanzen mit einem hohen Gehalt der wesentlichen Inhaltsstoffe Hypericin- und Hyperforin wurden in zwei um ein Jahr versetzt laufenden Versuchsserien selektiert. Die Bestimmung des Hypericin- und Hyperforingehaltes erfolgte an getrockneten Blütenhorizonten von Prüfglied-

mischproben und Einzelpflanzen in einem Dienstleistungslabor mittels HPLC. Bei der Kreuzung von z. B. Pflanzen mit einem hohen Gehalt pharmazeutisch interessanter Substanzen mit diploiden sexuellen Partnern müssen die Eigenschaften dieser bekannt sein, um die Übertragung ungewünschter Merkmale durch Kreuzung zu vermeiden. Der Gehalt an folgenden Inhaltsstoffen wurde zum Vergleich bei sieben diploiden Populationen und der tetraploiden fakultativ apomiktischen Sorte 'Topaz' bestimmt: Hypericin, Pseudohypericin, Hyperforin, Adhyperforin, Quercetin, Quercitrin, Isoquercitrin, Biapigenin, Rutin, Hyperosid.

Das Inhaltsstoffmuster diploider und tetraploider Johanniskrautpflanzen war das gleiche, aber der Gehalt an einigen Inhaltsstoffen differierte signifikant. Der Gehalt an Pseudohypericin, Hyperforin, Adhyperforin und Rutin war in tetraploiden Pflanzen der Standardsorte 'Topaz' signifikant höher während der von Isoquercitrin, Biapigenin und Hyperosid in der sexuellen diploiden Nachkommenschaftspopulation höher war. Der Gehalt an Hypericin, Quercetin und Quercitrin war nicht signifikant verschieden in diploiden und tetraploiden Populationen.

Der Reproduktionstyp der Johanniskrautpflanzen wurde an den Zellkernen von 50 reifen Samen/Einzelpflanze am Ploidy Analyzer Partec CAII bestimmt. Unter vier neuen Akzessionen des Evaluierungsversuches wurde eine mit tetraploiden sexuellen Pflanzen für weitere Kreuzungsexperimente ermittelt. Bei der Linienentwicklung sexueller Pflanzen wurden sowohl stabile diploide sexuelle Linien im Feldversuch aufgepflanzt als auch Kreuzungsnachkommen diploider und tetraploider Johanniskrautpflanzen sowie flowcytometrisch untersuchte instabile Akzessionen, um tetraploide sexuelle Kreuzungspartner zu finden.

Die Kenntnisse der Reproduktionsbiologie werden durch cytoembryologische Untersuchungen am Mikroskop vertieft. Mittels Differential-Interferenzkontrast wurden in ei-



* á 5 %, t-test, Fisher's least significant difference (á 5 %, t-Test, Grenzdifferenztest)

** diploid relative to the tetraploid standard cultivat 'Topaz' (diploid relativ zu tetraploiden Sorte 'Topaz')

*** significant differenz (signifikanter Unterschied)

Abb. 1: Gehalt an Inhaltsstoffen von diploiden Johanniskrautpopulationen im Verhältnis zur tetraploiden Sorte 'Topaz'
Fig. 1: Content of constituents of diploid St. John's wort populations in relation to the tetraploid cultivar 'Topaz'

ner Clearing-Lösung aufgehellte Samenanlagen und die Entwicklung der sich darin entwickelnden Embryosäcke untersucht.

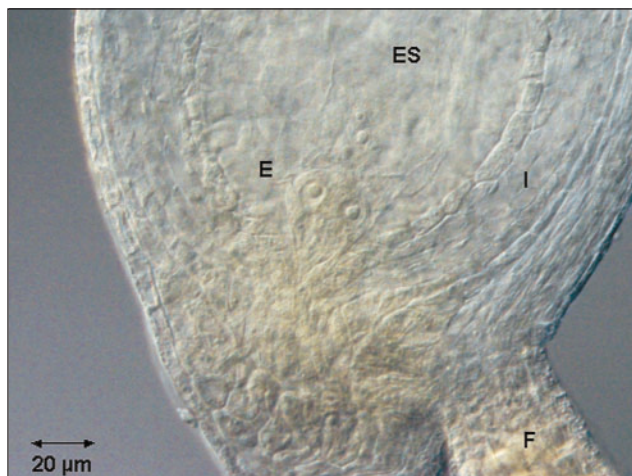


Abb. 2: Samenanlage von Johanniskraut mit Embryo im Embryosack (ES Embryosack, E Embryo, I Integument, F Filament) im Differential-Interferenzkontrast

Fig. 2: Ovule of St. John's wort with embryo in the embryo sac (ES embryo sac, E embryo, I integument, F filament) in differential interference contrast

Abstract:

From 140 accessions of St. John's wort evaluated in a preceding research project, seeds and cuttings of selected plants with particularly valuable characteristics were used to develop specific lines. To develop resistant lines, the susceptibility to St. John's wort wilt (*Colletotrichum cf. gloeosporioides*) was tested under field and glasshouse conditions after the inoculation of the plants with a conidia suspension of the fungus.

Plants with high content of the essential constituents hypericin and hyperforin were selected in two series staggered by one year. The determination of the hypericin and hyperforin content of the dried flowering upper parts of the shoots of populations or single plants was performed by HPLC in a service laboratory.

The properties of diploid sexual partners must be known to avoid the transfer of undesirable characteristics via crossing, e.g., with plants with a high content of pharmaceutically interesting substances. To compare seven sexual diploid St. John's wort populations and the tetraploid facultatively apomictic cultivar 'Topaz', the contents of following constituents were determined: hypericin, pseudohypericin, hyperforin, adhyperforin, quercetin, quercitrin, isoquercitrin, biapigenin, rutin, and hyperosid.

The constituent pattern of St. John's wort plants was the same on both ploidy levels, but the content of some substances differed significantly.

The content of pseudohypericin, hyperforin, adhyperforin and rutin was significantly higher in tetraploid plants of the standard cultivar 'Topaz', whereas that of isoquercitrin, biapigenin and hyperosid was significantly higher in the selected sexual diploid progeny populations. The content of hypericin, quercetin and quercitrin did not differ significantly in diploid and tetraploid populations.

The reproductive pathway of the St. John's wort plants was determined on cell nuclei of 50 mature seeds per individual plant by the Ploidy Analyzer Partec CAII. Among four accessions tested in a field trial, one with tetraploid sexual plants for future crossings was determined. For the development of sexual plants, stable diploid sexual lines were planted in a field trial along with crossing populations of diploid and tetraploid St. John's wort plants and flow cytometric instable analysed accessions to determine tetraploid sexual plants.

The knowledge of reproduction biology are supplemented by cytoembryological microscopic investigations. Cleared ovules and the development of embryo sacs in them were examined using differential interference contrast.

In Zusammenarbeit mit: Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e.V., Sinzig, E. Kroth; N. L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH, Erfurt, W. D. Blüthner; Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, F. Matzk; Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenschutz im Gartenbau, U. Gärber

(BAZ-1153, gefördert durch Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe)

5.5 Rohstoffoptimierung für die Herstellung von Thymianfluidextrakt und Thymi herba unter Berücksichtigung der Bedingungen im traditionellen Anbauggebiet des Harzvorlandes - Teilprojekt 1: Prebreeding

Raw material optimisation for the production of thyme fluid extract and thymi herba with respect to the conditions in the traditional cultivation area of the foothills of the Harz mountains - Sub-task 1: Prebreeding

Mewes, S.; Pank, F.; Krüger, H.

Zielstellung/Aim:

Thymian (*Thymus vulgaris*) gehört zu den traditionell im nördlichen Harzvorland angebauten Arznei- und Gewürzpflanzen. Die antimikrobielle und antioxidative Wirkung der Droge bzw. ihres Extraktes bilden die Grundlage für eine verbreitete Anwendung als pflanzliches Arzneimittel. Im Rahmen der InnoRegio-Initiative des BMBF bearbeitet das Institut für gartenbauliche Kulturen (IGK) gemeinsam mit einem Partner aus der Wirtschaft ein Forschungsprojekt zur Verbesserung der Wettbewerbsfähigkeit der Thymianproduktion. Die Aufgaben des Wirtschaftspartners er-

strecken sich auf die Rationalisierung der Anbautechnologie und Nacherntebearbeitung.

Das IGK erarbeitet im Bereich des Prebreeding züchtungsmethodische Grundlagen und entwickelt Ausgangsmaterial für die Züchtung von Komponenten für ein Hybridsortensystem (männlich sterile Linien mit ihren Maintainern und Bestäuberlinien). Hybridsorten zeichnen sich durch höhere Leistung und verbesserte Ausgeglichenheit gegenüber herkömmlichen Sorten aus. Zuchtziele sind: hoher Gehalt an ätherischem Öl mit einem den Arzneibuchforderungen entsprechenden Inhaltsstoffspektrum, hohe Ertragsleistung und Winterhärte.

Thyme (*Thymus vulgaris*) belongs to medicinal and aromatic plants being cultivated traditionally in the area of the foothills of the Harz mountains. Its use as herbal remedy is very popular due to the antimicrobial and antioxidative effect of the drug respectively its extract. In the frame of the InnoRegion-Inivitative of the BMBF the Institute of Horticultural Crops accomplishes together with a private company a research project aiming at the competitiveness improvement of thyme production. The subtasks of the business partner cover the rationalisation of the cultivation technology and post harvest processing. BAZ works out methodical breeding fundamentals in the domaine of prebreeding and develops initial material for breeding of components of a hybrid variety system (male sterile lines with associated maintainers and pollinator lines). By hybrid breeding, the performance and the homogeneity can be im-

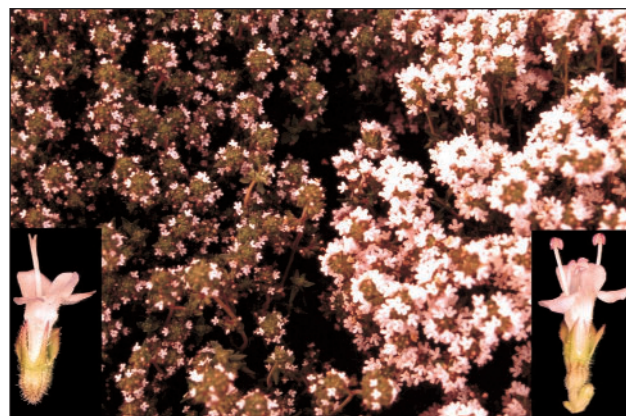


Abb. 1: Gynodiözie des Thymians: Links - männlich sterile, rechts - hermaphroditische Pflanze

Fig. 1: Gynodioecy of thyme: left - male sterile, right - hermaphroditic plant

proved in comparison with conventional cultivars. Breeding aims are: high essential oil content with the constituents pattern complying with the pharmacopoeia requirements, high yield and frost resistance.

Ergebnisse:

Gegenstand der Erarbeitung züchtungsmethodischer Grundlagen ist die unterschiedliche Ausprägung der Gynodiözie und ihrer Vererbung. Bei ersten Untersuchungen stellte sich heraus, dass es neben den rein hermaphroditischen und rein männlich sterilen Pflanzen eine Reihe von Übergangsformen gibt. Abb. 1 zeigt Büsche und Blüten

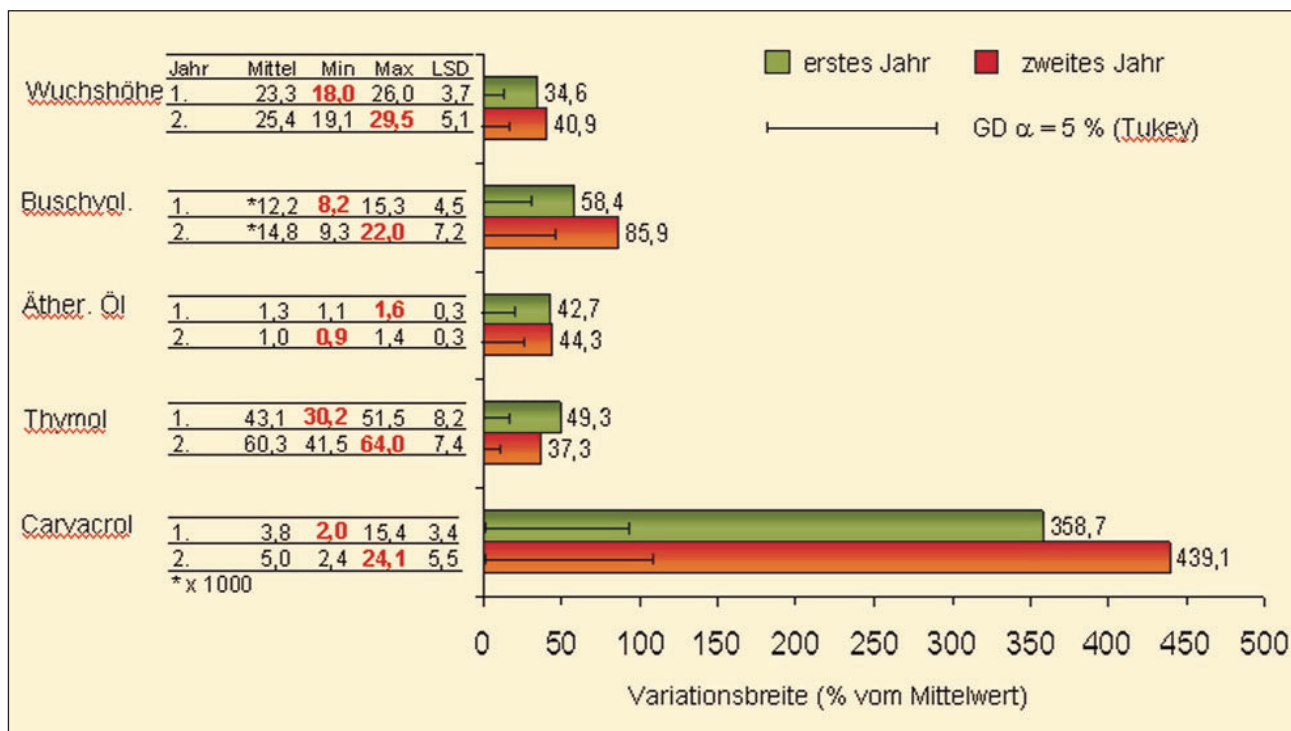


Abb. 2: Spannweite zwischen den Extremwerten der mittleren Merkmalsausprägung von 13 Thymianpopulationen im Verhältnis zum Mittelwert der 13 Populationen

Fig. 2: Range between the extreme values of the average trait expressions of 13 thyme populations related to the mean of the 13 populations

der beiden Reproduktionstypen. Hermaphroditische Pflanzen haben große meist violette Blüten, während die Blüten der männlich sterilen Pflanzen vergleichsweise klein und häufig weiß sind.

Die Herstellung von Klonen aus Elitepflanzen gelang durch ein optimiertes Verfahren der vegetativen Vermehrung. Es wurde festgestellt, dass die Auslösung der Blüte eines Kältereizes bedarf.

Die Entwicklung der drei Linien für die Hybridsortenzüchtung erfolgt in zeitlich gestaffelten Programmen in den Stufen a) Evaluierung von Kollektionen mit nachfolgender Selektion von Elitepflanzen in den leistungsfähigsten Populationen, b) Testkreuzung zur Ermittlung des Reproduktionstyps und c) Inzucht von Hochleistungspflanzen.

Abb. 2 und 3 zeigen die Ergebnisse der Evaluierung von 13 verschiedenen Thymianpopulationen im Feldversuch, von denen 30 Einzelpflanzen/Population im ersten und zweiten Anbaujahr bewertet wurden: ätherisches Öl (% v/g) durch Hydrodestillation des auf Trockenhorden bei Raumtemperatur getrockneten und durch Mahlen homogenisierten Krautes, Thymol- und Carvacrolgehalt des ätherischen Öles (% v/v) durch Gaschromatographie und Wuchshöhe (cm) durch Messung mit dem Zollstock. Das Buschvolumen (cm³) wurde aus Höhe und Durchmesser des Pflanzenbusches mit der Hilfe der Formel zur Berechnung des Volumens eines Kegelstumpfes geschätzt.

Die Populationsmittel der Merkmale wiesen erhebliche Unterschiede sowohl zwischen den Jahren als auch zwischen den Populationen auf (Abb. 2). Der Ätherischöl-Gehalt schwankte unter Berücksichtigung beider Faktoren zwischen 0,6 und 1,9 % und der Thymolgehalt des Öles zwischen 30,2 und 64 %.

Erwartungsgemäß übertraf die Variabilität der Merkmale zwischen den Einzelpflanzen die Variabilität zwischen den Populationen, wie aus Abb. 3 zu ersehen ist. Der Ätherischöl-Gehalt der Einzelpflanzen schwankte zwischen 0,1 und 2,3 % und der Thymolgehalt des Öles zwischen 11,3 und 79,3 %.

Die hohe natürliche Variabilität schafft gute Voraussetzungen für die Auslese von Genotypen mit den erwünschten Eigenschaften.

Abstract:

The elaboration of methodical breeding fundamentals focuses on the polymorphy of the gynodioecy and its heritability. Some transitional forms could be found in addition to pure hermaphroditic and to fully male sterile plants according to first investigations. Fig. 1 shows bushes and flowers of both reproductive types. Hermaphroditic plants have in general big violet flowers whereas the flowers of male sterile plants are comparatively small and normally white.

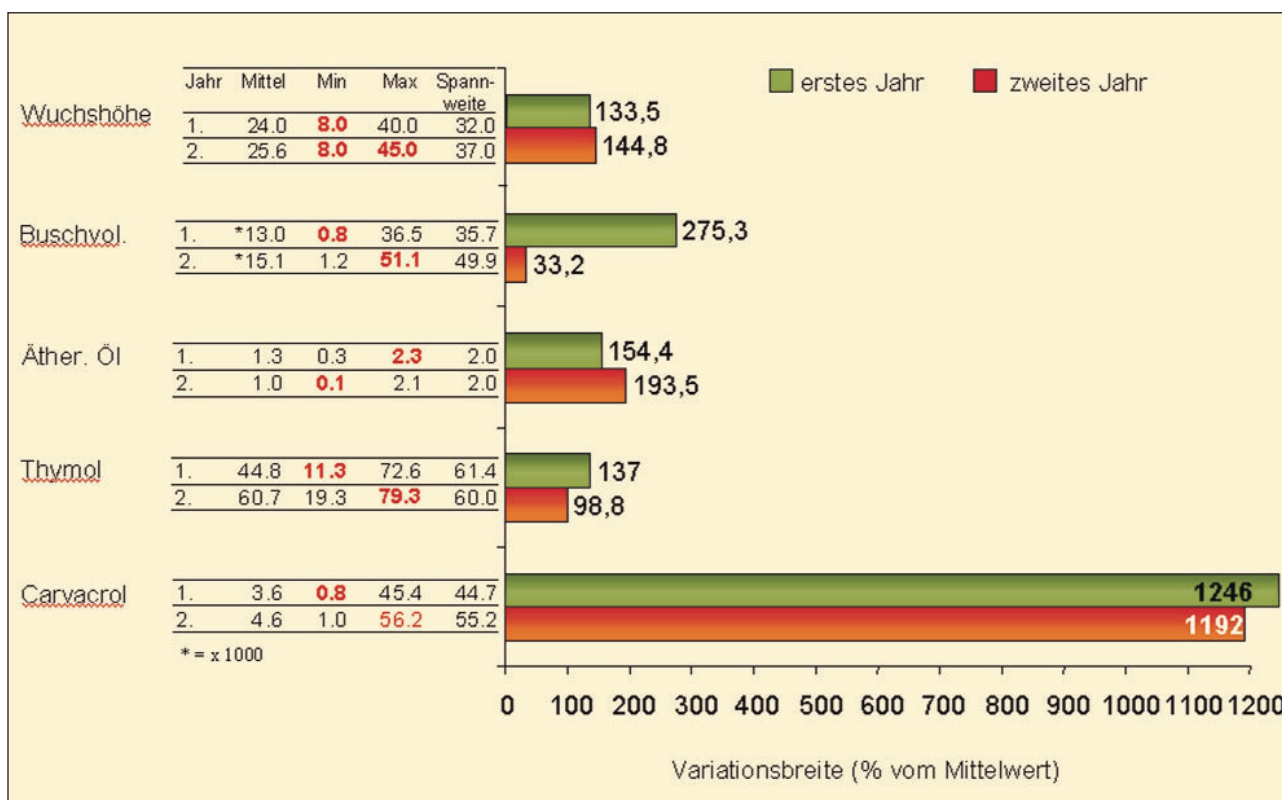


Abb. 3: Spannweite der Extremwerte der Merkmalsausprägung der Einzelpflanzen aller Populationen relativ zum Mittelwert aller 13 Populationen

Fig. 3: Range between the extreme values of the trait expressions of the individual plants of all populations related to the mean of all 13 populations

The development of the three components of the hybrid variety system is being done in scheduled programmes on the levels a) evaluation of collections with subsequent selection of elite plants in high performance populations, b) test crossing for detection of the reproduction types and c) inbreeding of high performance individual plants. Fig. 2 and 3 show the results of the test of 13 different thyme populations in a field experiment evaluated in the first and second year of cultivation.

The average of the population characteristics revealed considerable differences between the years and among the populations as well (Fig. 2). The essential oil content of the dry herb ranged with respect of both factors between 0.6 and 1.9 % and the thymol content of the essential oil between 30.2 and 64.0 %.

As expected, the variability of the characteristics among individual plants exceeded the variability among the populations (see Fig. 29). The essential oil content of the individual plants ranged between 0.1 and 2.3 % and the thymol content of the oil between 11.3 and 79.3 %.

The high natural variability provides good prerequisites for the selection of genotypes with aspired characteristics.

In Zusammenarbeit mit: Dr. Junghanns GmbH, Dr. Wolfram Junghanns; Prof. Eberhard Weber, Martin-Luther-Universität Halle

(BAZ-1161, FKZ 03i0611B)

5.6 Carvacrolhaltige Bohnenkrautextrakte (*Satureja hortensis*) für Naturstoffprodukte mit antimikrobieller und antioxidativer Wirkung für Pharmazie, Lebensmittelindustrie und Kosmetik. Teilprojekt 1: Prebreeding

Carvacrol containing extracts of summer savory (*Satureja hortensis*) as natural products with antimicrobial and antioxidative effect for use in pharmacy, food industry and cosmetics. Subtask 1: Prebreeding

Pfefferkorn, A.; Pank, F.; Krüger, H.

Zielstellung/Aim:

Einjähriges Bohnenkraut (*Satureja hortensis*) wird traditionell im nördlichen Harzvorland als Gewürzpflanze angebaut. Aufgrund seiner kurzen Vegetationszeit erscheint es für die kostengünstige Erzeugung eines Rohstoffs für carvacrolhaltige ätherische Öle, die wegen ihrer antioxidativen und antimikrobiellen Wirkung auf dem Naturstoffmarkt in verschiedenen Bereichen zunehmende Verwendung finden, als besonders gut geeignet. Im Rahmen der InnoRegio-Initiative des BMBF bearbeitet das Institut für gartenbauliche Kulturen (IGK) gemeinsam mit Partnern aus der Wirtschaft ein Forschungsprojekt, das die Entwicklung einer Produktionskette zur Erzeugung von carvacrolhaltigem ätherischem Öl aus Bohnenkraut zum Inhalt hat. Während die Wirtschaftspartner Aufgaben im Bereich der Sortenzüchtung, Saatgutproduktion, Anbautechnik und Verarbeitungstechnologie bearbeiten, erarbeitet das IGK im Bereich des Prebreeding züchtungsmethodische Grundlagen und entwickelt hochwertiges Ausgangsmaterial für die Sortenzüchtung, das sich durch einen hohen Carvacrolgehalt des ätherischen Öles, einen hohen Ätherischöl-Gehalt der Rohdroge und eine hohe Flächenleistung bei möglichst kurzer Entwicklungszeit im Sommer- und Herbstanbau auszeichnet.

Summer savory (*Satureja hortensis*) has been cultivated traditionally as spice plant in the foreland north of the Harz mountains. Due to its short vegetation period, it seems particularly suitable for cost-effective raw material production for carvacrole containing essential oils, which are increasingly used on the natural product market because of their antioxidative and antimicrobial effect. In the frame of the InnoRegio-Initiative of the BMBF, the Institute of Horticultural Crops (IGK) accomplishes together with private enterprises a research project aiming at the development of a production chain of carvacrole containing essential oil from summer savory. Whereas the companies accomplish subtasks in the domains of cultivar breeding, seed production, cultivation and processing technology, IGK works out methodical breeding fundamentals and develops starting material for breeding of cultivars excelling by high carvacrole content of the essential oil, high essential oil content of the drug and high yield per area unit within a developmental period as short as possible under the conditions of summer and autumn cultivation as well.

Ergebnisse:
Zur Entwicklung von leistungsfähigem Ausgangsmaterial für die Sortenzüchtung wurden in einem im Frühjahr 2003 angelegten Feldversuch 58 Akzessionen aus 30 verschiedenen Regionen getestet (Abb. 1).



Abb. 1: Feldversuch zur Ermittlung der Leistungsfähigkeit verschiedener Akzessionen des einjährigen Bohnenkrautes

Fig. 1: Field experiment for the evaluation of the performance of different accessions of summer savory

Tab. 1: Variabilität wesentlicher Merkmale verschiedener Akzessionen des einjährigen Bohnenkrautes. Feldversuche in Quedlinburg 2003 (sh335 und sh339)

Table 1: Variability of important characteristics of summer savory accessions. Field experiments in Quedlinburg 2003 (sh335 and sh339)

Merkmal	Populationsmittel (Frühjahr)					Populationsmittel (Herbst)				
	n	Min	Max	Mittel	CV	n	Min	Max	Mittel	CV
Ätherisches Öl (%v/g)	58	0,88	3,87	2,18	37,1	28	0,71	3,32	1,99	38,6
Carvacrolgehalt (%v/v]	58	42,0	65,3	53,8	8,9	28	52,0	67,7	59,2	6,3
Reifezeit (d)	58	31	56	48	12,5	28	29	44	36	11,3

Im Herbst des gleichen Jahres wurden weitere 28 Akzessionen aus 10 verschiedenen Regionen ebenfalls im Feldversuch geprüft. Eine erste orientierende Bewertung der Leistung der Populationen wurde durch Untersuchung einer Mischprobe aus vier Einzelpflanzen jeder Akzession vorgenommen. Die Pflanzen wurden zu Blühbeginn geerntet und auf Trockenhorden bei Raumtemperatur getrocknet. Die Trennung der Blatt-/Blütenfraktion von den Stängeln erfolgte manuell. Der Ätherischöl-Gehalt der Blatt-/Blütenfraktion (% v/g) wurde durch Hydrodestillation und der Carvacrolgehalt des ätherischen Öles (% v/v) durch Gaschromatographie ermittelt. Die Entwicklungszeit (d) wurde als Zeitspanne zwischen Pflanzung und Blühbeginn berechnet. Tab. 1 enthält die Ergebnisse der auf dieser Grundlage durchgeführten vorläufigen Einschätzung der Leistung der Akzessionen.

Wie die in Tab. 1 aufgeführten Ergebnisse zeigen, weisen die getesteten Akzessionen eine hohe Variabilität der wichtigsten Merkmale auf. Es wurden Extremwerte des Ätherischöl-Gehaltes von 0,71 bis 3,87 % und des Carvacrolgehaltes des ätherischen Öles von 42,0 bis 67,7 % beobachtet. Auch die Entwicklungszeit weist starke Schwankungen zwischen 29 und 56 Tagen auf. Die hohe natürliche Variabilität bietet gute Voraussetzungen für die Auslese von Genotypen mit den erwünschten Merkmalsausprägungen.

Die Leistungsfähigkeit der besten Akzessionen wird durch zwei weitere Zyklen rekurrenter Selektion in den folgenden Jahren weiter gesteigert werden.

Erste züchtungsmethodische Arbeiten konzentrierten sich auf blüten- und reproduktionsbiologische Untersuchungen, deren Ergebnisse später mitgeteilt werden.

Abstract:

Diverse summer savory accessions were tested in field experiments established in spring (58 accessions) and summer (28 accessions) 2003 for selection of high performance starting material for cultivar breeding (Fig. 1). The data in table 1 show the high variability of the most important traits. The extreme values of the essential oil content ranged from 0.71 - 67.7 % and of the carvacrole content

between 42.0 and 67.7 %. Also the developmental period showed strong variation with extreme values between 29 and 59 days. The high natural variability provides good prerequisites for selection of genotypes with the aspired trait expressions. The performance of the best accessions will be additionally improved by two cycles of recurrent selection within the following years.

First methodological investigations are focussing on the investigation of flower and reproduction biology. These results will be communicated later.

In Zusammenarbeit mit: Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzen Saaten GmbH Aschersleben, Karin Späth; Majoranwerk Aschersleben GmbH, Jörg Overkamp; Landwirtschaftliche Produktivgenossenschaft Schackstedt e. G., Gerd Spinda.

(BAZ-1162, FKZ 03i0612A)

Institut für Pflanzenanalytik

Institute of Plant Analysis

Quedlinburg

Die Aufgaben des Instituts für Pflanzenanalytik (IPA) konzentrieren sich auf die qualitätsbezogenen Parameter in Medizinal- und Gewürzpflanzen sowie Obst- und Gemüsekulturen. In Ergänzung zur inhaltsstofflichen Charakterisierung werden in diesem Zusammenhang PCR-gestützte Methoden zur DNA-Markeranalyse und Markerentwicklung sowie die Methode des „Differential Displays“ zum Nachweis spezifischer DNA-Sequenzen angewandt. Die Themenstellungen der zu bearbeitenden Projekte beziehen sich hauptsächlich auf diejenigen inhaltsstofflichen Pflanzenmerkmale, die überwiegend genetisch kontrolliert werden. Darüber hinaus werden teilweise auch standortbedingte und jahreszeitliche Einflüsse mit betrachtet, um die Auswirkungen von Anbaufaktoren wie Klima, Bodenverhältnisse und Düngung etc. auf die jeweiligen Inhaltsstoffprofile entsprechend einschätzen zu können. Weitere Zielsetzungen bestehen darin, Wechselwirkungen zwischen verbesserter Resistenz gegenüber unterschiedlichen Schaderregern und Pathogenen sowie erhöhter Expression spezifischer Pflanzeninhaltsstoffe detailliert zu erforschen. Ein anderer Schwerpunkt des Instituts besteht darin, zerstörungsfreie spektroskopische Methoden zu entwickeln, mit deren Hilfe eine schnelle und zuverlässige Analyse sowohl im Rahmen von Wildpflanzen-Screenings als auch zur Selektion von Hochleistungspflanzen im Zuchtprozess möglich ist.

Nach der Agrarwende hat der ökologische Landbau im Verlauf der letzten Jahre eine erhebliche Ausweitung erfahren. Obwohl der Marktanteil ökologischer Produkte derzeit erst einen Anteil von ca. 3 % beträgt, kann davon ausgegangen werden, dass sich landwirtschaftliche Betriebe zukünftig im vermehrten Umfang an den Leitlinien des ökologischen Landbaus ausrichten werden. Dabei stehen vor allem die folgenden drei Aspekte im Mittelpunkt des Interesses:

- Nachhaltigkeit in der landwirtschaftlichen Produktion;
- Annäherung an das Ideal der umweltgerechten Produktion von Lebensmitteln;
- Erhalt der biologischen Vielfalt.

Auch in der Züchtungsforschung werden die Besonderheiten der ökologischen Anbaubedingungen entsprechend berücksichtigt und die Zielstellung mehrerer Projekte, die gegenwärtig im IPA bearbeitet werden, setzen sich mit den oben angeführten inhaltlichen Schwerpunkten auseinander. Insbesondere zum Erhalt der biologischen Vielfalt bei Obst- und Gemüsevarietäten liefert die Analytik einen wichtigen Beitrag, und es kann davon ausgegangen werden, dass die im Rahmen von Projekten erhaltenen Ergebnisse in naher Zukunft nutzbringend bei der Qualitätszüchtung neuer Obst- und Gemüsesorten Berücksichtigung finden werden.

Fragen der Biodiversität stellen ebenfalls einen wichtigen Schwerpunkt bei aktuellen Forschungsvorhaben im IPA dar. In einem Projekt mit dem Titel „Vergleichende Untersuchungen



Abb. 1: Saatgutgewinnung von Möhren unter biologisch-dynamischen Verhältnissen auf dem „Dottenfelderhof“ in Bad Vilbel

Fig. 1: Carrot seed production at the „Dottenfelderhof“ in Bad Vilbel applying organic farming conditions



Abb. 2: Begehung der Feldflächen zur Möhrenzucht auf dem „Dottenfelderhof“ in Bad Vilbel

Fig. 2: Walking to the fields used for carrot breeding at the „Dottenfelderhof“ in Bad Vilbel

von alten und neuen Gemüsesorten zur Entwicklung von Zuchtzielen für den ökologischen Landbau“ wird stellvertretend an den Kulturen Möhre und Kohl untersucht, ob signifikante Qualitätsunterschiede in alten und neuen Sorten zu verzeichnen sind. Die Kulturarten werden dabei vom Kooperationspartner Kultursaat e. V. auf dem Dottenfelderhof in Bad Vilbel und weiteren landwirtschaftlichen Betrieben unter biologisch-dynamischen Bedingungen kultiviert (Abb. 1 und 2).

Je Probe wurden etwa 70 Qualitätsparameter ermittelt, die zur Beantwortung der Fragestellung herangezogen wurden. Erste Ergebnisse aus einem zweijährigen Versuch zeigen, dass bei Möhre insbesondere die Aromamuster genetisch determiniert sind und trotz Modifizierung durch äußere Einflüsse (Klima) sortentypische „Aroma-Fingerabdrücke“ ausgebildet werden (Abb. 3).

Im Rahmen des Projektes wurden außerdem insgesamt 20 Weißkohlsorten auf ihren Gehalt an β -Carotin, Tocopherolen sowie an Glucosinolaten untersucht. Während die Gehalte an β -Carotin und Tocopherolen insgesamt gering waren, konnten beträchtliche Sortenunterschiede sowohl im Gesamtglucosinolatgehalt als auch im Glucosinolatverteilungsmuster gefunden werden.

Die Sorten ‘Premstätter’ und ‘Böhmerwaldkohl’ wiesen mit Sinigrinwerten um 70 % (bezogen auf den Gesamt-Glucosinolatgehalt) sehr hohe Anteile an diesem, den Geschmack negativ beeinflussenden Glucosinolat auf. Die Gehalte an Glucoraphanin und Indolglucosinolaten lagen dagegen nur in der Größenordnung von 5 % bzw. 20 %. In den Sorten ‘Holsteiner Platt’ und ‘Ramco F1’ konnte kein Glucoiberin und Glucoraphanin nachgewiesen werden. Die Sorten ‘Zehetbauer’ und ‘Lennox’ wiesen dagegen Iberin- und Raphanin-Gehalte zwischen 35 % bzw. 45% auf. Aus ernährungsphysiologischer Sicht sind die beiden zuletzt genannten Weißkohlsorten daher besonders für die menschliche Ernährung zu empfehlen.

The tasks of the „Institute of Plant Analysis“ (IPA) are mainly focused on research of quality parameters in the field of medicinal and aromatic plants as well as fruit and vegetable cultivars. In addition to the phytochemical evaluation PCR-based methods are applied for DNA-analysis and marker development also including the method

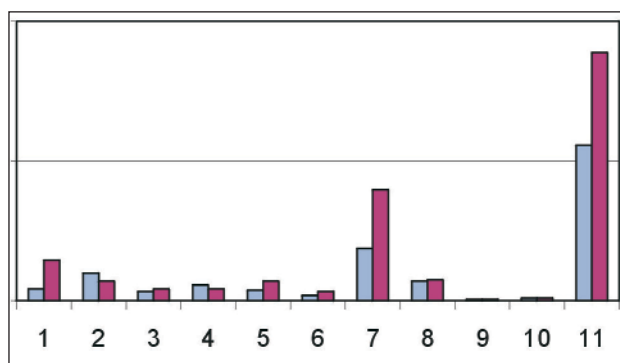


Abb. 3: Aromamuster der Möhrensorte "Rodelika" angebaut in 2002 (blau) und 2003 (rot). 1 bis 11: α -Pinen, Sabinen, β -Pinen, β -Myrcen, Limonen, γ -Terpinen, Terpinolen, Caryophyllen, α -Humulen, Myristicin, Summe der Aromastoffe

Fig. 3: Aroma substances of carrot cultivar "Rodelika" cultivated in 2002 (blue) and 2003 (red). 1-11: α -pinene, sabinene, β -pinene, β -myrcene, limonene, γ -terpinene, terpinolene, caryophyllene, α -humulene, myristicin, sum of aroma substances

of „differential display“ for the detection of specific DNA sequences. In this context main emphasis of research work is laid on the analytical and sensoric characterisation especially of those plant substances which are predominantly controlled by the genetic background. Nevertheless also individual locations and seasonal influences are regarded in order to get a more precise impression in which way cultivation parameters like climate, soil and fertilization influence the amount of individual plant constituents. Other aims are to find out correlations between improved resistance against various pathogens and increased expression of specific plant substances in detail. Furthermore, non-destructive spectroscopic methods are developed which can be applied for rapid and reliable screenings of wild plants as well as selection of high-quality single plants within breeding programmes. After reorientation of consumer and agricultural policies, the ecological agriculture has considerably increased. Although today ecological products reach an amount of approx. 3 % of the total market, it can be assumed that in future more farmers will follow the guidelines of ecological farming. In this context the following three aspects are of major concern:

- Sustainable agricultural production;
- Approach to the ideal of an environment-conscious production of foods;
- Conservation of the biological diversity.

Also in breeding research the special aspects of ecological cultivation are considered and the aim of several projects, presently performed in the IPA, are related to the above mentioned topics. It has to be stressed here, that plant analysis makes an important contribution in this context, especially for the conservation of biological diversity. It can be assumed that in the near future the results obtained from these studies will be used for quality breeding of new fruit and vegetable varieties.

Topics dealing with biodiversity are also of major concern in several research studies performed by the IPA. Presently, a project entitled: „Comparative studies of old and new vegetable cultivars for the development of breeding aims in ecological farming“ has been nearly finished. Here, the cultivated species „carrot“ and „cabbage“ serve as an example to find significant differences between old and new cultivars. The plant material was cultivated at the „Dottenfelderhof“ (Kultursaat e. V., Bad Vilbel) according to the guidelines of biological-dynamic farming. Approx. 70 quality parameters, obtained from each sample, were used for the evaluation of the study. First results of a two-year trial show that aroma expression in carrots is mainly determined by the genetic background; although other influences such as climate may contribute to the total quality, specific aroma fingerprints can be found for each carrot cultivar.

Another project investigates the contents of β -carotene, tocopherols as well as glucosinolates in 20 cabbage cultivars. Whereas the levels of β -carotene and tocopherols were found to be comparatively low, several cultivars presented remarkable differences with respect to the total glucosinolate content as well as the glucosinolate distribution. The varieties ‘Premstätter’ and ‘Böhmerwaldkohl’ showed a very high content of sinigrin (approx. 70 %) which is regarded as a substance contributing negative aspects to the general taste. Contrary to that, glucoraphanin and indol glucosinolates occurred in amounts of only 5 and 20 %, respectively. The varieties ‘Holsteiner Platt’ and ‘Ramco F1’ do not contain glucoiberin and glucoraphanin, whereas in ‘Zehetbauer’ and ‘Lennox’ glucoiberin and glucoraphanin reach levels between 35 and 45 %. From the nutritional physiology point of view the two cabbage cultivars last-named are specially recommended for a healthy human diet.

1. Obst und Gemüsekulturen Fruit and Vegetable Cultivars

1.1 Evaluierung der Aromamuster in resistenten und nichtresistenten Apfelgenotypen Evaluation of aroma patterns in resistant and non-resistant apple genotypes

Ulrich, D.; Hoberg, E.; Quilitzsch, R.

Zielsetzung/Aim:

Zielsetzung des Projektes ist es, die Aromamuster von resistenten und nichtresistenten Apfelgenotypen zu charakterisieren. Hierzu wird in Zusammenarbeit mit dem IOZ das Apfelsortiment von Dresden-Pillnitz genutzt. Der Schwerpunkt der Analytik ist die Auffindung von genetisch determinierten Unterschieden in den Aromamustern. Die zu erwartenden Ergebnisse sollen zu einer Objektivierung bei der Bewertung der sensorischen Qualität von Apfelgenotypen im Zuchtprozess führen (Entwicklung von Schnellmethoden).

The aim of the project is to characterize the aroma patterns of resistant and non-resistant apple genotypes. In cooperation with the Institute for Fruit Breeding (IOZ) the apple collection of Dresden-Pillnitz will be used. The main topic of the analytical work is the determination of genetically based differences in the aroma patterns. The expected results are prerequisites for the objective assessment of sensory quality in plant breeding (development of rapid methods).

Ergebnisse:

Die sensorische Qualität von Äpfeln wird hauptsächlich durch die Parameter Textur (Schalen- und Fruchtfleischfestigkeit), Süße (Zucker/Säureverhältnis), Saftigkeit und Aroma bestimmt. Die große Anzahl der zugelassenen Apfelsorten läßt sich verschiedenen Aromatypen zuordnen. Hierfür ist im wesentlichen das Konzentrationsverhältnis der flüchtigen Ester und Alkohole verantwortlich.

Als erster Schritt zur verstärkten Einbeziehung der instrumentellen Analytik in die Apfelzüchtung wurden die Aromamuster in Flüssigextrakten von 10 Sorten über 3 Jahre im Genussreifezustand gemessen. Zusätzlich erfolgte die Bestimmung von Texturparametern, Farbwerten, Trockenmasse, Zuckergehalt und als Referenzanalytik die Human sensorik (QDA-Profilanalyse).

Die Festphasen-Mikroextraktion aus der Gasphase von Apfelhomogenisaten (HS-SPME) ist eine geeignete Probenvorbereitungsmethode zur Charakterisierung der Aromamuster von großen Probenzahlen. Die Kombination von HS-SPME, Kapillargaschromatographie und chemometrischer Datenauswertung (Mustererkennung) stellt eine effektive Methodik dar. Die Eignung der SPME für eine gaschromatographische Genotypenunterscheidung wurde anhand von Homogenisaten der Sorten 'Florina', 'Renora', 'Pinova' und 'Piflora' geprüft. Mit einer chemometrischen Software (CHROMstat™) konnten die vier

Sorten in einer Hauptkomponentenanalyse eindeutig unterschiedlichen Orten eines dreidimensionalen Parameterplots zugeordnet werden (Bild 1). Insbesondere bei den Komponenten Butylacetat, Ethylbutanoat, 2-Methylbutanol und 6-Methyl-5-hepten-2-ol konnten Unterschiede gefunden werden. Die Sorten 'Pinova' und 'Piflora' wurden mittels t-Test auf signifikante Differenzen in den einzelnen Aromastoffen geprüft. Bei lediglich zwei von 17 Substanzen konnte keine Signifikanz ermittelt werden. Die SPME eignet sich demzufolge zur Sortenunterscheidung, solange die Differenzen nicht durch Verbindungen hervorgerufen werden, die von der Faser diskriminiert werden.

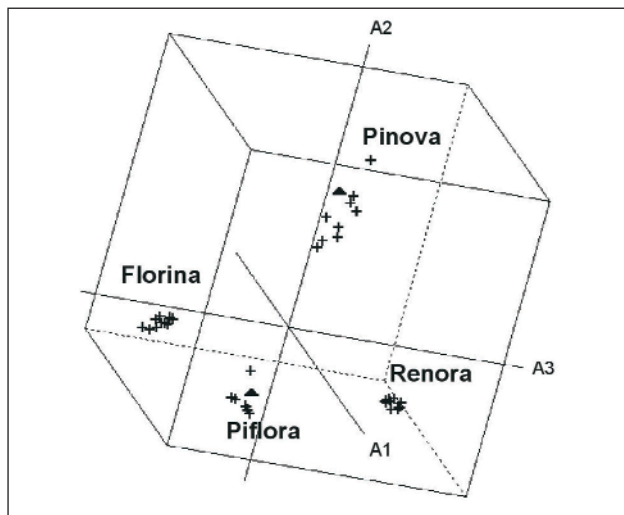


Abb. 1: Differenzierung von vier Apfelsorten auf der Basis von HS-SPME-Untersuchungen. Die chemometrische Auswertung erfolgte mit Hilfe des Programms CHROMstat™

Fig. 1: Discrimination of four apple cultivars based on HS-SPME studies. The chemometric evaluation was performed applying the tool CHROMstat™

Mit den oben charakterisierten Methoden zur Aromaanalytik (Probenvorbereitung, Chromatographie und Datenauswertung), Humansensorik und Bestimmung von physikalischen Parametern liegt ein Komplex an effektiven Untersuchungstechniken vor, die in der praktischen Züchtung und der Züchtungsforschung sowohl zur Qualitätsbeschreibung als auch zur effizienten Selektion anwendbar sind.

Abstract:

Beside common liquid-liquid extraction techniques headspace SPME was tested for sample preparation to analyze aroma pattern of apple genotypes. Especially headspace SPME GC with chemometrical data processing is applicable as rapid method for characterization of different aroma types. The new methods developed for aroma analysis, human sensory and estimation of physical parameters represent a complex of effective and reliable tools for breeding and breeding research.

(BAZ-1228)

1.2 Variabilität der sensorischen Qualität von Spargelsorten

Variability of Asparagus varieties with respect to sensory quality

Hoberg, E.; Ulrich, D.

Zielsetzung/Aim:

Zielstellung des Projektes war es, die Abhängigkeit des Spargelgeschmackes von Umweltfaktoren zu quantifizieren. Dazu wurden die sensorischen Parameter von Spargelgenotypen in Abhängigkeit vom Anbauort, dem Anbaujahr und dem Erntezeitpunkt ermittelt. Die orthogonale Versuchsplanung war Voraussetzung für die varianzanalytische Verrechnung, die zu bisher nicht quantifizierten Informationen über die Auswirkungen der genetischen Eigenschaften, des Bodens, der aktuellen Witterung und des Klimas auf die sensorische Qualität führte.

The aim of the project was to quantify the dependence of the asparagus flavour on environmental conditions. The sensory parameters of asparagus genotypes were evaluated with respect to location, the production year and the harvest date. The interpretation, performed by analyses of variance, gave new results regarding the individual influences of the genetic background, the soil, the actual weather conditions and the climate on the sensory quality.

Ergebnisse:

An den drei Standorten Alt-Mölln, Quedlinburg und Möringen wurden drei Jahre lang die Sorten 'Vulkan', 'Huchels Alpha' und 'Thielim' angebaut. Über die Ernteperiode verteilt wurde drei bis vier mal pro Jahr mit je zwei Wiederholungen geerntet. Es wurden 24 sensorische Parameter mit der quantitativen deskriptiven Analyse geprüft. Die geprüften sensorischen Parameter (5 Gerüche, zwei Geschmackskomponenten, fünf Merkmale für das Mundgefühl, bittere und adstringierende Nachwirkungen sowie 10 retronasale und seltene Wahrnehmungen) sind für die Spargelbewertung wesentlich und zur differenzierten Bewertung der sensorischen Qualität ausreichend. Als besonders wichtig für die Spargelqualität werden die Faserigkeit und Holzigkeit, der bittere und süße Geschmack sowie der typische und der buttrige Geruch angesehen. Sie werden signifikant durch Sorte, Ort, Jahr und bis auf „bitter“ und „typischer Geruch“ auch durch den Erntetermin beeinflusst. In der Tabelle 1 sind die signifikanten Haupt- und Wechselwirkungseffekte für diese Merkmale zusammengestellt. Die Mittelwertunterschiede wurden mit dem Tukeys HSD-Test bei $\alpha = 5\%$ abgesichert.

Aus den Untersuchungen über 3 Jahre ergibt sich weiterhin, dass sich die getesteten 3 Sorten in 12 der 24 Parameter signifikant unterscheiden (typischer, muffiger, brenzlicher und buttriger Geruch, bitterer und süßer Geschmack,

Tab. 1: Alle Einflussfaktoren mit signifikanten Wirkungen auf die wichtigsten sensorischen Parameter der Spargelqualität (N = 216; p = 0.05; FG Freiheitsgrad)

Table 1: All significant effects on the most important sensory features of asparagus quality (N = 216; p = 0.05; FG degree of freedom)

Einflussfaktoren	Beliebtheit	Faserigkeit/ Holzigkeit	bitterer Geschmack	süßer Geschmack	typischer Geruch
Sorte (1) (FG = 2)	x	x	x	x	x
Jahr (2) (FG = 2)		x	x	x	x
Ort (3) (FG = 2)	x	x	x	x	x
Ernte (4) (FG = 3)	x	x		x	
Wechselwirkungen:					
(1) x (2)					x
(1) x (3)				x	
(2) x (3)		x	x	x	x
(1) x (4)	x				x
(2) x (4)		x			x
(3) x (4)	x				
(1) x (2) x (3)			x		
(1) x (2) x (4)					
(1) x (3) x (4)		x	x		
(2) x (3) x (4)		x		x	x
(1) x (2) x (3) x (4)					

metallisches und adstringierendes Mundgefühl, faserige bzw. holzige Textur, bitterer und adstringierender Nachgeschmack). Insbesondere die Sorte 'Thielim' weicht wesentlich von 'Vulkan' und 'Huchels Alpha' ab. Letztere hat einen außerordentlich angenehmen buttrigen Geruch. Es existieren zahlreiche korrelative Zusammenhänge zwischen den einzelnen sensorischen Parametern. Es konnte nachgewiesen werden, dass die Beliebtheit des Spargels negativ mit den Parametern „faserig“ und „bitter“, aber positiv mit „süß“, „typischem“ und „buttrigem“ Geruch korreliert.

Diese Zusammenhänge gelten auch für die Auswirkungen der Anbauorte, des Klimas oder des Erntetermins auf den Geschmack. Erschwert wird die Interpretation der Ergebnisse durch die vielfältigen Wechselwirkungen der Haupteinflussfaktoren auf den Geschmack. Sie sind bemerkenswert und bei der Interpretation sensorischer Ergebnisse unbedingt zu beachten. Die Abbildung 1 mit den Mittelwerten der 3 Jahre für den bitteren Geschmack demonstriert die dreifache Wechselwirkung Sorte x Ort x Ernte.

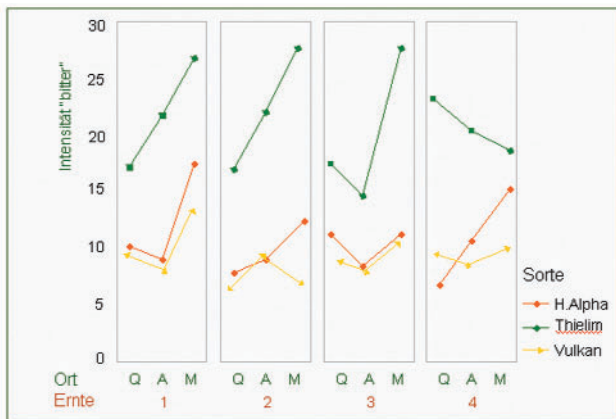


Abb. 1: Darstellung der Wechselwirkungen Sorte x Ort x Ernte für das Merkmal „bitter“ (Mittelwerte von 3 Jahren; Quedlinburg Q, Alt Mölln A, Möringen M; frühe Ernte 1, mittelfrühe Ernte 2, mittelspäte Ernte 3, späte Ernte 4)

Fig. 1: Demonstration of the interactions between the cultivar x location x harvest date for the sensory property „bitter taste“ (means of 3 years; Quedlinburg Q, Alt Mölln A, Möringen M; early harvest 1, middle early harvest 2, middle late harvest 3, late harvest 4)

Mit diesen Ergebnissen wird erstmals die Abhängigkeit der Spargelqualität von den genannten Einflussfaktoren statistisch gesichert quantifiziert. Die Konsequenz ist, dass Spargelsorten an die konkreten Anbaubedingungen gut angepasst sein sollten, damit der Spargel auch in höchster sensorischer Qualität angeboten werden kann, und dass der regionalen Sortenzüchtung der Vorrang gegeben werden muss, wenn Spargel auch in Zukunft seinem Ruf als „König unter den Gemüsen“ gerecht werden soll.

Abstract:

The asparagus cultivars 'Vulkan', 'Huchels Alpha' and 'Thielim' were cultivated at three locations in Germany for three years (2000 - 2002). The material was harvested four times per year with two replications. The evaluated sensory parameters (5 odours, 2 tastes, 5 mouth sensations, 2 aftertastes, and 10 retronasal and non-dominant, occasionally appearing sensations) are essential for the asparagus classification and enough for the asparagus evaluation. There are a lot of correlations between the different sensory parameters. The acceptability depends significantly on the variety, location, and harvest date as well as interactions between cultivar x harvest date and location x harvest date. The most important sensory parameters „stringy“, „bitter“, „sweet“ and the typical and buttery odour are influenced by the variety, location, year and with exception of „bitter“ and „typical odour“ also by the harvest date. The interactions of the main impact factors on the flavour are remarkable and have to be kept in mind for the interpretation of sensory results. Based on the results presented here the dependence of the asparagus quality of the above mentioned factors could be quantified for the first time by statistical methods.

In Zusammenarbeit mit: Saatzuchtstation Möringen, Möringen/Altmark, Gottwald, J.; Deutsche Spargelzucht GbR, Alt-Mölln, Rosen, A.

(BAZ-1230)

1.3 Beiträge zur Genomanalyse bei *Daucus carota* L. Contributions to the genome analysis of *Daucus carota* L.

Straka, P.; Nothnagel, T.

Zielsetzung/Aim:

Auf der Grundlage einer erarbeiteten dicht besetzten Kopplungskarte von *Daucus carota* L. sollen weitere molekulare Marker entwickelt und integriert werden. Unter Nutzung bekannter Gensequenzen sowie durch Analyse vorhandener, für spezifische Merkmale spaltender *Daucus carota* L.-Linien, werden interessante Gene in die Kartierung einbezogen.

The developed genetic map of *Daucus carota* L. will be extended by new molecular markers. Important DNA sequences from international data banks will be mapped based on the analysis of segregating *Daucus carota* L. lines.

Ergebnisse:

Für die weitere Absättigung der bestehenden Möhren-Kopplungskarten konnten 15 neue AFLP Marker generiert und kartiert werden. Darüber hinaus wurden bisher 40 putativ identische Marker (RAPD, AFLP) selektiert und in Versuche zur Erstellung einer Konsensus-Karte einbezogen. Aufgrund der ungleichmäßigen Verteilung der betreffenden Marker auf den Kopplungsgruppen, umfasst die derzeitige Konsensus-Karte erst fünf Kopplungsgruppen.

Bei der im Vorjahr analysierten und kartierten rezessiven *YELLOW LEAF*-Mutante (vergl. JB2002) lag der AFLP-Marker AYL14 in Repulsion zum Zielgen vor, d.h. alle gelben Pflanzen sowie ein Teil der grünen Pflanzen wiesen eine Bande auf. Anhand von F_3 -Analysen konnte der Marker verifiziert werden. Die homozygoten grünen Pflanzen hatten keine Bande, bei allen heterozygot grünen Pflanzen sowie den gelben Pflanzen wurde die entsprechende Bande identifiziert (Abb. 1).

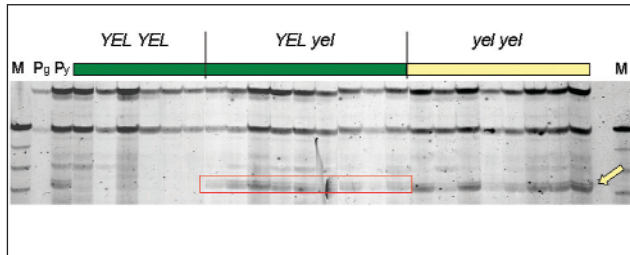


Abb. 1: AFLP-Analyse von Marker AYL14 (E-AGG/M-CAG) an F_2 -Einzelpflanzen aus verschiedenen Populationen. Die entsprechende Allelkonstellation für das *YEL*-Gen wurde anhand von F_3 -Populationen bestimmt. Der grüne Balken kennzeichnet die grünen Pflanzen, der gelbe Balken markiert Pflanzen des Mutanten-Phänotyps. M-Größenmarker, Pg-Elter grün, Py-Elter gelb

Fig. 1: AFLP-analysis of the AYL14 (E-AGG/M-CAG) marker on F_2 -single plants of different progenies. The allele state of the *YEL* gene was determined on hand of F_3 -progenies. The green bar represents the normal green plants and the yellow bar the mutant plants. M-molecular weight marker, Pg-green parent, Py-yellow parent

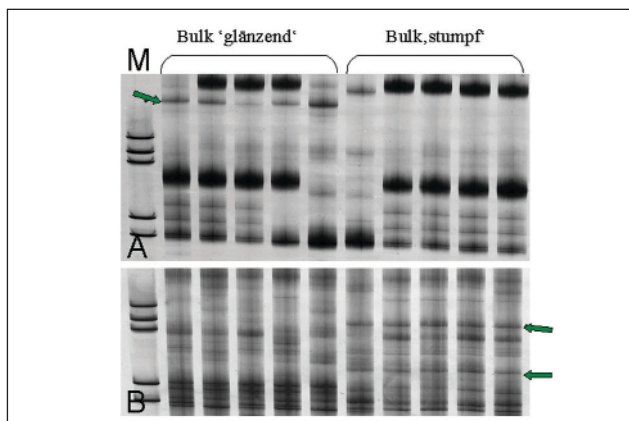


Abb. 2: Selektierte RAPD-Marker (Pfeile) in den Einzelpflanzen der Wachsschicht-Bulks „glänzend“ und „stumpf“. A-Primer F04 (Roth), B-Primer E05 (Roth), M-Größenmarker

Fig. 2: Selected RAPD markers (arrows) in the single plants of the both bulks for the wax layer „glossy“ and „non-glossy“. A-primer F04 (Roth), B-primer E05 (Roth), M-molecular weight marker

Im Berichtszeitraum wurden die im Vorjahr begonnenen molekularen Analysen (BSA = bulked segregant analysis) an DNA-Bulks von verschiedenen für die „Wachsschicht“ spaltenden F_2 -Populationen fortgesetzt. Derzeit werden an zwei ausgewählten F_2 -Populationen die in den BSAs generierten Markerkandidaten verifiziert (Abb. 2) (vergl. BAZ-1157).

Darüber hinaus wurden für zwei neue Möhren-Mutanten BSAs und F_2 -Analysen durchgeführt. Für eine Mutante mit einem gestauchten Blatthabitus (vergl. BAZ-1151) wurden in den BSAs 43 AFLP-Primerkombinationen und 175 RAPD-Primer getestet. Von 28 potentiellen Markerkandidaten konnten anschließend 14 Marker in einer ausgewählten F_2 -Spaltungspopulation ($n = 88$) reproduziert werden. Das Zielgen (vorläufige Bezeichnung *LMU*) konnte auf einer 54 cM umspannenden Kopplungsgruppe kartiert werden, beidseitig flankiert durch 6 (3xAFLP, 3xRAPD) bzw. 8 (3xAFLP, 5xRAPD) Marker. Für die zweite Mutante, welche durch eingedrehte buschige Laubblätter charakterisiert ist, wurden in BSAs bisher 30 AFLP-Primerkombinationen und 85 RAPD-Primer getestet. Insgesamt gelang es, 15 RAPD und 6 AFLP Markerkandidaten zu selektieren, die derzeit an einer F_2 -Spaltungspopulation ($n = 100$) überprüft werden.

Abstract:

Marker development and mapping of the main populations MK8 and MK9 were continued. Forty putative identical markers (RAPD, AFLP) were selected so far which showed a similar alignment on the linkage groups. A preliminary consensus map contains five linkage groups.

The recessive AFLP marker AYL14 for the *YELLOW LEAF*-mutant reported last year, was verified based on F_3 -analyses.

The molecular marker analyses for a gene associated with the wax layer were continued. Furthermore, markers for two new carrot mutants were developed based on bulked segregant analyses. A set of 14 AFLP and RAPD markers linked to the target gene were developed and mapped on a 54 cM spanning linkage group for a new mutant characterised by compressed leaves (see BAZ-1151). Fifteen RAPD and 6 AFLP marker candidates were generated for the second new mutant characterised by curled small leaves. A segregation analysis on a F_2 -progeny ($n = 100$) is in progress.

(BAZ-1151, BAZ-1233)

2. Medizinal- und Gewürzpflanzen Medicinal and Spice Plants

2.1 Charakterisierung und Evaluierung verschiedener Wildarten und Hybriden der Gattung *Allium* auf der Basis qualitativer SPME-HS-Analysen flüchtiger schwefelhaltiger Sekundärmetabolite Characterisation and evaluation of various wild species and hybrids of the genus *Allium* based on qualitative SPME-HS-analyses of the volatile sulfur-containing secondary metabolites

Storsberg, J.; Schulz, H.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel des Projektes besteht in der Evaluierung von *Allium*-Wildarten und -Kreuzungen anhand ihrer mittels SPME-HS-GC-Analyse (solid phase micro extraction - head space) gewonnenen Aromaprofile. Dazu sollen schnelle Analysemethoden zur qualitativen und quantitativen Beurteilung inhaltsstofflicher Parameter entwickelt werden. Diese Bewertung soll der Selektion von Einzelpflanzen oder Arten zur Züchtung dienen, um Hybride mit

verbesserten sensorischen und pharmakologischen Eigenschaften zu erzeugen, sowie ontogenetische Untersuchungen an Arten der Gattung *Allium* ermöglichen.

The aim of this project is the evaluation of various wild species and hybrids of the genus *Allium* based on their aroma profiles by SPME-HS-GC-analysis (solid phase micro extraction - head space). Therefore, rapid analytical methods for a qualitative and quantitative evaluation of constituents have to be developed. These data are needed for the selection of single plants or species for breeding to produce hybrids with improved sensory and pharmacological properties and also to make efficient ontogenetic investigations within the genus *Allium* possible.

Ergebnisse:

Die Evaluierung von *Allium*-Wildarten hinsichtlich ihrer schwefelhaltigen Wirkkomponenten ist im Hinblick auf eine Einkreuzung in bestehende Kulturarten notwendig, um zielgerichtet neue sensorische und pharmakologische Eigenschaften zu ermöglichen. Dazu ist die Entwicklung effektiver Analysemethoden unbedingt erforderlich, um eine schnelle Beurteilung inhaltsstofflicher Parameter zu ge-

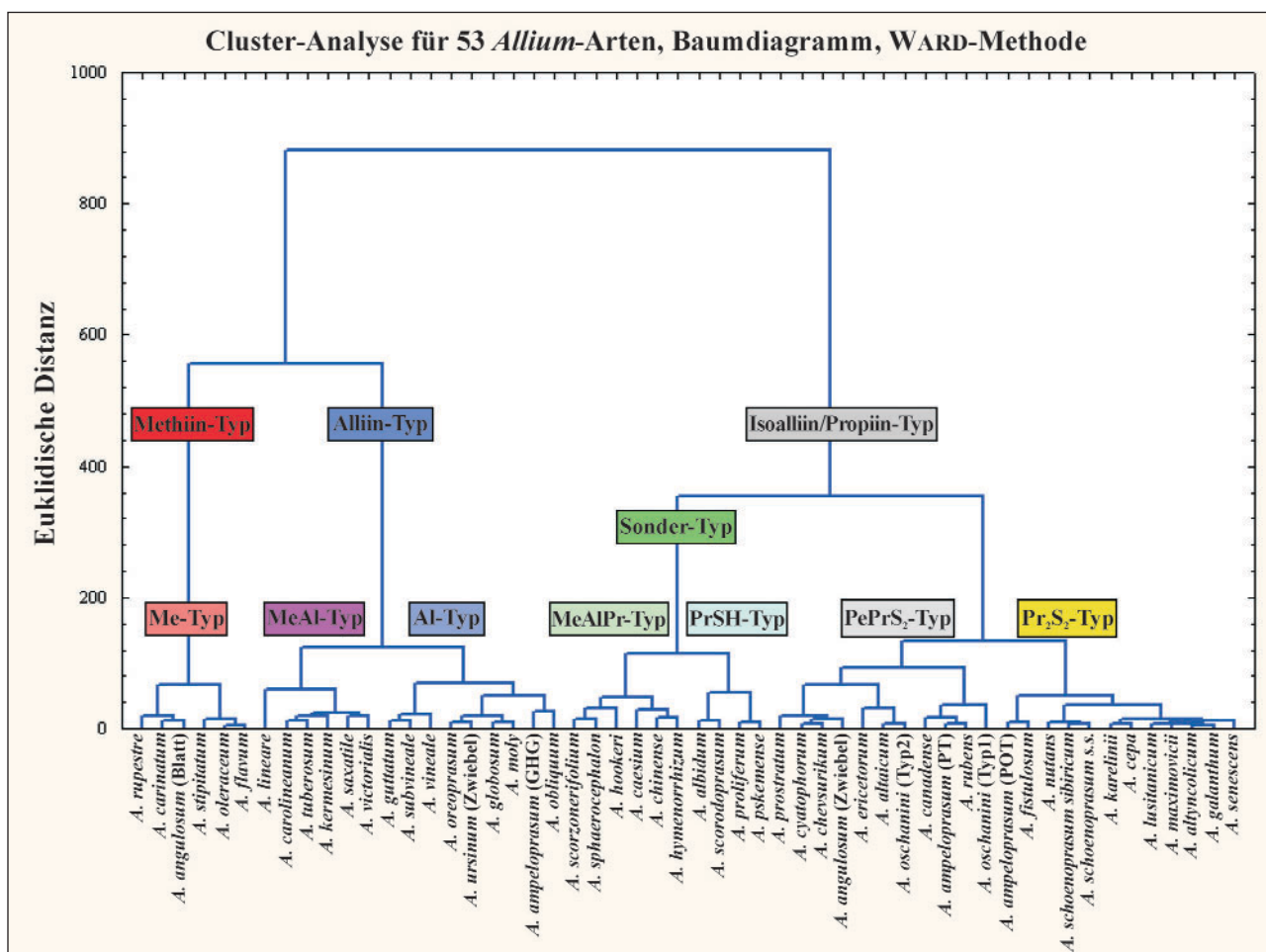


Abb. 1: Statistische Auswertung des *Allium*-Wildarten-Screenings über die Aromaprofile. Dargestellt ist eine Clusteranalyse als Baumdiagramm. (53 Arten, euklidische Distanz, WARD-Methode)

Fig. 1: Statistic evaluation of the screening of *Allium* wild species on the basis of the aroma profiles. A cluster analysis is shown as a tree-diagram (53 species, euclidian distances, WARD-method)



Abb. 2: Photographische Dokumentation der Ontogenese von *A. obliquum* (Maßstabsbalken: 30 cm)

Fig. 2: Photographic documentation of the ontogenesis of *A. obliquum* (scale bar: 30 cm)

währleisten. Die SPME-HS-GC-Analytik konnte dabei als geeignetes Mittel erfolgreich eingesetzt werden. Die Analyse von flüchtigen Schwefelkomponenten in Zwiebeln wird allerdings dadurch erschwert, dass sich der Analyt erst durch eine enzymatische Reaktion aus den Präkursoren, den Cysteinsulfoxiden bildet. Das bedingt eine zeit- und temperaturkontrollierte Probenvorbereitung einerseits und eine zeitoptimierte Analytik andererseits. Eine bereits zuvor im IPA entwickelte Methode wurde hinsichtlich dieser Parameter unter anderem durch Enzym-Inhibition dahingehend optimiert, dass nun bei dreifacher Durchsatzgeschwindigkeit mit einem Fehler von unter 5 % relativer Standardabweichung analysiert werden kann. Mittels dieser Methode wurden insgesamt 63 Arten aus der *Allium*-Kollektion des IPK Gatersleben analysiert und die Aromaprofile auf der Basis von nunmehr 26 identifizierten flüchtigen Schwefelverbindungen in Form einer Clusteranalyse statistisch ausgewertet (Abb. 1).

Ausgehend von diesem Screening wurden neben einer Variante von *Allium victorialis* noch *Allium oreoprasum* und *Allium hymenorrhizum* für eine Kreuzung mit *Allium cepa* ausgewählt. Ob und in wie weit ein Kreuzungserfolg erzielt werden konnte, ist noch nicht abzusehen, die Produkte befinden sich derzeit noch in der *in vitro*-Kultivierung.

Für zwei weitere Wildarten, *Allium obliquum* und *Allium kermesinum*, wurden ontogenetische Untersuchungen angestellt, wodurch weitergehende Erkenntnisse über Verteilung und Gehalte an Aromastoffen im Verlauf der Wachstumsperiode erhalten werden konnten. Die Ontogenese wurde zudem photographisch dokumentiert (Abb. 2).

Blatt- und Zwiebel-Anteil der Pflanzen wurden getrennt untersucht, die dabei erhaltenen Aromaprofile und relativen Gesamtaromastoffgehalte wurden mit den über Biosensor-Messungen erhaltenen Cysteinsulfoxid-Werten in Relation gesetzt (Abb. 3, 4).

Die Cysteinsulfoxid-Werte bestätigen insbesondere bei den Zwiebeln dem Verlauf nach die über SPME-HS-GC ermittelten Ergebnisse der flüchtigen Komponenten. Schwankungen vor allem bei den Blatt-Anteilen ergeben sich unter anderem aufgrund von Feuchtigkeitsverlust während des Transportes sowie aufgrund der bekannten Nachbildung von Cysteinsulfoxiden aus den entsprechenden γ -Glutamylpeptiden während der Lagerung.

Ebenfalls an der Wildart *Allium obliquum* wurde an zwei Akzessionen des IPK eine Einzelpflanzen-Untersuchung durchgeführt. Von insgesamt 17 Pflanzen aus 9 Klonbü-

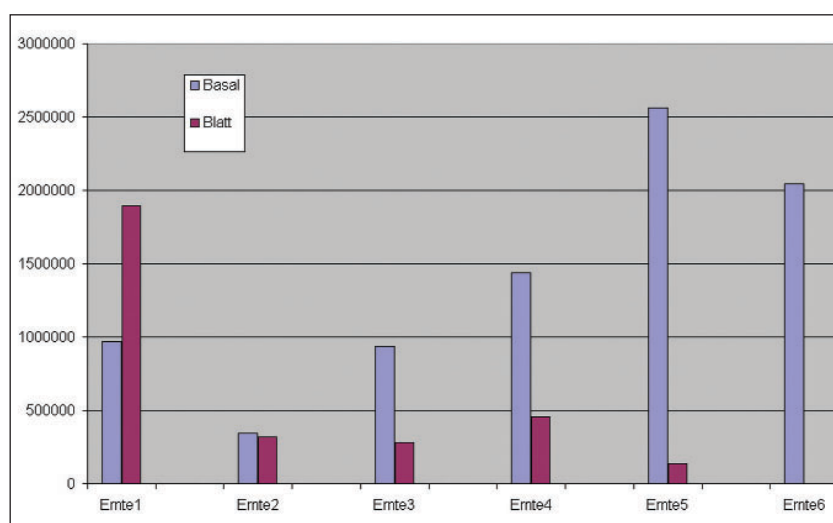


Abb. 3: Gesamt-GC-Response der identifizierten flüchtigen Schwefelverbindungen einzelner Pflanzenteile von *Allium obliquum* im Verlauf der Ontogenese

Fig. 3: Total GC response of volatile sulphur compounds identified in different parts of *Allium obliquum* during ontogenesis

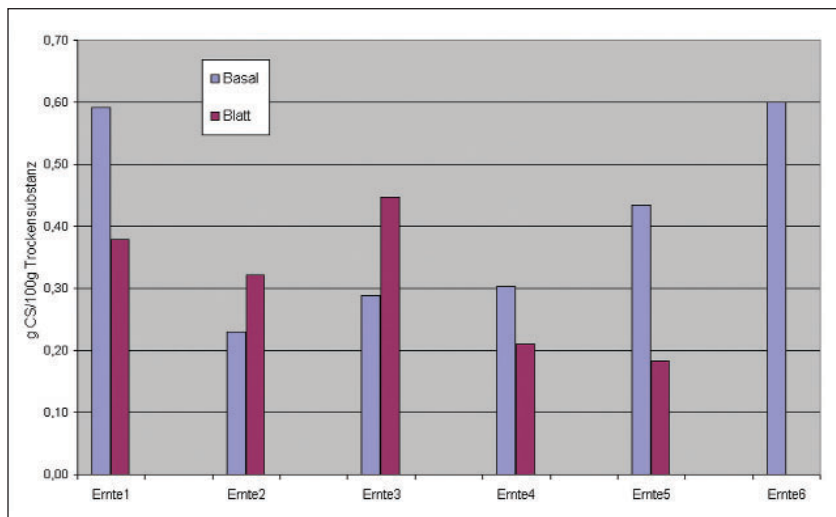


Abb. 4: Gesamt-Cysteinsulfoxidgehalt der Pflanzenteile von *A. obliquum* im Verlauf der Ontogenese

Fig. 4: Total amounts of cysteine sulphoxides in plant segments of *A. obliquum* during the ontogenesis

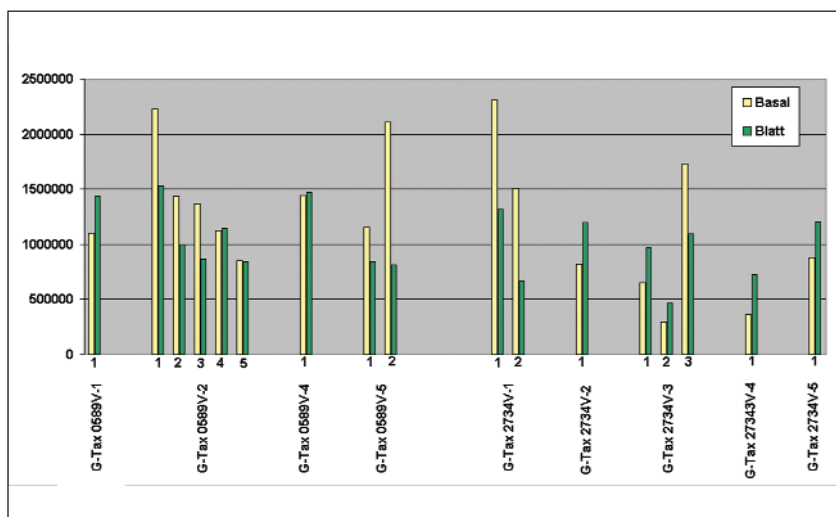


Abb. 5: Gesamt-GC-Peakflächenwerte der identifizierten flüchtigen Schwefelverbindungen in den einzelnen Pflanzenteilen von *Allium obliquum* (G-Tax 0589V und G-Tax 2734V)

Fig. 5: Total GC response of volatile sulphur compounds identified in different segments of *Allium obliquum* (G-Tax 0589V und G-Tax 2734V)

scheln wurden Blatt- und Basalteile getrennt mittels SPME-HS-GC-Analyse untersucht (Abb. 5).

Erstmals wurden dabei die Arbeitsschritte so koordiniert, dass nach der Probenahme aus den geeigneten Pflanzenteilen eine in vitro-Kulturnahme erfolgte. Auf diese Weise konnten für die jeweiligen Klone, aus der die nächste *Allium*-Generation herangezogen wird, bereits im Vorfeld die inhaltsstofflichen Daten ermittelt werden. Sofern diese Ergebnisse im Folgejahr bestätigt werden, soll dann eine Einzelpflanzen-Selektion im Hinblick auf einen möglichst hohen Gehalt schwefelhaltiger Wirkkomponenten erfolgen.

Abstract:

Based on the improvement of a SPME-HS-GC analysis method, a screening of more than 50 wild species of the genus *Allium* has been performed, resulting in a statistical calculation presented as a cluster analysis plot. Ontogenetic changes of valuable constituents have been reported for two wild species, and a single plant selection has been performed for two accessions of *Allium obliquum*.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Dr. Keller, J.; Institut für Pharmazeutische Chemie, Philipps-Universität Marburg, Prof. Dr. Keusgen, M.; Agrar-genossenschaft Calbe, Tischler, R.

Finanzierung: BMBF, Förderkennzeichen 03I3916A (InnoRegio-Programm, Rephyna e. V.)

(BAZ-1243)

2.2 Analytische Charakterisierung von Heil- und Gewürzpflanzen aus Wert- und Registerprüfungen des Bundessortenamtes

Analytic characterisation of medicinal and aromatic plants from examinations of the Bundessortenamt

Krüger, H.

Zielsetzung/Aim:

Die Unterstützung des Bundessortenamtes bei der analytischen Charakterisierung von Arznei- und Gewürzpflanzen aus Sortenprüfungen liefert auch der BAZ wichtige Informationen über die Variabilität von Inhaltsstoffen innerhalb dieser Pflanzengruppe.

The support of the Bundessortenamt with the analytic characterisation of medicinal and aromatic plants obtained from cultivars to be approved provides important information regarding the variability of active substances within this plant section also for the BAZ.

Ergebnisse:

Der Wirkstoffgehalt ist für die Sortencharakterisierung bei Arznei- und Gewürzpflanzen von besonderer Bedeutung. Als Daueraufgabe hat das Institut für Pflanzenanalytik die Wirkstoffanalytik für die Wert- und Registerprüfungen in diesem Bereich übernommen. Die Ergebnisse gehen auch in die beschreibenden Sortenlisten ein, welche vom Bun-

dessortenamt herausgegeben werden (für Arznei- und Gewürzpflanzen zuletzt 2002). Alljährlich werden zwischen 250 und 500 Proben hinsichtlich verschiedener Parameter untersucht. Im Jahre 2003 wurden Prüfungen an 35 Basilikum-, 30 Bohnenkraut-, 40 Dill-, 42 Fenchel-, 20 Kümmel-, 58 Petersilien- und 40 Zitronenmelissen-Sortenmustern vorgenommen (Abb. 1). Insgesamt handelte es sich dabei um 856 Einzelanalysen.



Abb. 1: Sortenprüfung bei Petersilie in der Prüfstation Dachwig des Bundessortenamtes
 Fig. 1: Examination of parsley cultivars in the test station of the Bundessortenamt in Dachwig

Abstract:

For the characterisation of new cultivars of medicinal and aromatic plants it is of special importance to know the content of the individual active substances. The institute of plant analysis performs these studies as a permanent task. The results are part of the cultivar lists, which are published continuously by the Bundessortenamt (the latest list dates back to 2002). Between 250 and 500 samples are investigated each year regarding several parameters. In 2003 35 basil, 30 savory, 40 dill, 42 fennel, 20 caraway, 58 parsley and 40 balm cultivar samples were analysed comprising in total 856 single analyses.

In Zusammenarbeit mit: Bundessortenamt Hannover, Trautwein, F.; Eger, H.; Heine, H.

(BAZ-1245)

2.3 Minderung toxischer Risiken durch Beeinflussung der Biosynthese von Methyleugenol und Estragol in Basilikum

Reduction of toxicological risks influencing the biosynthesis of methyleugenol and estragole in basil

Krüger, H.

Zielsetzung/Aim:

Seitens des Europarates wurden 2001 zwei Stellungnahmen herausgegeben, welche auf das carcinogene Potential von Methyleugenol und Estragol hinweisen. In Abhängigkeit vom individuellen Chemotyp können beide Substan-

zen als Hauptkomponente im ätherischen Öl von Basilikum auftreten. Die bisherigen Ergebnisse lassen erkennen, dass eine sehr große Variabilität im Vorkommen dieser beiden natürlichen Verbindungen existiert. Die Auswertung von Wertprüfungen des Bundessortenamtes ließen auch starke ontogenetische und anbautechnische Einflüsse vermuten. Ein Vergleich der im Freiland und im Gewächshaus angezogenen Sorten sollte daher verlässliche Aussagen über das biosynthetische Potential bzgl. beider Komponenten liefern, um durch verbesserte Sortenauswahl und geeignete Anbauverfahren das toxische Risiko zu senken.

In 2001 the Council of Europe published two opinions, which refer to the carcinogenic potential of methyleugenol and estragole. Dependent on the individual chemotype both substances may appear as main components in the essential oil of basil. The knowledge received to date indicates that there exists a very large variability in the occurrence of these two natural substances. At present, the evaluation of plant material obtained from the Bundessortenamt shows strong effects influenced by ontogenesis and cultivation. A comparison of the varieties grown in the field and in the greenhouse should therefore lead to reliable statements regarding the biosynthetic potential of both components, in order to lower the toxicological risk by selection of the right varieties and suitable cultivation procedures.

Ergebnisse:

Nach den Sortenprüfungen im Freiland und im Gewächshaus im Jahre 2002 wurden in diesem Jahr neben *Ocimum basilicum* L. auch andere Formen in die Untersuchungen mit einbezogen (Abb. 1).



Abb. 1: Basilikum-Kollektion zur Untersuchung der Ontogenese von Methyleugenol und Estragol
 Fig. 1: Basil collection for the investigation of methyleugenol and estragole ontogenesis

Bezüglich der Sortenprüfungen bestätigten sich die Ergebnisse des Jahres 2002. Die handelsüblichen Linalool-Typen besitzen ein sehr unterschiedliches Ausgangsniveau hinsichtlich ihres Methyleugenolgehaltes. In jedem Fall erfolgt bei diesen Typen im Laufe der Ontogenese eine Reduzierung der Methyleugenol-Konzentration im Blatt, wo-

bei die rotblättrigen Sorten ‘Opal’ und ‘Osmin’ stets höhere Gehalte im Vergleich zu allen grünblättrigen Sorten aufweisen (Abb. 2).

leugenolgehaltes während der Wachstumsphase zu verzeichnen wäre (Abb. 3).

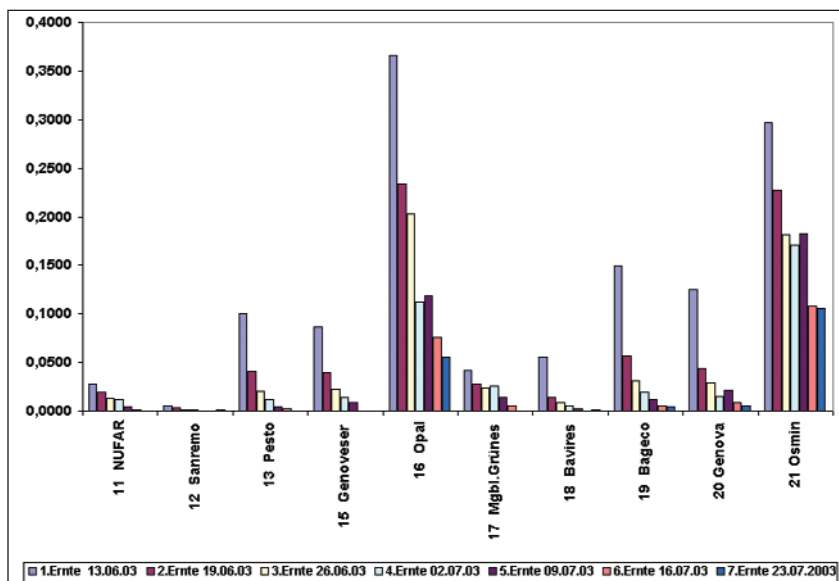


Abb. 2: Die Entwicklung des Methyleugenol-Gehaltes im Blatt von Basilikumsorten des Linalooltypes

Fig. 2: Development of methyleugenol content in leaves of basil varieties relating to the linalool type

Eine vergleichbare Tendenz lässt sich für Estragol bei den in Frage kommenden Sorten (‘Mittel-großblättriges Grünes’ und ‘NUFAR’) nicht feststellen. Aus der Sichtung von Genbankmaterial geht hervor, dass in einigen Formen bereits im Jungpflanzenstadium kein Methyleugenol nachgewiesen werden konnte. Allerdings weisen diese Akzessionen gänzlich untypische Inhaltsstoffprofile hinsichtlich ihrer Eignung als Gewürzkräuter auf. Andere Formen hingegen enthalten Methyleugenol, ohne dass jedoch wie bei den oben genannten Sorten eine Reduzierung des Methy-

leugenol during ontogenesis is not specific for the genus *Ocimum*.

(BAZ-1240)

2.4 Gewinnung und Einsatz von Majoranöl in der kosmetischen und pharmazeutischen Industrie Isolation and use of marjoram oil in the cosmetic and pharmaceutical industry

Krüger, H.; Distler, D.

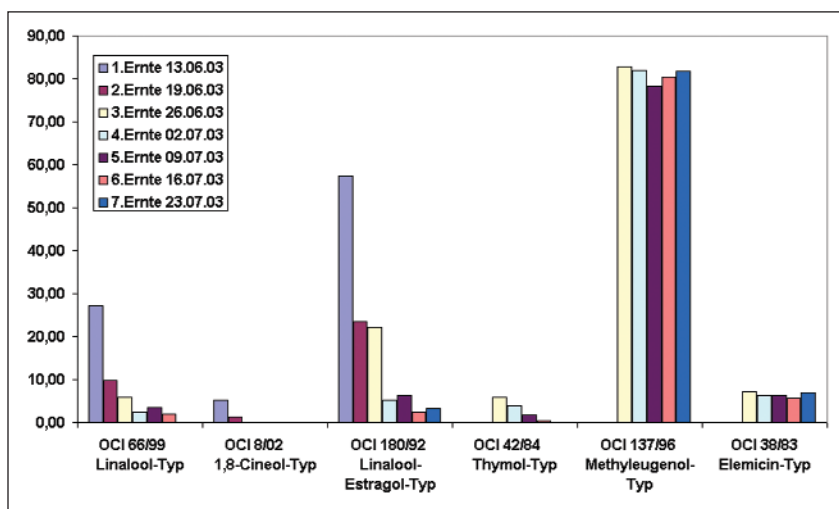


Abb. 3: Die Entwicklung des Methyleugenolgehaltes im Blatt verschiedener Basilikum-Genbankakzessionen

Fig. 3: Development of the methyleugenol content in leaves of different basil gene bank accessions

Die Reduzierung des Methyleugenolgehaltes während der Ontogenese von Basilikum trifft offensichtlich nur für einige Arten zu, sie ist nicht gattungsspezifisch.

Abstract:

Generally, during ontogenesis basil plants cultivated under greenhouse and field conditions show a similar trend regarding the methyleugenol content. At the same time it becomes visible that there exists a strong dependence to the individual cultivar as well as to the harvest time. Beyond that, it becomes clear that red leaf varieties present higher amounts of methyleugenol than green leaf basil plants. In the gene bank collection certain non-typical spice basil forms were found, which did not contain methyleugenol or in which methyleugenol did not show any change in the level during ontogenesis. Obviously the reduction of

methyleugenol during ontogenesis is not specific for the genus *Ocimum*.

Zielsetzung/Aim:

Das Projekt ist Bestandteil der InnoRegio-Projektgruppe „REPHYNA e. V.“, deren Gesamtkonzept die Schaffung neuer Produkte im Bereich Phytopharmaka, Nahrungsergänzungsmittel und Kosmetika vorsieht, um so die Wettbewerbssituation von kleinen und mittelständischen Betrieben in Sachsen-Anhalt nachhaltig zu verbessern. Im vorliegenden Projekt ist beabsichtigt, sowohl durch Züchtung auf der Grundlage geeigneter Chemotypen von *Majorana hortensis* Moench als auch durch Modifizierung von Destillations- bzw. Extraktionsbedingungen, antiinflammatorisch wirksame ätherische Öle herzustellen, welche in ihrem pharmazeutischen Wert am Markt befindlichen Ölen grundsätzlich überlegen sind.

The project is part of the InnoRegio project group (REPHYNA e.V.), which aims to establish a total concept for the development of new products within the range of phyto-medicines, nutraceuticals and cosmetics. So it is planned to improve the competitive position of small and medium-sized companies in Saxony-Anhalt. The project intends to obtain anti-inflammatory essential oils by breeding on the basis of different chemotypes of *Majorana hortensis* Moench and by modification of the distillation and extraction conditions. These oils present a higher pharmaceutical quality standard than those, which are offered on the market.

Ergebnisse:
Im Institut für Pflanzenanalytik erfolgte im Jahre 2003 die analytische Charakterisierung der Oregano-Kollektion, in der auch zahlreiche Majoranformen enthalten waren (Abb. 1). Insgesamt wurden 415 Proben von 180 Prüfgliedern untersucht. Die Kollektion enthält demnach mehrere Chemotypen. Der ätherische Ölgehalt schwankt zwischen 0 und 6,3 %.



Abb. 1: Oregano-Kollektion (Photo: Sonnenschein, Pharmaplant GmbH, Arten)

Fig. 1: Oregano collection (photo: Sonnenschein, Pharmaplant GmbH, Arten)

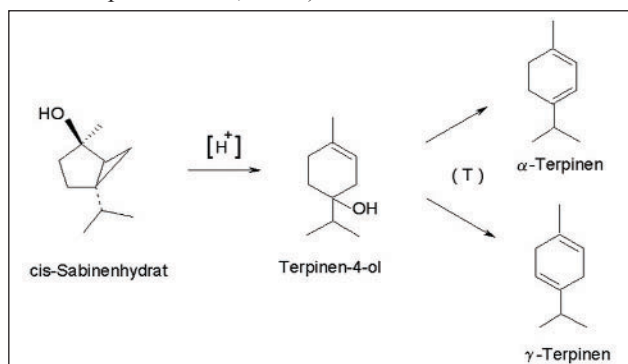


Abb. 2: Cis-Sabinenhydrat und seine durch Umlagerung und Dehydratisierung entstehenden Artefakte

Fig. 2: Cis-sabinene hydrate and its artefacts obtained by rearrangement and dehydration

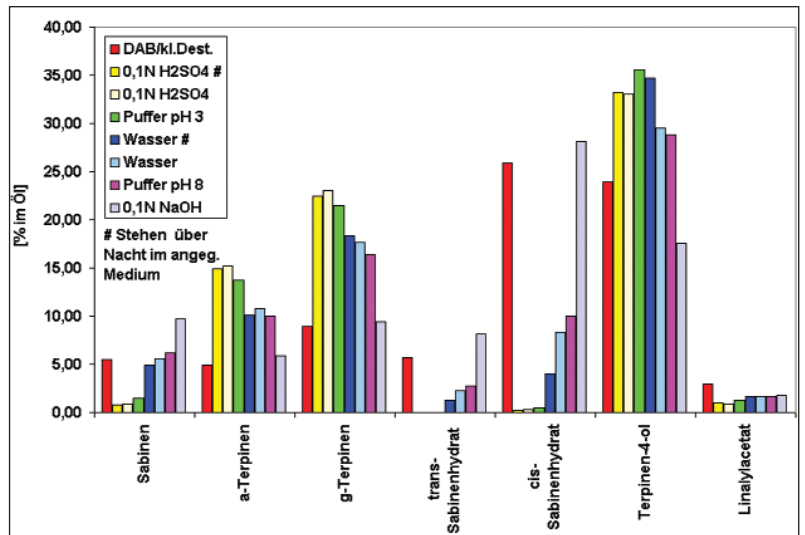


Abb. 3: Zusammensetzung der ätherischen Majoranöle in Abhängigkeit von den Destillationsbedingungen

Fig. 3: Composition of the essential marjoram oils as a function of the distillation parameters

An einem Standard-Majoranmuster wurden Destillationsvarianten getestet, da die Zusammensetzung der ätherischen Öle maßgeblich durch die Aufarbeitungsbedingungen beeinflusst wird. Nicht nur die genuin-vorhandenen Stoffe beeinflussen die Qualität, sondern auch Artefakte, die während der Destillation entstehen. Ihre Bildung durch Umlagerung bzw. Dehydratisierung von Sabinenhydrat (Abb. 2) ist an verschiedene Bedingungen wie pH-Wert, Temperatur, Destillationszeit usw. gebunden.

Erwartungsgemäß liefert eine Destillation unter sauren Bedingungen höhere Gehalte an Terpinen-4-ol und seinen Dehydratisierungsprodukten, alkalische Destillationen fördern dagegen die Verseifung vorhandener Ester bei gleichzeitiger Reduzierung der Umlagerungsartefakte (Abb. 3).

Für die Beurteilung der physiologischen Wirksamkeit, aber auch für die Kalkulation der Ausbeuteverluste wurde die Wasserlöslichkeit der Ölbestandteile näher untersucht. Es zeigt sich, dass vor allem die polaren tertiären Alkohole (Sabinenhydrat und Terpinen-4-ol) in die wässrige Phase übergehen (Abb. 4).

In der hierfür entwickelten Methode wird das wässrige Destillat am Nachfüllstutzen der Hydrodestillationsapparatur abgepumpt und über eine RP-18-Festphasenkartusche geleitet, bevor es wieder in den Destillationskolben zurück gelangt (Abb. 5). Die Methode wurde entwickelt, da herkömmliche flüssig-flüssig-Extraktionen nur ungenügende Extraktionsausbeuten ergeben.

Die auf der Festphase gebundenen wasserlöslichen Verbindungen können dann mit Hexan/Aceton eluiert und mittels GC quantifiziert werden.

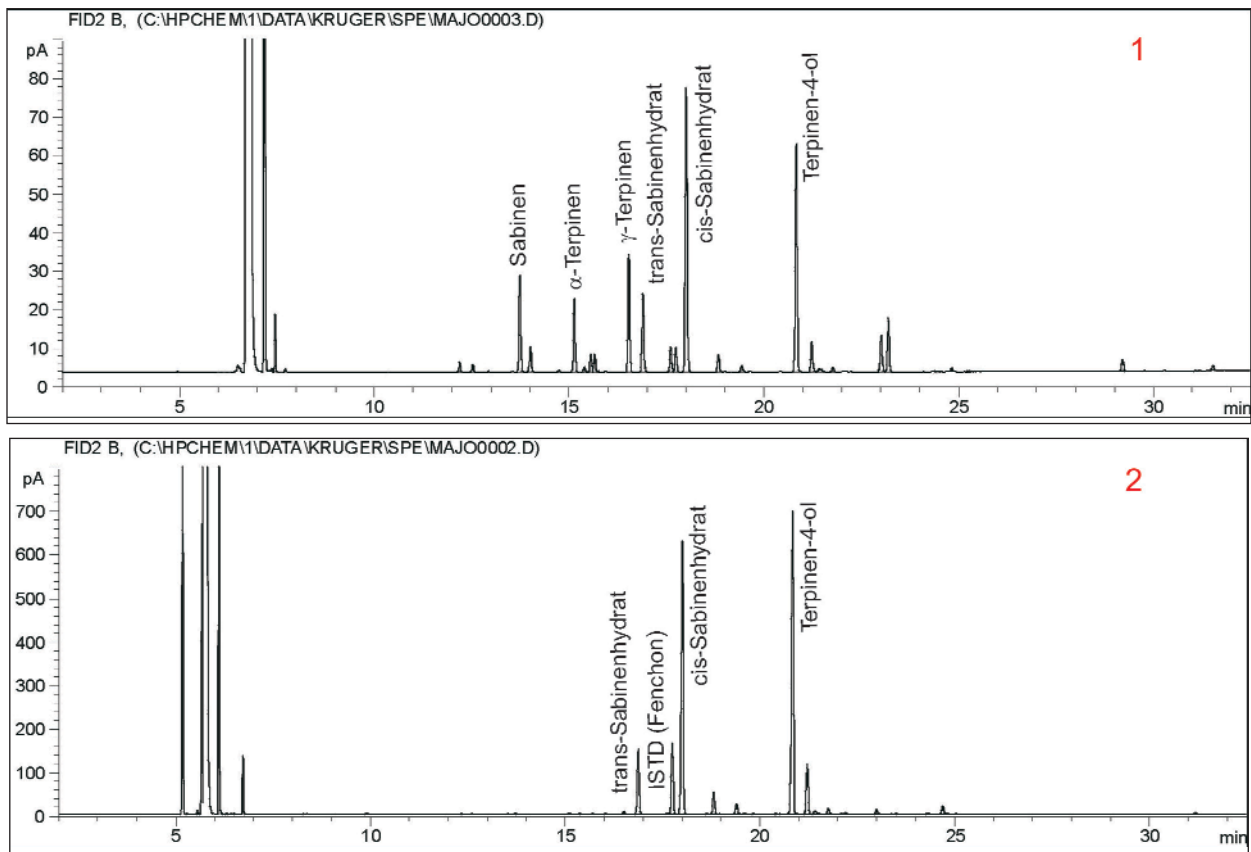


Abb. 4: Zusammensetzung des mittels Hydrodestillation gewonnenen ätherischen Majoranöles (1) und der aus der wässrigen Phase gewonnenen Fraktion (2)

Fig. 4: Composition of essential marjoram oil obtained by hydrodistillation (1) and of the fraction obtained from the water phase (2)

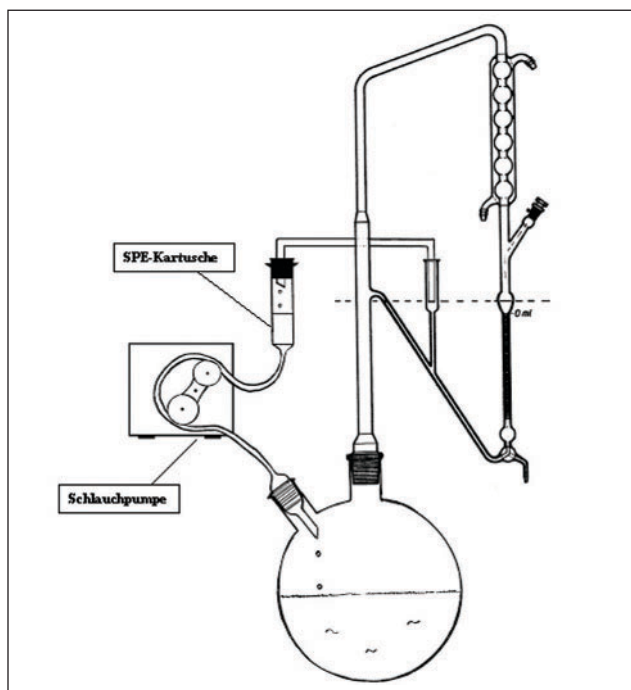


Abb. 5: Apparatur zur Abtrennung wasserlöslicher Verbindungen aus ätherischen Ölen

Fig. 5: Equipment for separation of water-soluble compounds from essential oils

Abstract:

An oregano collection of 415 samples containing several chemotypes was evaluated. The content of essential oil varies between 0 and 6.3 %. The composition of essential marjoram oils depends strongly on the distillation conditions. It has been found that acidic conditions will favour the production of artefacts. For the evaluation of physiological effects the knowledge of the water-solubility of essential oil components is of special importance. It has been shown that during distillation the alcohols terpinen-4-ol and sabinene hydrate move into the water phase.

In Zusammenarbeit mit: Pharmaplant GmbH Artern, Dr. Plescher, Frau Sonnenschein; Institut für Medizintechnologie Magdeburg GmbH, Dr. Träger

Finanzierung: BMBF, Förderkennzeichen: 03I3912B (Inno-Regio-Programm, Rephyne e. V.).

(BAZ-1241)

3. Entwicklung neuer Analyseverfahren Development of new analysis techniques

3.1 Identifizierung von Pflanzeninhaltsstoffen mittels LC-MS und Aufbau einer MS-Bibliothek Identification of plant substances by LC/MS and development of a MS-library

Schütze, W.

Zielsetzung/Aim:

Identifizierung von Inhaltsstoffen mittels HPLC-MS in Gemüse, Heil- und Gewürzpflanzen, die für den Geschmack sowie den Gesundheitswert bedeutsam sein können. Erstellung von MS-Spektrenbibliotheken.

Identification of plant substances by HPLC-MS in vegetables, medicinal and spice plants, which may be significant for the flavour as well as the healthy nutrition. Development of MS-libraries.

Ergebnisse:

Weitere Ergebnisse zur Identifizierung von Substanzen mit Hilfe der HPLC/MS-Kopplungstechnologie werden am Beispiel von *Allium cepa*, *Brassica juncea* und *Papaver somniferum* vorgestellt. Untersucht wurden sowohl Standardsubstanzen als auch Pflanzenextrakte, um die in den Extrakten vorhandenen Inhaltsstoffe an Hand ihrer UV/Vis- und Massenspektren zu identifizieren. Die MS-Parameter-Optimierung für einzelne Substanzen bzw. Substanzgruppen und die MS-Methodenerstellung erfolgte durch Direktinjektion über ein Spritzenmodul. Nachfolgend aufgeführte Stoffgruppen wurden in die Untersuchungen einbezogen:

- Glucosinolate
- Alkaloide
- Cysteinsulfoxide

Glucosinolate

Im Rahmen der Untersuchungen an *Brassica juncea* (Biofumigation von *Sinapis alba* und *Brassica juncea*, Screening des Glucosinolatgehaltes/Glucosinolatverteilungsmusters - BAZ-1246) wurde in einigen der untersuchten Sorten/Stämme eine Substanz gefunden, die sich nicht in die bisher bekannten Verteilungsmuster einordnen ließ. Das UV-Spektrum dieser Substanz weist auf ein aliphatisches, geradkettiges Glucosinolat hin.

Die MS-Experimente ergaben nachfolgende Ergebnisse (n.n. - nicht nachweisbar):

Peak	RT (min)	[M+H] ⁺	[M-H] ⁻	[M+Na]	[M+Li] ⁺
1	8,66	n.n.	n.n.	317,9	300,9

Daraus lässt sich die Masse des Moleküls [M = 295] ableiten. Während der Aufarbeitung der Glucosinolate wird durch das Enzym Sulfatase der Sulfatrest [M = 80] am Glucosinolatmolekül abgespalten, so dass sich ein Mole-

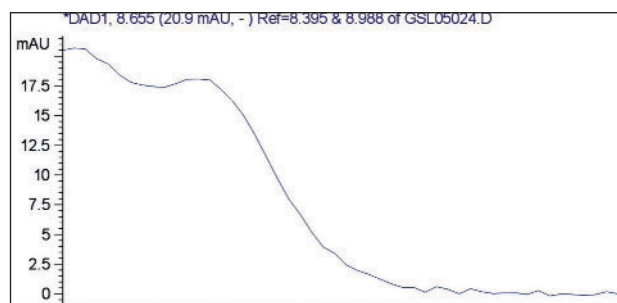


Abb. 1: UV-Spektrum eines aliphatischen, geradkettigen Glucosinolates in *Brassica juncea* mit einer Retentionszeit (RT) von 8,66 min.

Fig. 1: UV-spectrum of an aliphatic straight-chain glucosinolate in *Brassica juncea* with a retention time of 8.66 min.

kulargewicht von M = 374 für das Ausgangsmolekül ergibt. Die molekulare Zusammensetzung für [M = 295] wurde mit Hilfe spezieller Auswertesoftware zu C11H21N1O6S1 errechnet. Aus anderen MS-Experimenten liegen Daten für Gluconapin (n-Butenylglucosinolat, [M = 293]; RT= 7,05 min, C11H19N1O6S1) vor. Der Vergleich der UV-Spektren beider Verbindungen und die um 2 Einheiten höheren Masse der in den bisher untersuchten Pflanzen nicht aufgefundenen Substanz lässt den Schluss zu, dass es sich bei der unbekanntem Verbindung um n-Butylglucosinolat handelt.

Alkaloide

Im Rahmen der Entwicklung einer HPLC-Referenzmethode zur Bestimmung von Alkaloiden in *Papaver somniferum* erfolgte die HPLC-Methodenoptimierung unter Einsatz der Massenspektroskopie. Dabei wurden die MS-Daten für die fünf Hauptalkaloide in der „Alkaloid-Library“ erfasst (Tabelle 1).

Tab. 1: MS-Daten der fünf Hauptalkaloide in *Papaver somniferum* L.

Table 1: MS-data of the five main alkaloids occurring in *Papaver somniferum* L.

Peak	RT (min)	[M+H]	[M+Na]
Morphin	1,5	286,1	308,1
Codein	2,2	301,1	322,1
Papaverin	2,4	340,1	362,1
Thebain	3,1	312,1	334,1
Noscapin	4,5	414,1	436,0

Die Intensität der Kaliumaddukte ist überwiegend gering, die Messungen im negativen Ionenmodus brachten nur unbefriedigende Ergebnisse mit sehr geringer Signalintensität.

In einigen Mohnkapseln wurde eine bisher nicht identifizierte Substanz mit einem in seiner Intensität dem Codein bzw. dem Noscapin vergleichbaren UV-Signal nachgewiesen.

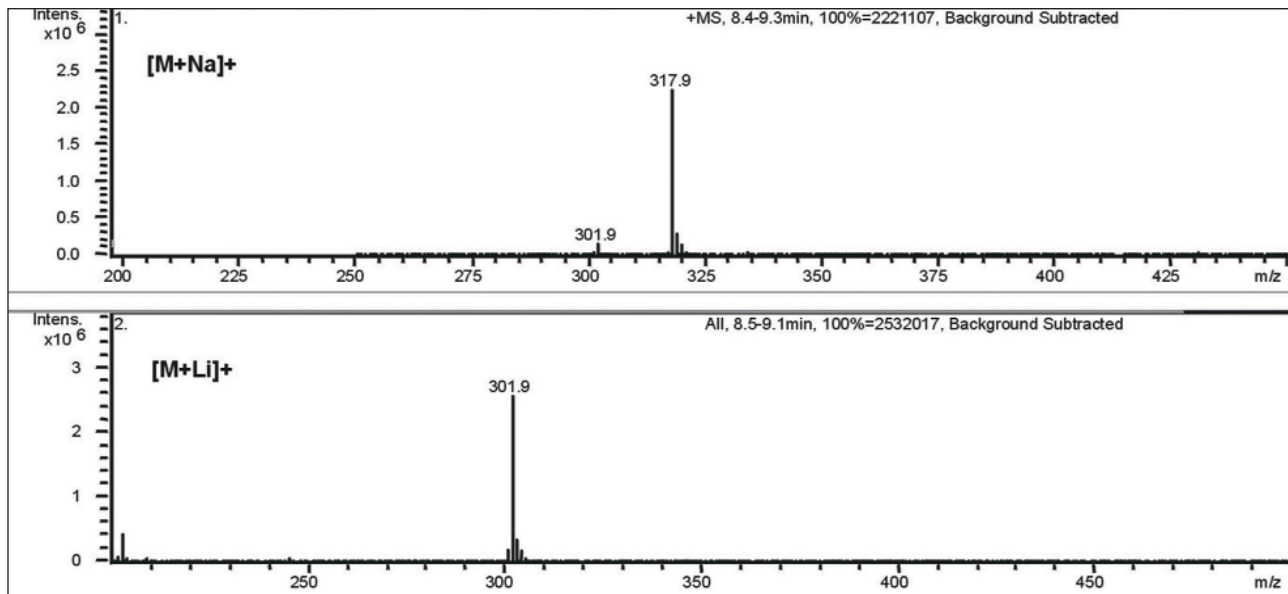


Abb. 2: MS-Spektren eines aliphatischen, geradkettigen Glucosinolates in *Brassica juncea* mit einer Retentionszeit von 8,66 min, ([M+Na]⁺ - Na-Addukt; [M+Li]⁺ - Li-Addukt)

Fig. 2: MS-spectra of an aliphatic straight-chain glucosinolate in *Brassica juncea* with a retention time of 8.66 min, ([M+Na]⁺ - Na-Addukt; [M+Li]⁺ - Li-Addukt)

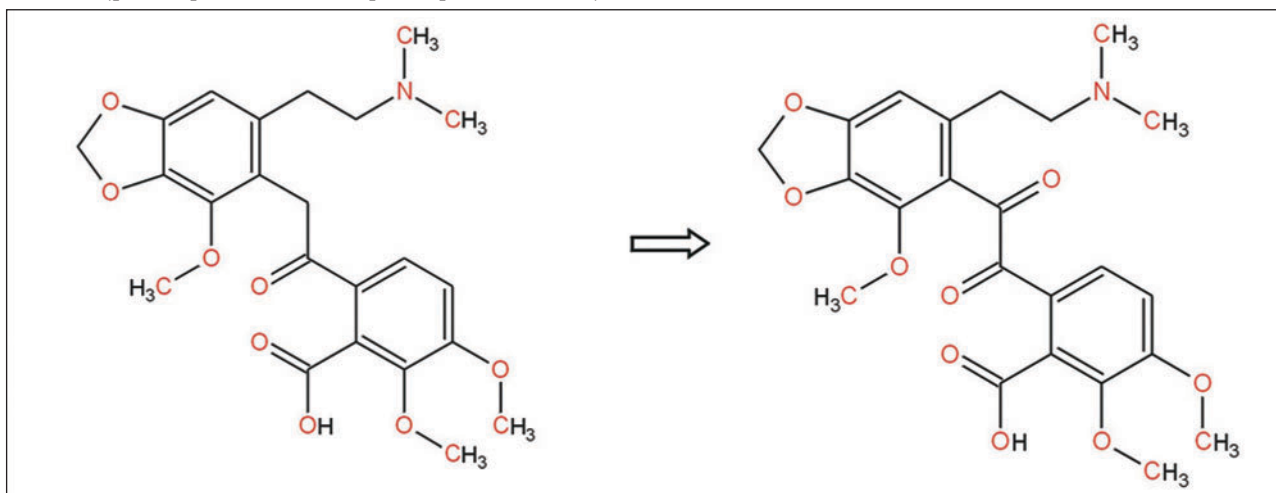


Abb. 3: Oxidation von Narcein zu Narceinon

Fig. 3: Oxidation of narceine to narceinone

Legt man als Summenformel $C_{23}H_{25}N_1O_9$ [M = 459] zugrunde, so handelt es sich hier mit sehr großer Wahrscheinlichkeit um das durch Oxidation im alkalischen Bereich aus Narcein entstandene Narceinon [(Abb. 3); (Narceinone, an alkaloid from *Papaver somniferum*. Prabir K. Chaudhuri and Raghunath S. Thakur; *Phytochemistry*, Vol. 28, No. 7, pp. 2002 - 2003, 1989)].

Abbildung 4 zeigt die MS- bis MS⁴-Spektren von „Narceinon“ im positiven Ionen-Modus. Sie ergeben einen typischen „Fingerprint“ für die untersuchte Substanz. Im 1. Schritt der Fragmentierung entsteht aus [M+H]⁺ im MS² (460,1) das Produkt-Ion (Basispeak) mit der Masse m/z 428,08 durch Abspaltung einer -OCH₃-Gruppe. Im MS³ (460,1 → 428,1) entsteht das Produkt-Ion (Basispeak) mit der Masse m/z 365. Dieses ist bereits im MS²-Spektrum

deutlich zu sehen und zeigt, dass das Produkt-Ion m/z 428,1 nicht sehr stabil ist. Eine sinnvolle Fragmentierung ergibt sich auf Grund der sinkenden Intensität nur bis MS⁴ (460,1 → 428,1 → 365,0). Es entsteht ein Produkt-Ion mit der Masse m/z 350,0.

Cysteinsulfoxide

Im Rahmen der Untersuchungen zur „Charakterisierung und Evaluierung verschiedener Wildarten und Hybriden der Gattung *Allium* auf Basis quantitativer SPME-Head-space-Analysen der flüchtigen, schwefelhaltigen Sekundärmetabolite“ (BAZ-1243) wurde eine HPLC/MS-Methode zur qualitativen/quantitativen Bestimmung von Cysteinsulfoxiden entwickelt. Massenspektrometrisch (MS und MS²) untersucht wurden (Standardsubstanzen) Alliin, Äthiin, Methiin, Propiin, Butiin und Hexiin. Alle Ver-

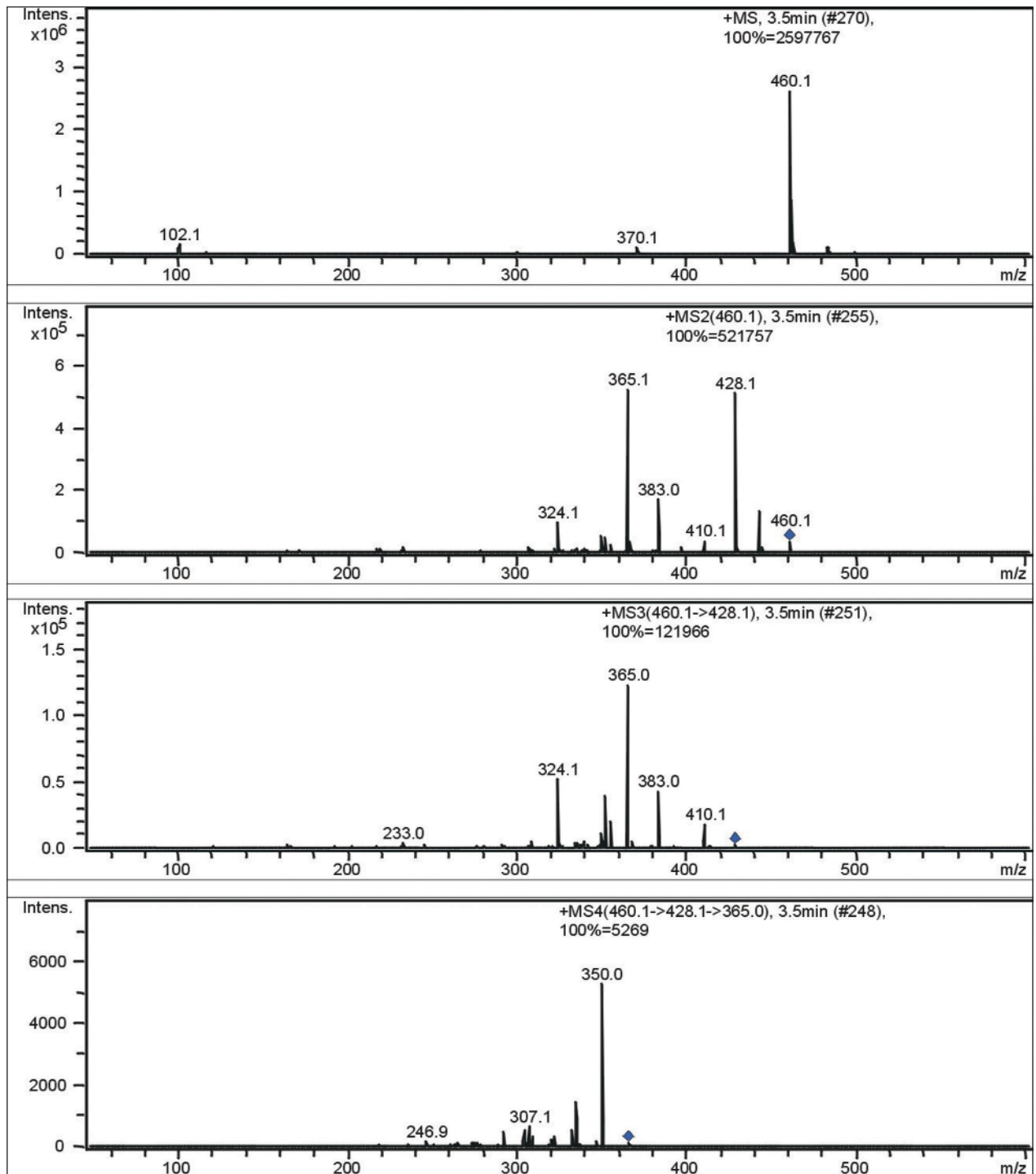


Abb. 4: MS- bis MS⁴-Spektren einer aus Kapselmehl von *Papaver somniferum* extrahierten Verbindung nach HPLC-Trennung, (pos. Ionenmodus, berechnete Summenformel: C₂₃H₂₅N₁O₉, [M+H]⁺ = 460,1)

Fig. 4: MS- to MS⁴-spectra of a substance extracted from dried and milled poppy capsules of *Papaver somniferum* after HPLC-separation. (Spectra measured in positive ion mode; calculated totals formula: C₂₃H₂₅N₁O₉, [M+H]⁺ = 460.1)

bindungen ergaben im Gegensatz zum negativen Ionenmodus im pos. Ionenmodus ein intensives Signal. Alle untersuchten Substanzen zeigten im MS²-Modus das gleiche Produkt-Ion m/z 88,1 (Alanin). Am Beispiel von Butiin wird das MS- und das MS² Spektrum gezeigt. Die Messungen erfolgten nach Optimierung der MS-Bedingungen.

Abstract:

Applying HPLC/MS more results for identification of substances are presented as for instance components occurring in *Allium cepa*, *Brassica juncea*, and *Papaver somniferum*. In order to identify valuable plants standard substances as well as plant extracts were researched and identified by

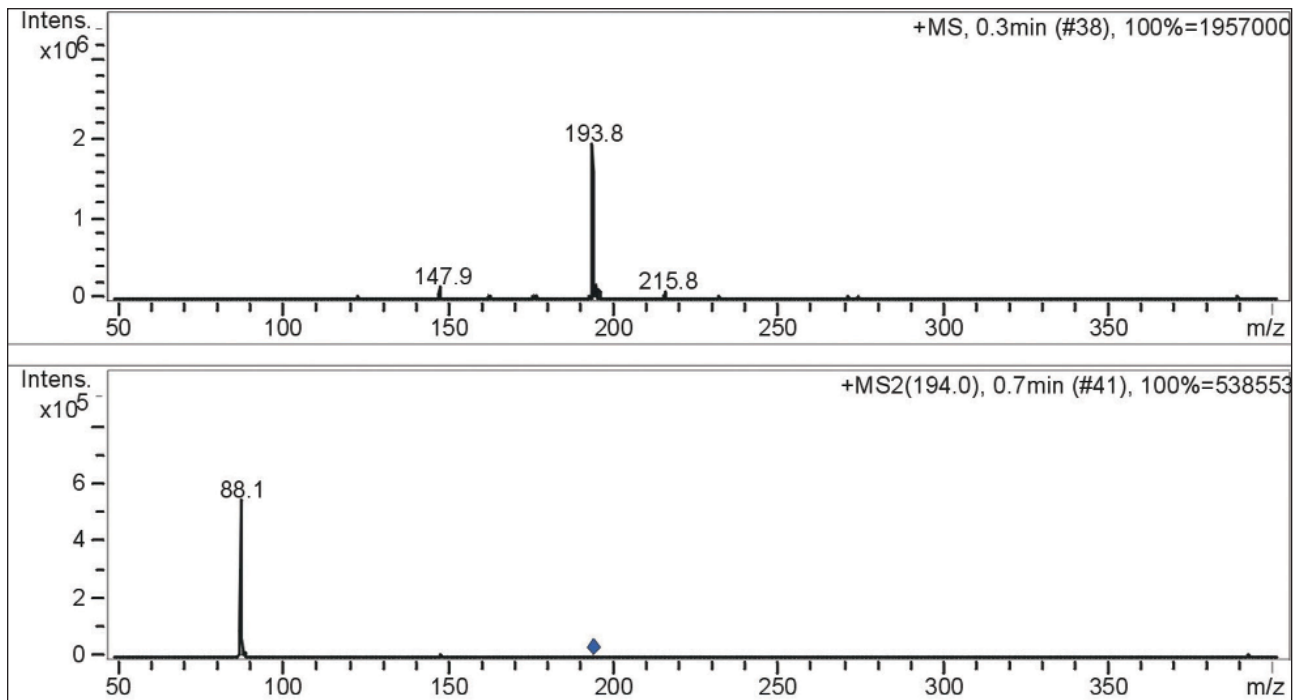


Abb. 5: MS- und MS²-Spektrum von Butiin (Spritzenmodul)

Fig. 5: MS- and MS²-spectra of butiine (injection modul)

means of UV/Vis- and MS-spectra. The following chemical groups were regarded in the study:

- Glucosinolates
- Alkaloids
- Cysteine sulphoxides

In genotypes of *Brassica juncea* and *Sinapis alba* an „unknown“ substance was found. The UV-absorption spectrum, obtained for this component, shows the characteristic fingerprint of an aliphatic straight-chain glucosinolate. The mass of the desulfated compound was [M = 295] and the totals formula was calculated to C₁₁H₂₁N₁O₆S₁. Relating to these informations the substance was identified as n-butylglucosinolate.

Improving a HPLC-reference method for the detection of poppy alkaloids the MS-data of the five main alkaloids morphine, codeine, papaverine, thebaine and noscapine were collected. In some dried poppy capsules a „new“ compound with a retention time of 3.5 minutes was detected. The totals formula was calculated to C₂₃H₂₅N₁O₉ [M = 459]. The MS - MS⁴ experiments were performed in the positive ion mode and they gave a typical „finger print“ for this substance (Fig. 4). This substance is the oxidation product of narceine (narceinone; Fig. 3).

A HPLC/MS rapid method for the qualitative and quantitative determination of cysteine sulphoxides was developed. Best MS results were obtained in the positive ion mode. Applying MS² experiments all substances showed (Fig. 5) the same product ion (m/z 88.1 - alanine).

(BAZ-1244)

3.2 Spektroskopische Inhaltsstoffbestimmungen an Möhre, Kohl, Gelbsenf, Ölrettich und Mohn mittels ATR-FT-IR Methoden.

Spectroscopic determination of valuable components in carrots, cabbage, yellow mustard, oil radish and poppy by ATR-FT-IR methods.

Quilitzsch, R.; Schütze, W.; Schulz, H.

Zielsetzung/Aim:

Die Zielsetzung ist, den Anwendungsbereich der Diamant-ATR-IR-Technik (ATR = Abgeschwächte Total-Reflexion) zur Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe auf ausgewählte Gemüsearten und Mohn zu erweitern. Dabei werden die spektroskopischen Messungen an flüssigen und pulverförmigen Proben durchgeführt. Auf Basis der parallel dazu ermittelten Referenzdaten werden Kalibriermodelle aufgestellt, die es später erlauben sollen, durch schnelle spektroskopische Messungen an gering vorverarbeiteten Pflanzenproben die Gehalte vorherzusagen. Die erhaltenen Kalibriermodelle sollen durch statistische Leistungsparameter bewertet werden.

Spectroscopic measurements on liquid and powdered material of selected vegetables and poppy will be performed applying the diamond ATR-IR technology. Based on reference analysis models for data calibration have to be developed in order to predict individual plant substances in unknown samples. The obtained calibration models will be interpreted on the basis of statistic parameters.

Ergebnisse:

Bei der Züchtung auf Qualität muss der Züchter Auswahlentscheidungen nach Summenparametern und Inhaltsstoffen treffen. Für objektive Entscheidungen ist die Unterstüt-

zung durch chemische Analysen oder physikalische Methoden unbedingt erforderlich. Dabei ist die Mess- und Analysetechnik für züchterische Zwecke nur akzeptabel, wenn ein hoher Probendurchsatz gewährleistet ist, die Anwendung möglichst ohne Probenvorbereitung durchgeführt werden kann und die Genauigkeit soweit ausreicht, um Pflanzenkollektionen bezüglich der Qualitätsparameter unterscheiden zu können. Hier haben spektroskopische Methoden einen Vorteil gegenüber den zeitaufwendigen chromatographischen Trennverfahren. Sie kommen mit minimaler Probenvorbereitung aus und können zum größten Teil auch zerstörungsfrei angewendet werden. Reflexionsmessungen an pflanzlichem Material sind heute im gesamten Spektralbereich von 0,4 μm (25000 cm^{-1}) bis 15,0 μm (666 cm^{-1}) gut zu handhaben, wobei Anwendungen im mittleren Infrarot von 2,5 bis 15,0 μm erst in letzter Zeit durch den Einsatz der Diamant-ATR-Technik in Kombination mit FT-IR-Spektrometern möglich geworden sind. Mit einer Diamant-ATR-Vorrichtung können feste Proben mit hohem Druck auf den Diamantkristall gepresst werden, so dass die IR-Strahlung in der Grenzschicht des Kristalls mit der Probe wechselwirken kann. Die Wechselwirkung erfolgt durch abgeschwächte Totalreflexion (ATR = Attenuated Total Reflection).

Das Versuchsmaterial bestand aus 240 Proben Möhrensaft (*Daucus carota* L.) und pulverförmigen, gefriergetrockneten Proben von 107 Kohlpflanzen (*Brassica oleracea*), 111 Gelbsenfplanzen (*Brassica juncea*), 105 Ölrettichplanzen (*Raphanus sativus*) und 45 Mohnkapseln (*Papaver somniferum* L.). Dabei standen pro Kulturart jeweils 4, 16, 6, 8 und 4 Sorten zur Verfügung.

Die spektroskopischen Messungen im Bereich von 700 bis 4000 cm^{-1} wurden mit einem Gerät des Typs „Travel-IR“ der Firma Resultec Analytic Equipment (Garbsen, Deutschland) durchgeführt. Es handelt sich dabei um ein Fourier-Transform (FT-IR)-Spektrometer mit fest montierter Diamant-ATR-Vorrichtung und einem Mikro-Video-System zur Probenbeobachtung. Die detaillierte Beschreibung des Messverfahrens ist im BAZ-Jahresbericht 2001, Seite 198 bis 200 zu finden. Nach der Durchführung der spektroskopischen Messungen wurden die Proben bezüglich ihrer Inhaltsstoffe analysiert. Die Zuckergehalte des Möhrensafts wurden mittels TLC ermittelt, der Carotingehalt nach Festphasenextraktion photometrisch bestimmt. Die Inhaltsstoffe der pulverförmigen Proben wurden mittels HPLC analysiert. Die methodischen Gesichtspunkte der Bestimmung von Glucosinolaten wurden bereits im BAZ-Jahresbericht 1996, Seite 178 bis 180 beschrieben. Die analytische Bestimmung der Alkaloide im Mohn wird nachfolgend beschrieben:

Probenvorbereitung

Es werden ca. 100 mg gefriergetrocknetes Kapselmehl unter Zugabe von 6 ml Extraktionsmittel ($\text{CH}_3\text{OH}/\text{NH}_3$ - 99:1) 60 min bei RT geschüttelt. Davon werden 2 ml für die Festphasenextraktion (SPE) abgenommen, unter N_2 bis

zur Trockne eingedampft (45 °C, Probenkonzentrator) und in 3,5 ml Phosphatpuffer aufgenommen. Davon werden 3 ml auf die vorkonditionierte SPE-Extraktionssäule (SPEC-DAU, 3 ml) gegeben und bei mildem Vakuum langsam durch die Säule gesaugt.

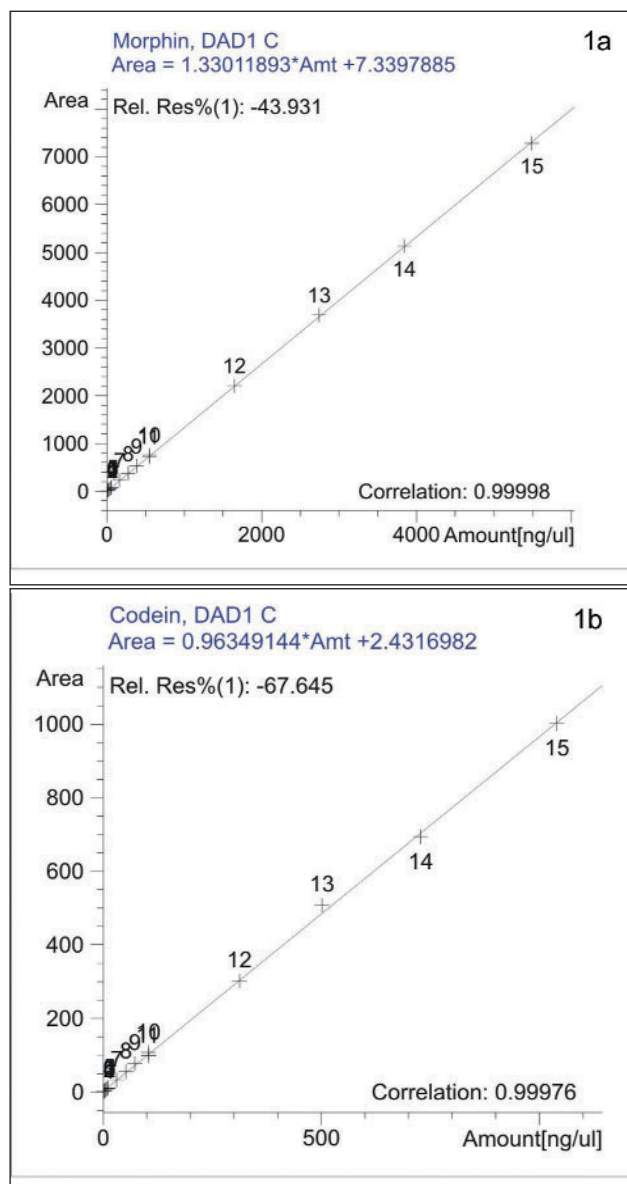


Abb. 1: HPLC-Kalibrierungen für Morphin (1a) und Codein (1b)

Fig. 1: HPLC calibration plots for morphine (1a) and codeine (1b)

Die SPE-Säule wird anschließend mit Wasser und Methanol gewaschen und bei starkem Vakuum trocken gesaugt (6 min). Die Alkaloide werden durch Zugabe von 0,9 ml Elutionsmittel ($\text{CH}_3\text{OH}/\text{NH}_3$ - 9:1) eluiert. Anschließend wird durch kräftiges Vakuum das Elutionsmittel vollständig von der SPE-Säule entfernt und im Probenkonzentrator unter N_2 bei 45 °C bis zur Trockne eingedampft. Der alkaloidhaltige Rückstand wird mit 100 μl HPLC-Eluent aufgenommen. Davon werden 2 μl in die HPLC-Anlage injiziert.

HPLC-Bedingungen

Trennsäule: Zorbax SB-C18, 3,0 x150 mm;
3,5 µm
Fluß: 0,6 ml/min
Isokratisch: A - H₂O/Triethylamin
(99,9 % / 0,1 %)
B - CH₃OH/Triethylamin
(99,9 % / 0,1 %)
Startbedingungen: A / B = 32 % / 68 %
Detektionswellenlänge: Kanal A - 283 nm
Kanal C - 246 nm
Säulenofen: 35°C
Analysezeit: 5 min

Die Kalibrationskurven für die HPLC sind als Beispiel für die Standardsubstanzen Morphin und Codein in der Abbildung 1 angegeben.

Mit den MIR-Spektren und den dazugehörigen Referenzwerten erfolgte für jeden Inhaltsstoff die Durchführung einer chemometrischen Kalibrierung. Verwendet wurde dazu die Quantifizierungssoftware OPUS/Quant 2 der Firma Bruker Optik GmbH Karlsruhe. Diese arbeitet mit einem Partial Least Squares Algorithmus (PLS), einer Methode der multivariaten linearen Regression. Die Güte des Kalibriermodells wird stets mit einem Validierungsalgorithmus überprüft. Bei einer Kreuzvalidierung wird der gesamte Kalibrationsdatensatz auch für die Validierung benutzt.

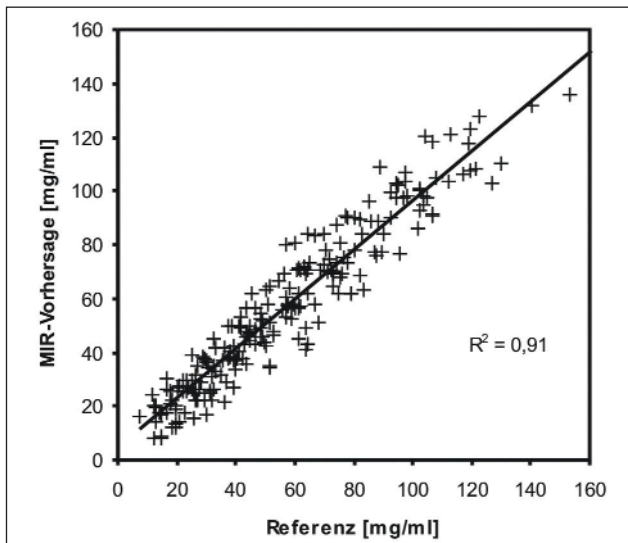


Abb. 2: MIR-Vorhersageplot für den Gesamtzuckergehalt von Möhrensaft

Fig. 2: MIR prediction plot for total sugar content of carrot juice

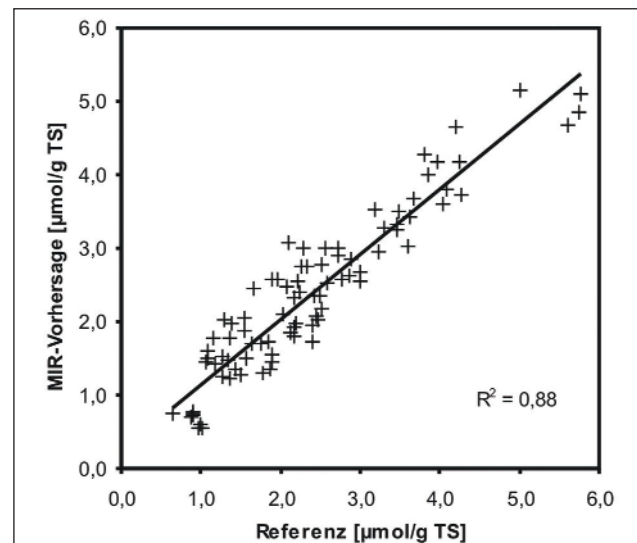


Abb. 3: MIR-Vorhersageplot für den Iberingehalt von Kohl

Fig. 3: MIR prediction plot for iberin content of cabbage

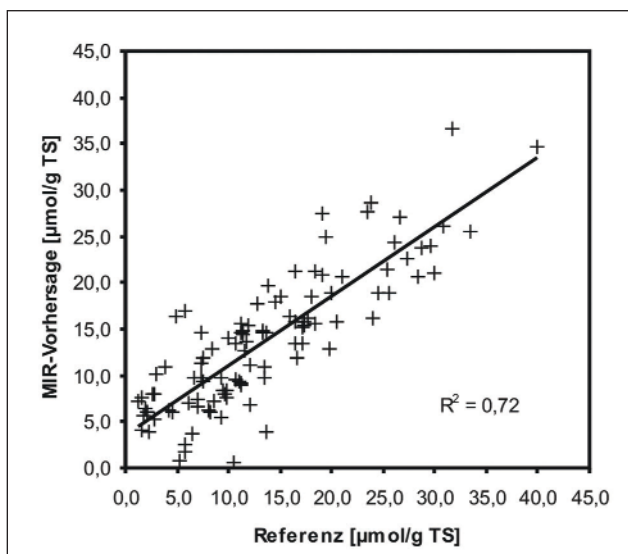


Abb. 4: MIR-Vorhersageplot für den Rapheningehalt von Ölrettich

Fig. 4: MIR prediction plot for raphenin content in oil radish

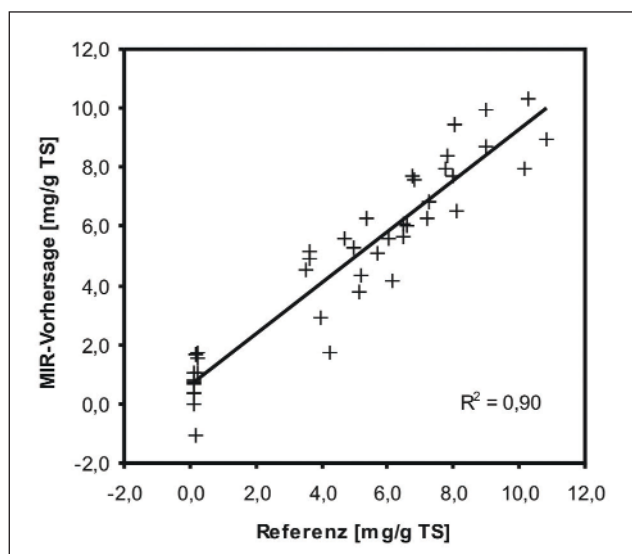


Abb. 5: MIR-Vorhersageplot für den Gesamtalkalidgehalt von Mohn

Fig. 5: MIR prediction plot for total alkaloid content in poppy

Die Güte der Vorhersage von Konzentrationen aus spektralen Daten mit dem entwickelten Modell wird durch folgende Größen charakterisiert: Bestimmtheitsmaß R^2 und mittlerer Vorhersagefehler der Kreuzvalidierung RMSECV (root mean square error of cross validation). Das Minimum des RMSECV gibt die optimale Zahl von Faktoren (Rang) des entwickelten Modells an. Die für die einzelnen Kulturarten für einen bestimmten Inhaltsstoff erreichte Vorhersagegüte läßt sich zunächst anschaulich als Validierungsplot darstellen. Die Abbildungen 2 bis 5 liefern ausgewählte Beispiele.

Eine Zusammenstellung der statistischen Güteparameter für die Vorhersagemodelle aller untersuchten Kulturarten ist in Tabelle 1 zu finden. In der zweiten Spalte von links ist die Anzahl der gemessenen Spektren (N), gleichzeitig Anzahl der analysierten Proben, nach erfolgter Ausreißereliminierung angegeben. In der rechten Spalte ist der für die Berechnungen verwendete eingeschränkte Wellenzahlbereich (WZB) angegeben. Wenn man die erreichten Bestimmtheitsmaße in Tabelle 1 betrachtet, so sind für die meisten angegebenen Komponenten spektroskopische Vorhersagen möglich. Die Tabelle zeigt auch, dass die unterschiedlichsten Pflanzeninhaltsstoffe mit einer spektroskopischen Schnellmethode im mittleren Infrarot bestimmbar sind. Der Zeitaufwand für die notwendige Vorverarbeitung der Proben wie Saffherstellung oder Mahlen ist verglichen mit dem für chromatographische Analysen erforderlichen Aufwand vernachlässigbar gering.

Tab. 1: Ergebnisse der Kreuzvalidierungsrechnungen für verschiedene Inhaltsstoffe (bei Pulverproben Gehaltangaben bezogen auf Trockenmasse)

Table 1: Results of cross validation calculations for valuable components (for powdered samples content is related to dry matter substance)

Kulturart	N	Wertebereich	R^2	RMSECV	WZB [cm ⁻¹]
Inhaltsstoffgehalt					
Möhre (Saft)					
Fructose	220	0,00 - 77,20 mg/ml	0,94	3,90 mg/ml	850 - 2000
Glucose	210	0,00 - 69,00 mg/ml	0,94	3,80 mg/ml	850 - 2000
Saccharose	220	0,70 - 26,00 mg/ml	0,62	3,00 mg/ml	850 - 2000
Gesamt-Zucker	220	7,40 - 161,70 mg/ml	0,91	9,50 mg/ml	850 - 2000
Gesamt-Carotin	220	5,21 - 41,20 µg/ml	0,69	2,14 µg/ml	850 - 2000
Kohl (Pulver)					
Glucobrassicin	86	0,78 - 5,25 µmol/g	0,68	0,50 µmol/g	690 - 3500
Iberin	86	0,64 - 5,76 µmol/g	0,88	0,40 µmol/g	690 - 3500
Sinigrin	81	1,53 - 7,34 µmol/g	0,80	0,64 µmol/g	690 - 3500
4-Methoxyglucobrassicin	86	0,42 - 1,21 µmol/g	0,73	0,12 µmol/g	690 - 3500
Gelbsef (Pulver)					
Benzyl-Glucosinolat	110	0,87 - 5,38 µmol/g	0,60	0,64 µmol/g	700 - 2000
Glucotropaeolin	110	0,20 - 25,83 µmol/g	0,53	3,80 µmol/g	700 - 2000
Glucosinalbin	109	15,32 - 81,00 µmol/g	0,70	6,86 µmol/g	700 - 2000
Gesamt-Glucosinolat	110	18,51 - 90,37 µmol/g	0,76	6,63 µmol/g	700 - 2000
Örettich (Pulver)					
Glucoerysolin	97	0,57 - 21,57 µmol/g	0,76	1,96 µmol/g	700 - 3500
Raphenin	105	1,25 - 39,99 µmol/g	0,72	4,50 µmol/g	700 - 3500
Gesamt-Glucosinolat	103	9,68 - 74,07 µmol/g	0,70	6,82 µmol/g	700 - 3500
Mohn (Pulver)					
Codein	42	0,00 - 1,30 mg/g	0,80	0,16 mg/g	700 - 3100
Morphin	44	0,08 - 6,11 mg/g	0,90	0,66 mg/g	700 - 3100
Noscapin	43	0,01 - 2,30 mg/g	0,89	0,26 mg/g	700 - 3100
Gesamt-Alkaloide	44	0,10 - 10,81 mg/g	0,93	0,94 mg/g	700 - 3100

Abstract:

In principle, rapid MIR spectroscopic measurements on liquid and powdered samples of various vegetable species and poppy are possible if the diamond ATR technique (attenuated total reflection) is applied. Studies performed at various powdered samples of cabbage (*Brassica oleracea*), yellow mustard (*Brassica juncea*), oil radish (*Raphanus sativus*) and poppy capsules (*Papaver somniferum* L.) as well as at carrot juice samples (*Daucus carota* L.) demonstrate that fast quantitative predictions of valuable components can be easily obtained. In order to predict the individual components, a chemometrical model is applied. The developed calibration equations show high coefficients of determination in the range of 0.70 - 0.94.

(BAZ-1231)

3.3 Etablierung einer breiten Anwendung der Festphasenmikroextraktion-Gaschromatographie (SPME-GC) im pharmazeutischen Bereich

Establishing a broad application of solid phase microextraction-gas chromatography (SPME-GC) in the pharmaceutical section

Distler, D.; Schulz, H.

Zielsetzung/Aim:

Die Isolierung ätherischer Öle aus pflanzlichen Drogen mittels Wasserdampfdestillation bzw. Extraktion stellt einen erheblichen Zeitfaktor dar. Auch Halbfertig- und Fertigprodukte aus dem Phytopharmaka- und Kosmetikbereich erfordern meist eine aufwendige Probenvorbereitung, bevor eine gaschromatographische Bestimmung der flüchtigen Wertkomponenten erfolgen kann.

SPME (solid phase microextraction) ist eine neue Technologie, die in Verbindung mit der Gaschromatographie eine schnelle und lösungsmittelfreie Analysendurchführung ermöglicht. Ziel des Forschungsvorhabens ist es daher, wichtige Grundlagen für einen breiten Einsatz der SPME-GC im pharmazeutischen Bereich zu erarbeiten. Insbesondere soll bei der Analysendurchführung der Einsatz eines Autosamplers getestet werden, um größere Probenaufkommen, wie sie in der pharmazeutischen Industrie unumgänglich sind, bewältigen zu können. Desweiteren soll eine Datenbank erstellt werden, die die Suche nach geeigneten SPME-Parametern für qualitative und quantitative Bestimmungen erleichtert.

The isolation of essential oils from herbal drugs by distillation or extraction is very time-consuming. Also starting materials and products of the phytopharmaceutical and cosmetic section require time-consuming treatments before GC determination of the volatile components can be performed.

SPME (solid phase microextraction) is a new technology, which makes rapid and solvent free analysis possible in conjunction with gas chromatography. Therefore the aim of this project was to develop important basics for a broad use of SPME-GC in the pharmaceutical section. The use of an autosampler should be tested in order to improve series analysis in the pharmaceutical industry. Also a data base should be created in order to get a quick information regarding optimal SPME-parameters for qualitative and quantitative determinations.

Ergebnisse:

Mit Headspace-SPME-GC wurde direkt an der Droge erfolgreich die Chemotyp-Charakterisierung von Thymian durchgeführt (Abb. 1). Auch konnte die quantitative Bestimmung eines Ätherisch-Öl-Inhaltsstoffs, in diesem Fall Thymol, in einer Phytopharmaka-Matrix realisiert werden.

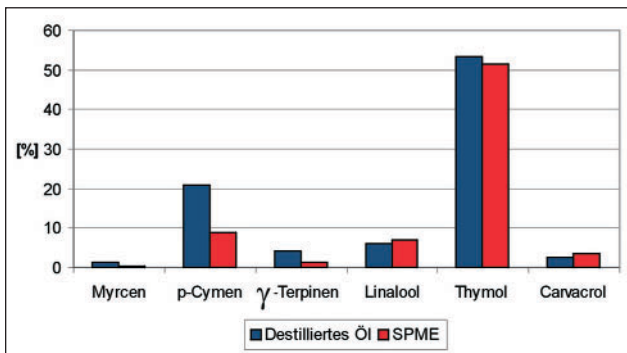


Abb. 1: SPME-Ergebnisse an einer Thymiandroge im Vergleich zur Zusammensetzung des destillierten ätherischen Öls

Fig. 1: SPME results obtained for thyme drug in comparison with the composition of the distilled essential oil

Zur Chemotyp-Charakterisierung von Kamillendrogen war es notwendig, die Drogen zu mahlen und mit Wasser und Natriumchlorid zu versetzen. Dadurch trat ein verbesserter Übergang der Ätherisch-Öl-Inhaltsstoffe in den Dampfraum zur Erfassung mittels Headspace-SPME ein. Es wurden Faktoren ermittelt, die die Umwandlung der SPME-Ergebnisse in die des destillierten Öls zuließen und somit eine Chemotyp-Charakterisierung mittels SPME-GC ermöglichten. Diese Faktoren sind für das bestehende SPME-GC-System allgemeingültig, unabhängig von Chemotyp, Anbauggebiet und Erntejahr. Auch für Kamille war die Quantifizierung eines Ätherisch-Öl-Inhaltsstoffs, hier (-)- α -Bisabolol, aus einem Phytopharmakum erfolgreich.

Ebenso war die Bestimmung des Ölprofils von Pfefferminzdroge mittels SPME-GC möglich und es konnte eine Empfehlung für die Bestimmung von Menthol und Menthon ausgesprochen werden.

Durch den Einsatz eines Autosamplers (Abb. 2) wurden Serienbestimmungen effizient durchgeführt und es bestand



Abb. 2: SPME-Probengeber mit Gaschromatograph

Fig. 2: SPME autosampler connected with gas chromatograph

gegenüber der manuellen SPME-Durchführung eine verbesserte Reproduzierbarkeit.

Neben der Möglichkeit, eine große Probenanzahl zu analysieren, besteht ein weiterer Vorteil der SPME-GC darin, dass für die Analyse nur sehr geringe Mengen im Milligrammbereich benötigt werden und eine Probenahme sogar an der lebenden Pflanze auf dem Feld durchgeführt werden kann (Abb. 3). Dieser Aspekt ist besonders für die Züchtungsforschung interessant, da dort von einzelnen Pflanzentypen lediglich geringe Mengen des Pflanzenmaterials zur Verfügung stehen, so dass der Probenanteil, der z. B. für eine Destillation benötigt wird, oftmals nicht erreicht wird. Bei der Feldbeprobung können Ontogenesebetrachtungen durchgeführt werden, so dass z. B. der optimale Erntezeitpunkt hinsichtlich der Inhaltsstoffe unkompliziert ermittelt werden kann. Auch sind auf diese Weise Stoffe bestimmbar, die bei konventionellen Analysemethoden verloren gehen (Artefaktbildung).



Abb. 3: Freilandprobenahme an Thymian zur Bestimmung des ätherischen Ölprofils

Fig. 3: SPME field sampling at thyme for determination of the essential oil profile

Die Ergebnisse zeigen, dass die SPME-GC-Technik für eine schnelle und lösungsmittelfreie Charakterisierung von Ätherisch-Öl-Drogen und zur quantitativen Bestimmung von Ätherisch-Öl-Inhaltsstoffen in Phytopharmaka gut geeignet ist. Somit stellt die SPME-GC-Technik eine leistungsfähige Alternative zu den konventionellen Methoden dar und bietet eine erhebliche Zeitersparnis auf Grund der reduzierten Probenaufarbeitung. Eine Anwendung der SPME-GC-Technik ist auf Grund der präsentierten Ergebnisse prinzipiell auch für andere Arznei- und Gewürzpflanzen möglich.

Die Ergebnisse des Projekts wurden für einen leichteren Zugang in Form einer Datenbank zusammengefasst, aus der schnell die für eine Bestimmung mittels SPME-GC benötigten Voraussetzungen und Parameter ermittelt werden können. Ab Anfang 2004 steht dieses Programm allen interessierten Nutzern auf der Homepage des IPA kostenlos zur Verfügung.

Abstract:

Generally, SPME-GC was found to be an efficient, fast and solvent free method for the determination of volatile components in drugs, phytopharmaceuticals and cosmetics. As demonstrated in this study also on-site determination can be carried out. Based on these results SPME-GC can be applied in breeding research as well as in pharmaceutical and cosmetic industries.

In Zusammenarbeit mit: Dr. E. Kroth, Forschungskreis der Arzneimittelhersteller (FAH) in Sinzig; Firmen des projektbegleitenden Ausschusses: Dr. G. Abel, Bionorica GmbH in Neumarkt; Dr. N. Brandt, Galenika Dr. Hetterich GmbH in Fürth; Dr. H. Burckardt, Pharma Wernigerode GmbH in Wernigerode; K. F. Klöckner, Gerstel GmbH & Co. KG in Vestenbergsgreuth; J. Overkamp, Majoranwerk Aschersleben in Aschersleben

Finanzierung: BMWi (AiF), Forschungsvorhaben Nr.: 13059 BR

(BAZ-1236)

3.4 Entwicklung einer schnellen HPLC-ESI-Analyse-methode zur Quantifizierung von Cysteinsulfoxiden in *Allium*-Proben

Development of a rapid HPLC-ESI analysis method for the quantification of cysteine sulphoxides in *Allium* samples

Schütze, W.; Storsberg, J.; Schulz, H.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel dieser Arbeit besteht in der Entwicklung einer schnellen Methode zur quantitativen Bestimmung von Cysteinsulfoxiden in Proben der Gattung *Allium*. Im Gegensatz zu bisher verwandten Methoden soll hierbei auf eine

aufwendige und teure Derivatisierung des Analyten durch Einsatz eines Massenspektrometers als Detektor verzichtet werden.

The aim of this work is the development of a rapid method for the quantification of cysteine sulphoxides occurring in samples from the genus *Allium*. In contrast to hitherto used methods, a time and cost extensive pre-column derivatization of the analytes can be avoided using a mass spectrometer as the detector unit.

Ergebnisse:

Die bisherige HPLC-Analytik der Cysteinsulfoxide in Pflanzen der Gattung *Allium* stützt sich auf eine vorherige Derivatisierung des Analyten mit o-Phthaldialdehyd (OPA), um eine DAD-Detektion zu ermöglichen, da die Cysteinsulfoxide nur bedingt im UV-Bereich absorbieren. Dieses Verfahren birgt zum einen den Nachteil, dass generell bei einer Vorsäulen-Derivatisierung eine weitere mögliche Fehlerquelle in die Analyse eingebracht wird, zum anderen ist ein größerer zeitlicher und finanzieller Aufwand nötig.

Um diese Nachteile zu umgehen, sollte ein Verfahren ohne vorherige Derivatisierung entwickelt werden. Als Detektor für die HPLC-Trennung soll ausser dem DAD auch ein ESI-Massenspektrometer zur Quantifizierung herangezogen werden. Zunächst wurden mit Standard-Substanzen die Trennbedingungen für die HPLC ermittelt (Abb. 1).

Die auftretenden doppelten Signale resultieren wahrscheinlich aus den entsprechenden Diastereomeren-Paaren der synthetisch hergestellten Cysteinsulfoxide Propiin und Butiin.

Es wurde überprüft, ob die Detektion über das Massenspektrometer den gleichen Verlauf wie bei der DAD-Detektion zeigt (Abb. 2).

Eine Optimierung der massenspektrometrischen Parameter liefern die Massenspektren, die der Detektion zugrunde liegen sollen (Abb. 3).

Es zeigt sich, dass die Kalibrationsgeraden über einen weiten Konzentrationsbereich einen sehr hohen Korrelationskoeffizienten aufweisen (Abb. 4).

Zur Zeit wird geprüft, ob sich diese Kalibration auch auf der Basis einer massenspektrometrischen Detektion durchführen läßt. Des weiteren wird an einem Verfahren gearbeitet, die Probenvorbereitung über Festphasenextraktion effektiver gestalten zu können, um bereits im Vorfeld der Analyse störende Substanzen, wie zum Beispiel Zucker, aus der Analysenlösung zu entfernen.

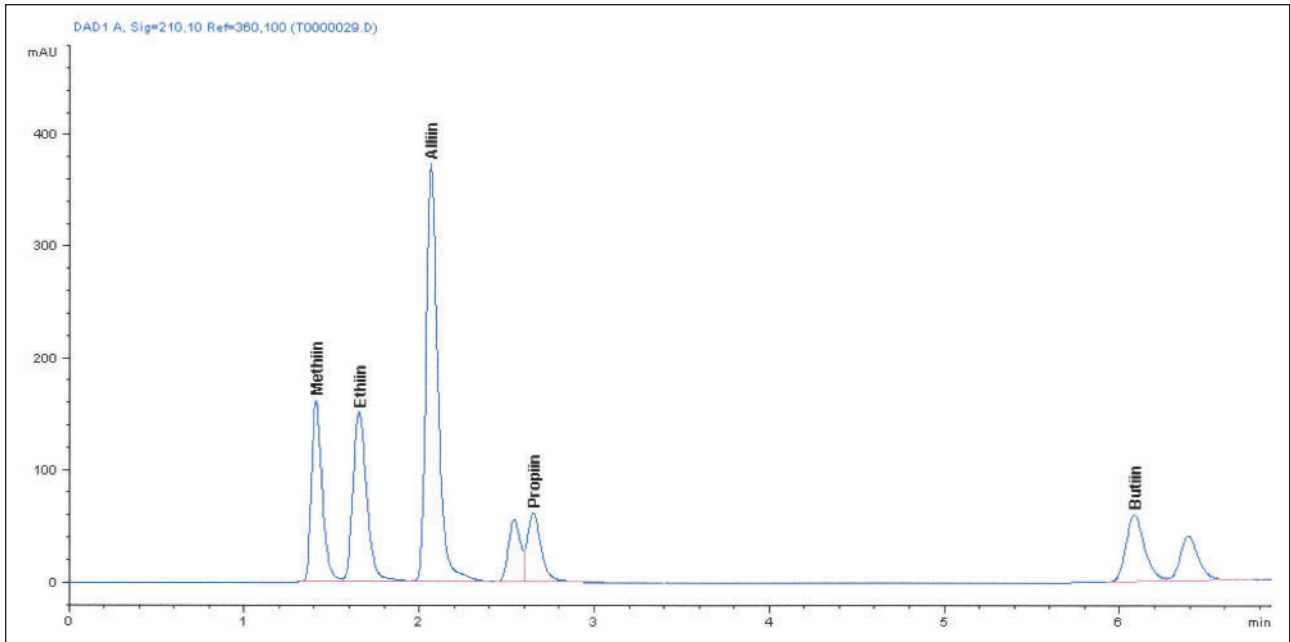


Abb. 1: HPLC-Trennung verschiedener natürlicher und synthetischer Cysteinsulfoxide (DAD-Detektor)
 Fig. 1: HPLC separation of different natural and synthetic cysteine sulfoxides (DAD detector)

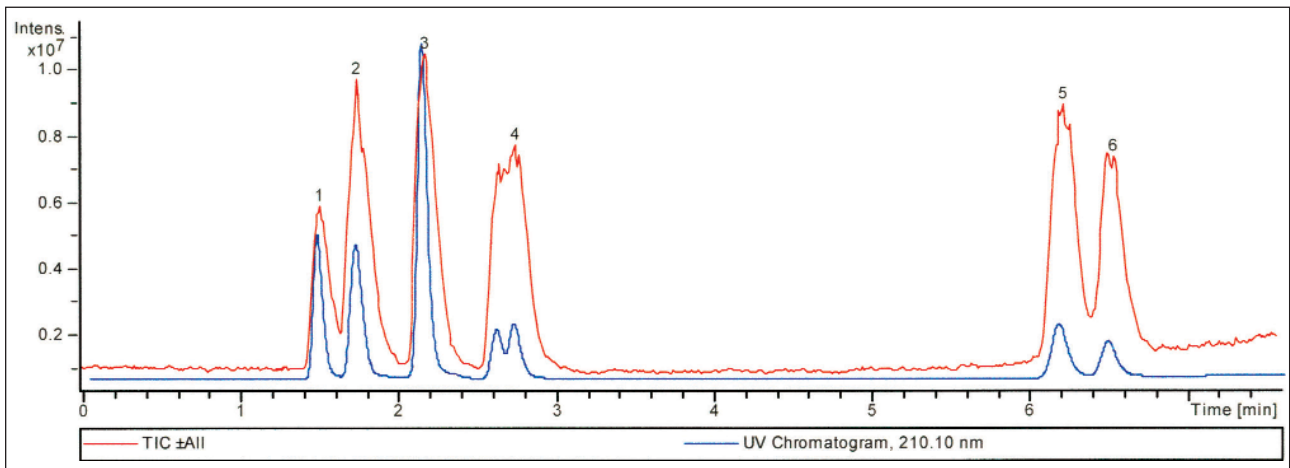


Abb. 2: Korrelation zwischen Ionenchromatogramm und DAD-Detektion (HPLC-Trennung)
 Fig. 2: Correlation between total ion chromatogram and DAD detection (HPLC separation)

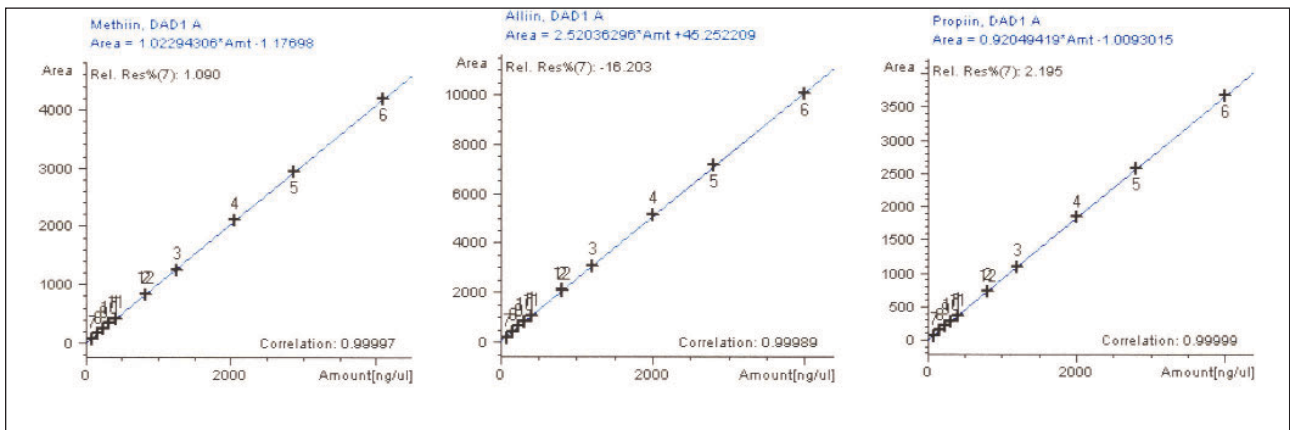


Abb. 4: Kalibrierungen für drei Cysteinsulfoxide auf Basis der DAD-Chromatogramme
 Fig. 4: Calibrations for three cysteine sulfoxides based on the DAD-chromatograms

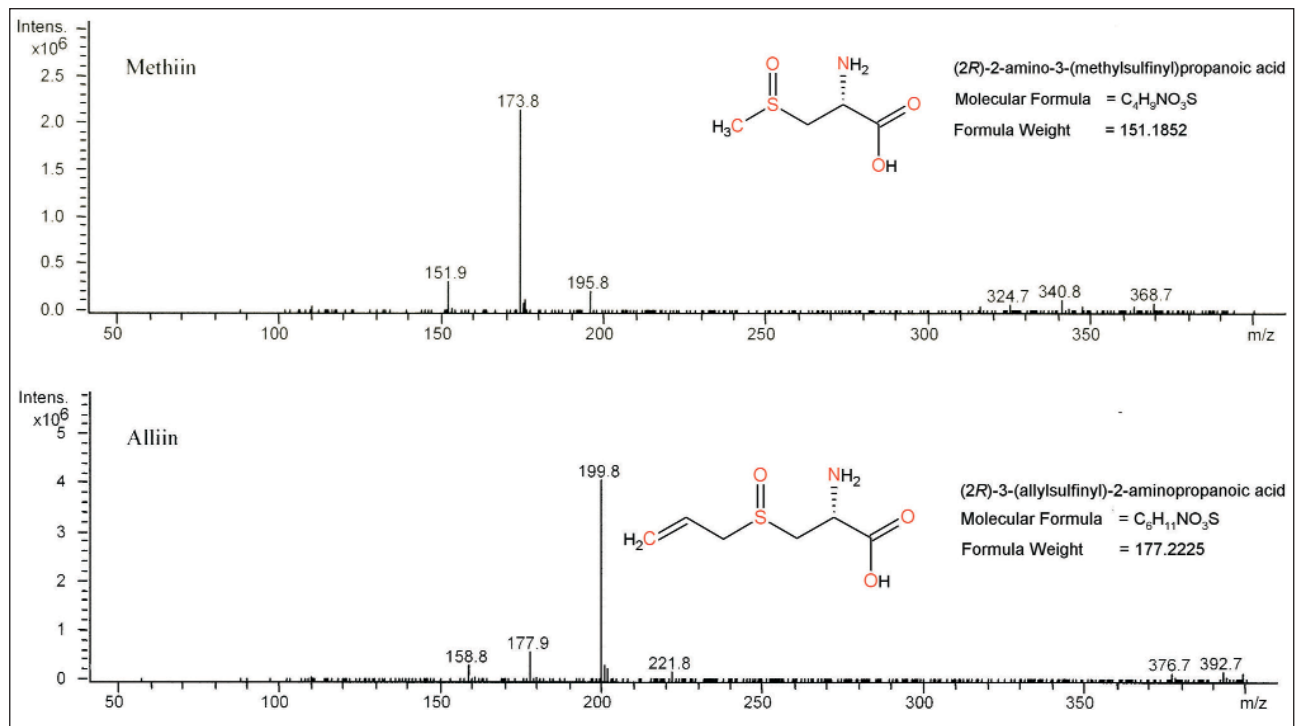


Abb. 3: ESI-Massenspektren von Cysteinsulfoxiden am Beispiel Methiin und Alliin
 Fig. 3: ESI mass spectra of cysteine sulfoxides with methiin and alliin as examples

Abstract:

A new method for the HPLC-analysis of cysteine sulfoxides in *Allium* species was developed on the basis of a mass spectrometric detection. Contrary to existing HPLC methods, no time-consuming clean-up steps (e.g. pre-column derivatization of the analytes with OPA reagent) are necessary. First investigations to establish calibration equations have been performed. This work will be continued using a mass spectrometer as the detecting unit; an efficient method for sample preparation applying solid phase extraction will be developed in the near future.

Finanzierung: BMBF, Förderkennzeichen 03I3916A (InnoRegio-Programm, Rephyna e. V.)

(BAZ-1243)

3.5 Charakterisierung sekundärer Pflanzeninhaltsstoffe in Medizinal-, Gewürz- und Färberpflanzen einschließlich der daraus hergestellten Produkte mit Hilfe schwingungsspektroskopischer Methoden

Characterisation of secondary metabolites occurring in medicinal, spice and dying plants including the resulting plant products by means of vibrational spectroscopy methods

Baranska, M.; Schulz, H.

Zielsetzung/Aim:

Die Zielsetzung dieses Projektes ist es, bisher nicht verfügbare spektrale Informationen ausgewählter Sekundärstoffe aus Medizinal-, Gewürz- und Färberpflanzen zu erhalten.

In diesem Zusammenhang sollen Gehalt und Verteilung dieser Inhaltsstoffe mit Hilfe unterschiedlicher schwingungsspektroskopischer Methoden untersucht werden; die Resultate sollen dabei u. a. auch zur Beantwortung chemotaxonomischer Fragestellungen herangezogen werden. Außerdem ist vorgesehen, mittels Mikro-Raman-Untersuchungen eine zerstörungsfreie Lokalisation unterschiedlicher Pflanzeninhaltsstoffe auf zellulärer Ebene durchzuführen.

The aim of the project is to obtain new spectral information of medicinal & spice plants as well as dying plants which up to now are not available. In this context the content and distribution of various substances occurring in selected plant species will be determined applying different vibrational spectroscopy methods; the results will be also considered for chemotaxonomic identifications. Furthermore, it is aimed to perform non-destructive micro-Raman studies to obtain more detailed information regarding the distribution of different plant components on the cellular level.

Ergebnisse:

Die spezifischen inhaltsstofflichen Unterschiede bei Chemotypen ausgewählter Ätherisch-Ölpflanzen wurden mit Hilfe chemometrischer Auswertelgorithmen (z. B. Cluster-Analyse) auf Basis der jeweils erhaltenen IR- und Ramanpektren demonstriert. Wie anhand von Abb. 1 zu erkennen ist, können auf diese Weise beispielsweise die ätherischen Öle der einzelnen Kamille-Chemotypen sowie die durch unterschiedliche Prozess-Bedingungen erzeugten Kamillenöl-Qualitäten eindeutig klassifiziert werden.

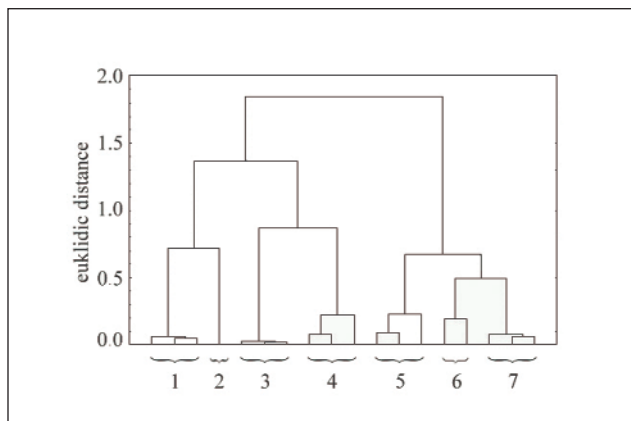


Abb. 1: Cluster-Analyse (Ward-Algorithmus) basierend auf ATR-IR-Spektren unterschiedlich zusammengesetzter ätherischer Kamillenöle

Fig. 1: Cluster analysis (Ward's algorithm) based on the ATR-IR spectra of chamomile essential oils showing a different composition

Im Gegensatz zur NIR-Spektroskopie liefern die IR- und Raman-spektroskopischen Messungen an pflanzlichem Gewebe oftmals charakteristische Schlüsselbanden, die auch ohne Anwendung aufwendig zu erstellender Kalibrationsfunktionen direkt für qualitative bzw. halbquantitative Interpretationen herangezogen werden können. Der besondere Vorteil der Raman-Spektroskopie besteht in diesem Zusammenhang vor allem darin, dass die zerstörungsfreien Messungen auch an Frischpflanzen durchgeführt werden können. Bei entsprechenden IR-Untersuchungen ist dies nur in Ausnahmefällen möglich, da die intensiven Wasserbanden die Signale anderer Pflanzeninhaltsstoffe erheblich überlagern.

Mit Hilfe der Raman-Spektroskopie gelang es, in Kamilleblüten charakteristische Signale bei 2200 cm^{-1} zu registrieren, die von Kohlenstoff-Dreifachbindungen der in der Blüte vorkommenden Polyacetylene (Spiroether) verursacht werden. Außerdem wurden intensive Raman-Banden bei 1004 , 1156 und 1525 cm^{-1} beobachtet, die den im Pflanzengewebe enthaltenen Carotinoiden zuzurechnen sind. Werden auf Basis der für Polyacetylene und Carotinoide angeführten Schlüsselbanden sogenannte „Raman-Mappings“ über den gesamten Bereich einer Kamilleblüte durchgeführt, so lässt sich die Verteilung der angeführten Pflanzeninhaltsstoffe anhand der resultierenden Falschfarben-Aufnahmen sehr anschaulich darstellen (Abb. 2).

Abstract:

Since most of the methods presently applied for quality control purposes and selection of high-quality plants are very time-consuming, some attempts have been made to find alternative analytical options. In this context some new vibrational spectroscopic methods in combination with sophisticated chemometric algorithms were successfully introduced (NIRS, ATR-IR and Raman) for an efficient and mostly non-destructive determination of second-

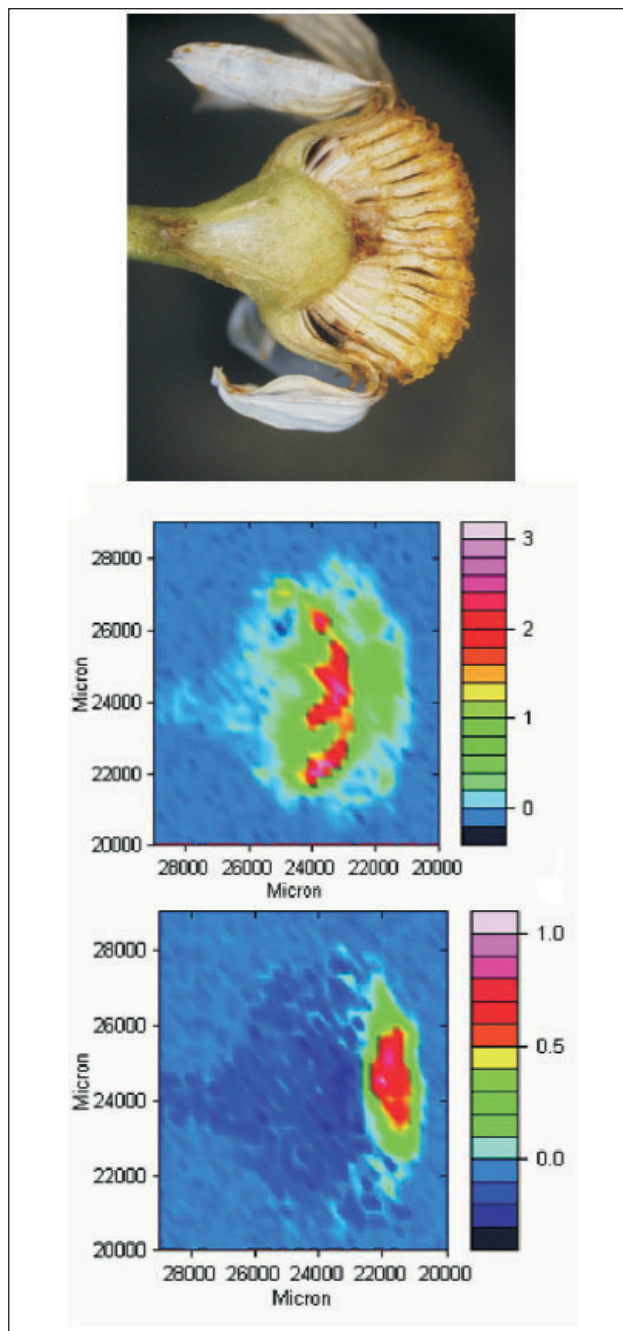


Abb. 2: Mikrostruktur einer Kamillenblüte dargestellt anhand von Mikro-Raman-Spektroskopie-Messungen. 1: Weißlicht-Mikroskop-Aufnahme, 2: Raman-Mapping, basierend auf dem Wellenzahlenbereich zwischen 2148 und 2234 cm^{-1} , 3: Raman-Mapping, basierend auf dem Wellenzahlenbereich zwischen 1490 und 1557 cm^{-1}

Fig. 2: Microstructure of a chamomile flower as viewed by micro Raman spectroscopy measurements. 1: Microscope picture, 2: Raman-mapping based on the wavenumber range from 2148 to 2234 cm^{-1} , 3: Raman-mapping based on the wavenumber range from 1490 to 1557 cm^{-1}

ary metabolites occurring in different parts of various medicinal and aromatic plants. Whereas NIRS data can be interpreted only by application of statistical methods, IR and Raman spectra in most cases present characteristic key bands of the individual volatile fraction and therefore in principle allow the discrimination of different essential oil profiles of the individual oil plants among the same species (chemotypes) without applying any chemometric algorithms.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Physikalische Chemie, Friedrich-Schiller-Universität Jena, Prof. Dr. Popp, J.; Dr. Strehle, M.A.; Dr. Rösch, P.

Finanzierung: Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG), Forschungsvorhaben Schu 577/7-1 im Verbund mit Po 563/4-1.

(BAZ-1250)

Arbeitsgruppe EDV

Data Processing

Quedlinburg

Das Jahr 2003 war für die Arbeitsgruppe EDV durch 2 Schwerpunkte geprägt: Für den geplanten Institutsneubau auf dem Quedlinburger Moorberg wurde mit der Planung der IT-Strukturen begonnen, und das Thema „Datenmanagement“ rückt zunehmend in den Mittelpunkt der wissenschaftlichen Arbeit. Der Institutsneubau in Quedlinburg eröffnet der BAZ die Chance, die seit 1992 dynamisch gewachsenen Strukturen der zentralen Datenverarbeitungstechnik zu konsolidieren.

Durch die Möglichkeit, für die Aufgabe einen Studenten der Fachrichtung Verwaltungsinformatik der Hochschule Harz im Rahmen eines Praxissemesters einsetzen zu können, konnte die Aufgabenstellung intensiv bearbeitet werden. Von März bis August wurde eine umfangreiche Analyse der verwendeten Speichertechnik, der Nutzergewohnheiten bei der Datensicherung, der anfallenden Datenmengen, des Druckaufkommens, der verwendeten Software und vieles mehr durchgeführt. Auf dieser Basis wurde der Bedarf für 2005 geschätzt und als Grundlage für eine Reihe von Planungsgesprächen mit Fachfirmen genutzt. Im Ergebnis des Praktikums fielen strategische Entscheidungen zum künftigen Einsatz von Hard- und Software in der künftigen DV-Zentrale, dem Einsatz einer SAN-Struktur zur flexiblen Speicherverwaltung und dem effektiven Einsatz von Netzwerkdruckern. Während die BAZ-Arbeitsgruppe „Datenmanagement“ weiter daran arbeitete, über einen entsprechenden Projektantrag Verstärkermittel für die Beschäftigung eines Informatikers zu aquirieren, der die Grundlagen für ein zentrales Datenmanagementsystem der BAZ legen soll, nahm der Bedarfsdruck seitens der Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus den BAZ-Instituten stetig zu. Besonders im Bereich der molekularbiologisch orientierten Forschungen ist es zwingend erforderlich, Methoden der Datenbanktechnologie verbunden mit der Nutzung von Ressourcen und Methoden der Bioinformatik einzusetzen. In einem vorbereitenden 5-monatigen Praktikum beschäftigte sich eine angehende Bioinformatik-Studentin mit der Thematik und legte erste Grundlagen für eine Datenbank zum Roggen-Genom.

Von den Mitarbeitern der AG EDV wurden neben verschiedenartigen Beteiligungen an BAZ-Forschungsarbeiten laufende Projekte der datenbankgestützten Softwareentwicklung fortgesetzt. Dazu gehört die Weiterentwicklung der im Rahmen des EVA-Projektes erstellten Lösungen zur Dokumentation von Evaluierungsdaten zu pflanzengenetischen Ressourcen - EVASys. Für dieses strategisch sehr wichtige Projekt wurde mit dem Einsatz eines SQL-Servers anstelle von lokalen Datenbanken der erste Schritt zur Einpassung in das zukünftige zentrale Datenmanagementkonzept der BAZ vollzogen.

Zu nennen sind ebenfalls die Arbeiten an der Softwarelösung RebSys, der datenbankgestützten Workflow-Lösung zur Dokumentation des Zuchtprozesses an Reben in Siebeldingen. Auch diese Lösung ist ein Baustein des Datenmanagementkonzeptes. Zum Projekt der Installation der Genbank Reben in der BAZ wurden erste Gespräche mit den Bearbeitern im Institut für Rebenzüchtung in Siebeldingen geführt und Konzepte erörtert. Vor Aufnahme eines entsprechenden Projektes ist jedoch eine Abstimmung mit der ZADI vorgesehen.

Das dritte umfangreiche Projekt der AG EDV ist der „Datenspeicher Pflanze“ (DSP) in Quedlinburg. Diese aus der Brassica-Datenbank hervorgegangene Datenbanklösung dient in mehreren Instituten der BAZ bei der Arbeit mit Pflanzenmaterial verschiedener Familien und Gattungen als zentraler Datenspeicher. Das Besondere an dieser Anwendung ist die Möglichkeit, eine Vielzahl völlig unter-

schiedlicher Daten mit Bezug auf jeweils eine Einzelpflanze zu speichern und später übergreifend auswerten zu können. In einem Vortrag im Institut für Pflanzenanalytik stellte Herr Kecke die Möglichkeiten des Projektes zur effektiveren Dokumentation von Laborarbeiten vor.

Work of the Data Processing group in 2003 was mainly influenced by two priorities: Planning started to design the IT structures for the new institute building to be constructed on the Moorberg site of Quedlinburg, and „data management“ became a key challenge in scientific work. The new institute building gives BAZ the opportunity to consolidate the structures of a central data processing technology, which have dynamically grown since 1992. It was possible to put intensive work into this project, since the team of the DP group was assisted by a student studying computer science for public administration at the Harz University of Applied Sciences during his practical term. From March to August, an extensive analysis was done concerning the storage technology used, user habits of data backup, the data volumes processed, the print volumes, the software used and so on. This survey provided the basis for estimating the demand in 2005 and for consultations with IT companies. As a result of the practical term, it was possible to come to strategic decisions concerning the future application of hard and software in the new DP centre, the use of an SAN structure for flexible memory management and the efficient application of network printers.

While the BAZ work group of „Data Management“ continued its efforts to acquire additional project funds for employing a computer scientist who should lay down the fundamental structures of a central data management system of BAZ, the demand of BAZ scientists to establish such a central system has increased.

Especially molecular-biological research has an urgent need to expand the use of database technologies in combination with resources and methods of bioinformatics. During a five-month practical period, a future student of bioinformatics was dealing with the problem and developed first fundamentals for a database of the rye genome. Besides complementing the work in various BAZ research projects, the staff of the DP group continued their current projects of developing database-assisted software. This includes the further development of EVASys, a solution put at the disposal of the EVA project aimed at the documentation of evaluation data of plant genetic resources. For this strategically very important project, an SQL server was applied instead of local databanks and, thus, the first step of integration into the future central data management concept of BAZ was done.

Attention was also focused on the work on the RebSys software, a databased workflow solution which shall help the Institute of Grapevine Breeding to document the process of grapevine breeding. This solution is another integral part of the data management concept. Furthermore it is planned to establish the *Vitis* genebank at BAZ. First consultations with the curators at the Institute of Grapevine Breeding at Siebeldingen took place and concepts were discussed. Before actually starting the project, a consultation with ZADI, which is now running the database, is planned.

The third major project in DP work is the „Data Storage System Plant“ (DSP) in Quedlinburg. This database solution is a follow-up of the Brassica database. It serves as a central data memory and is used in several institutes to work with plant material of various families and genera. The major advantage of this application is its capacity to store a great amount of totally different data on a single plant, which can later be used for a general analysis.

During a lecture at the Institute of Plant Analysis, Mr. Kecke demonstrated the potentials the project offers for a more efficient documentation of analysis work.

1. Analyse und Strukturierung der in der Züchtungsforschung der BAZ anfallenden pflanzenbezogenen Daten und Entwurf eines datenbankbasierten „Datenspeichersystems Pflanze“ (DSP)
Analysis and structuring of data compiled from BAZ breeding research and development of a database aided „data storage system plant“ (DSP)
 Kecke, S.; Marthe, F.; Schütze, W.; Schumann, G.; Ryschka, U.; Krämer, R.; Klocke, E.; Scholze, P.

Zielsetzung/Aim:

Aufbauend auf bestehenden Datenbanklösungen soll mit dem Ziel der Steigerung der Effizienz und Qualität der Forschungsarbeiten eine Analyse der pflanzenbezogenen Daten durchgeführt werden. Diese werden strukturiert und in ein zu entwickelndes Datenmodell überführt. Auf der Grundlage dieses (offenen) Modells wird mit der Implementierung zentraler Komponenten, wie der Erregerdatenbank, sowie mit der schrittweisen Integration vorhandener Lösungen begonnen. Das Modell des „Datenspeicher Pflanze“ wird plattformunabhängig entwickelt, um weitestgehend offen für künftige Entwicklungen zu sein. Die Implementierung der verteilten und standortübergreifenden Lösung erfolgt auf der Basis des Datenbanksystems MySQL.

The aim is to analyse plant data in order to promote the research efficiency and quality based on existing data base

solutions. The results are the foundation for the development of a data model. Based on this model, several central components, e.g. a exciter data base, are to be implemented. Further existing software solutions are to be integrated. The model of the „data storage system plant“ shall work system-independent to be open for later trends. The implementation of the distributed and location-spanning solution bases on the database management system MySQL.

Ergebnisse:

Ausgehend von der im BAZ-Projekt 9001 entwickelten Datenbankanwendung „Kohl“ wurde das Datenmodell verallgemeinert und erweitert. Es bietet nunmehr die Möglichkeit, die Daten von Pflanzen beliebiger Familien und Gattungen zu erfassen.

In die neu implementierte Datenbank „DSP“ (DatenSpeicher Pflanze) wurden alle Daten der ehemaligen Datenbank „Kohl“ übernommen. Damit ist ein reibungsloser Übergang realisiert worden, der es den Nutzern ermöglichte, ohne Unterbrechung mit der gewohnten Software weiterzuarbeiten. Die Datenbank „DSP“ wird auf einem MySQL-Datenbankserver (Version 4.0x) mit der Datenbankengine InnoDB betrieben. Durch diese transaktionssichere Datenbankengine wird ein hoher Sicherheitsstandard für die stark frequentierte Datenbank gesichert. Zum Ende des Jahres 2003 beinhaltete die Datenbank ca. 80 000 Datensätze zu etwa 20 000 Einzelpflanzen.

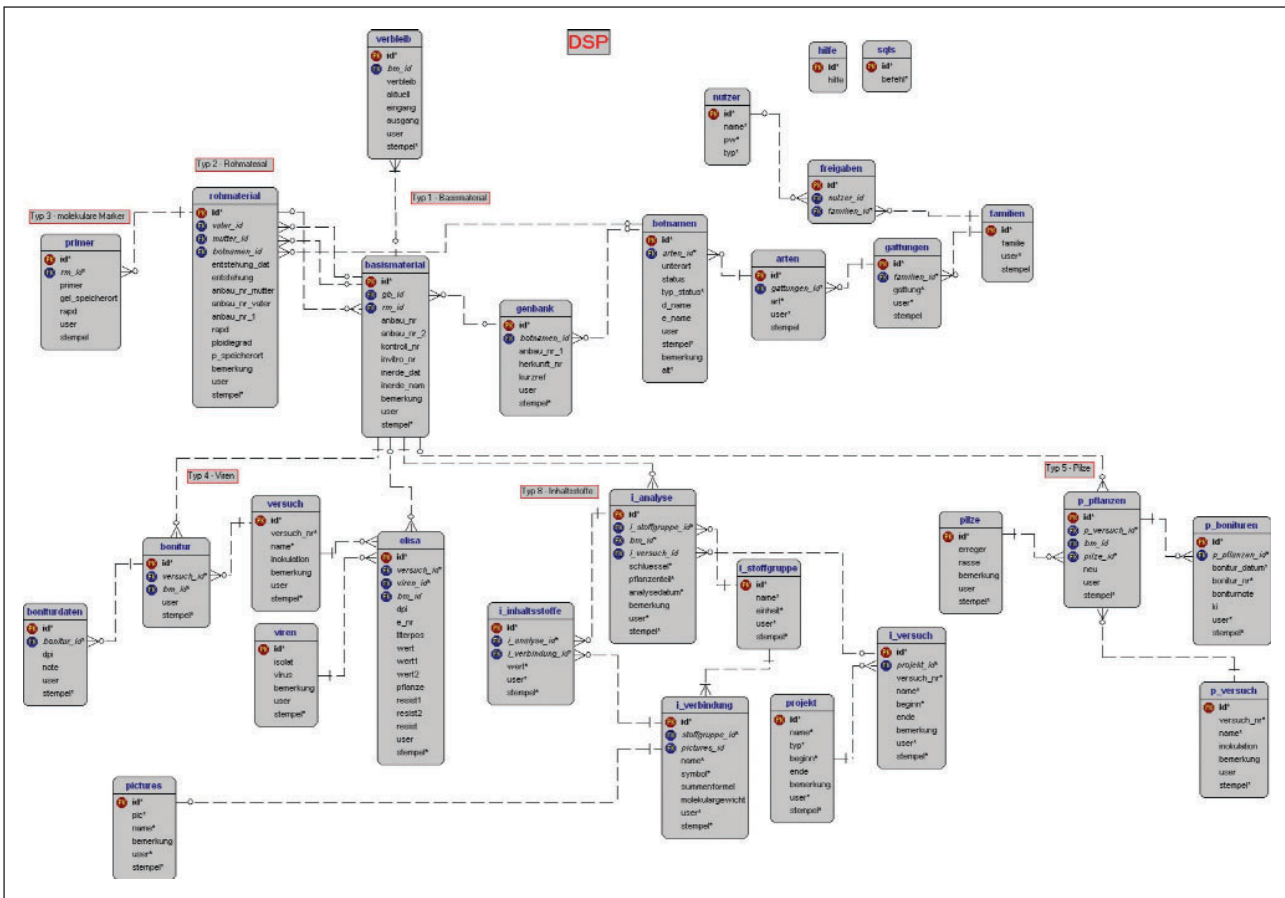


Abb. 1: Datenmodell DSP

Fig. 1: Datamodel

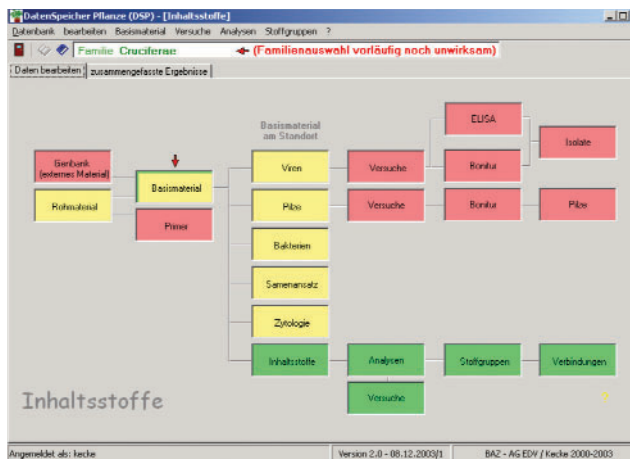


Abb. 2: Programm DSP
Fig. 2: Application DSP

Neben der Weiterentwicklung der bereits aus der Anwendung „Kohl“ bekannten Module wurde 2003 vor allem das Modul „Inhaltsstoffe“ vorangetrieben. Abbildung 2 zeigt den Startbildschirm für einen Programmnutzer vom Typ „Inhaltsstoffe“. Mit diesem Modul ist es nun möglich, dass zu den Pflanzen neben den Ergebnissen verschiedener Resistenzversuche (Module „Viren“ und „Pilze“) auch Ergebnisse inhaltsstofflicher Analysen gespeichert werden können. Abbildung 3 zeigt typische Bearbeitungsfenster des Moduls „Inhaltsstoffe“.

Mit Blick auf das geplante Datenmanagement -Konzept der BAZ wird die Anwendung „DSP“ unter Berücksichtigung vereinbarter Standards weiterentwickelt. Dazu gehören ein konsequent objektorientierter Ansatz, ein offener modularer Aufbau sowie eine UML-basierte Dokumentation. Dadurch können Programmteile mit wenig Aufwand später in anderen Applikationen verwendet werden.

The screenshot displays the 'DatenSpeicher Pflanze (DSP) - Auswertung Versuch Inhaltsstoffanalysen' window. It contains a table with columns for 'Analyse', 'Pflanze', and various chemical symbols (4-OCH3, 4-OH, BUT, GBC, GNA, IBERV, NAS, NEO, SIN, Summe). Below the table, there are three overlapping windows:

- DatenSpeicher Pflanze (DSP) - Analyse Inhaltsstoffe:** Shows details for analysis 'GS2101(04)03', including the plant 'QIPHP2003/BRJ-F-03-Q-09/3.1' and the substance 'Glucosinolate'.
- DatenSpeicher Pflanze (DSP) - Inhaltsstoffe:** A detailed table of compounds with columns for Symbol, Name, Summenformel, Molekulargewicht, and Messwert. The total content is 43.71.

Analyse	Pflanze	4-OCH3	4-OH	BUT	GBC	GNA	IBERV	NAS	NEO	SIN	Summe
GS2101(04)01	QIPHP2003/BRJ-F-03-Q	0,09	0,05	0,64	0,27	0,32	0	1,14	0,37	51,94	54,82
GS2101(04)02	QIPHP2003/BRJ-F-03-Q	0,06	0,05	0	0,49	0,16	0	1,76	0,25	36,69	39,46
GS2101(04)03	QIPHP2003/BRJ-F-03-Q	0	0,06	0	0,41	0,18	0	1,49	0,12	41,45	43,71
GS2101(04)04	QIPHP2003/BRJ-F-03-Q	0,05	0,04								
GS2101(04)05	QIPHP2003/BRJ-F-03-Q	0,03	0,02								
GS2101(04)06	QIPHP2003/BRJ-F-03-Q	0,07	0,02								

Symbol	Name	Summenformel	Molekulargewicht	Messwert
4-OCH3	4-Methoxyglucobrassicin	C17H21N2O10S2	477	0
4-OH	4-Hydroxyglucobrassicin	C16H19N2O10S2	463	0,06
BUT	Butylglucosinolat	C11H20N09S2	374	0
GBC	Glucobrassicin	C16H19N2O9S2	447	0,41
GNA	Gluconapin	C11H18N09S2	372	0,18
IBERV	Glucoibervirin	C11H20N09S3	406	0
NAS	Gluconasturtin	C15H20N09S2	422	1,49
NEO	Neoglucobrassicin	C17H21N2O10S2	477	0,12
SIN	Sinigrin	C10H16N09S2	358	41,45

Abb. 3: Modul Inhaltsstoffe
Fig. 3: module compounds

Für 2004 ist neben der Weiterentwicklung der bestehenden Module ein neues Modul „Genetik“ geplant, in welchem Informationen der klassischen Genetik zu den Pflanzen aufgenommen werden.

Abstract:

Last year the new data model was created. All data from the former „Brassica-Database“ were adopted. With the module „compounds“ a new module was implemented and tested. In 2004 a further module „genetics“ is planned.

(BAZ-9004)

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof

Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof

Sieboldingen

Die Anfänge der Rebenzüchtung auf dem Geilweilerhof in Sieboldingen gehen auf Landwirtschaftsrat Peter Morio zurück, der hier 1926 bis 1952 ein umfangreiches Kreuzungsprogramm durchführte. Einige der heute im Weinbau etablierten Sorten wie z. B. 'Bacchus' oder 'Morio Muskat' sind das Ergebnis seiner Zuchtarbeit. 1946 kam Prof. Husfeld, der Leiter des nach dem Krieg aufgegebenen Kaiser-Wilhelm-Instituts für Rebenzüchtungsforschung in Müncheberg, zum Geilweilerhof und gründete das „Forschungsinstitut für Rebenzüchtung“. Nach Zwischenphasen mit wechselnder Finanzierung des Institutes erfolgte 1966 die Übernahme als „Bundesforschungsanstalt (BFA) für Rebenzüchtung“ in den Geschäftsbereich des Bundesministers für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten. Während seiner langjährigen Tätigkeit am Geilweilerhof hat Prof. Husfeld die in Müncheberg eingeleitete Resistenzzüchtung gegen Reblaus und Mehltaukrankheiten mit großem Elan fortgesetzt. Aus seinen Zuchtarbeiten gingen die in der Geschichte der Resistenzzüchtung bedeutungsvollen Sorten 'Siegfriedrebe', 'Aris' und 'Pollux' hervor.

Mit der Übernahme der Leitung der BFA für Rebenzüchtung durch Prof. Alleweldt im Jahre 1970 wurde das Zuchtziel noch stärker auf die Resistenz gegenüber Pilzkrankheiten fokussiert und die Züchtung auf Reblausresistenz an der Wurzel zurückgestellt. Im Jahre 1991 wurde die BFA für Rebenzüchtung Geilweilerhof mit der BFA für gartenbauliche Pflanzenzüchtung in Ahrensburg zusammengefasst. Diese neu gegründete Bundesanstalt hatte jedoch nur kurze Zeit Bestand. Die Wiedervereinigung Deutschlands führte zur Errichtung der „Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen“ mit Zentrale in Quedlinburg; dieser Anstalt gehört das Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof seit 1993 an. Auch nach dieser Neugliederung werden im Rahmen der Aufgaben des Institutes folgende Schwerpunkte bearbeitet:

- Entwicklung von krankheitsresistenten Keltertraubensorten unter Beachtung der Sortenvielfalt des deutschen Weinbaus mit dem Ziel einer nachhaltigen und umweltverträglichen Weinbergsbewirtschaftung: pilzwiderstandsfähige Rebsorten tragen durch verminderten Pflanzenschutz Aufwand erheblich zum Aufbau von Nützlingspopulationen bei und damit zu einer Verbesserung des ökologischen Systems der Weinberge;
- Erarbeitung von Selektionsmethoden zur Steigerung der Züchtungseffizienz bei der Erfassung wertbestimmender Eigenschaften;
- Resistenzforschung gegenüber biotischen und abiotischen Stressfaktoren (z. B. Schaderreger bzw. Klimastress);
- Sicherung und Verbesserung der Qualität von Most und Wein durch Erfassung und Bewertung von Aroma- und Geschmacksstoffen;
- Erarbeitung der genetischen Grundlagen züchterisch wertvoller Eigenschaften;
- Sicherheitsforschung im Kontext der Verbesserung traditioneller Rebsorten;
- Sammlung, Erhaltung und Evaluierung der genetischen Ressourcen der Rebe;
- Dokumentation der Weinbauforschung: Erfassung und Auswertung der wissenschaftlichen Literatur der Weinbauforschung im Rahmen der Agrardokumentation und -information;
- Pflege der Datenbanken: die Reben-Genbank VITIS - International Variety Catalogue und die Europäische VITIS-Datenbank sowie die Literatur-Datenbank VITIS-VEA;
- Seit 1957 Herausgabe der Fachzeitschrift „VITIS - Journal of Grapevine Research“ unter Beteiligung nationaler und internationaler Wissenschaftler.

Züchtung

In der Amtszeit von Prof. Alleweldt bis 1995 ist es gelungen, neue, weitgehend resistente Qualitätsorten wie z. B. 'Phoenix' oder 'Regent' zu entwickeln. Erstmals in der Nachkriegsgeschichte der Resistenzzüchtung wurden in den Jahren 1994 ('Phoenix') und 1996 ('Regent') pilzresistente Neuzüchtungen für den allgemeinen Anbau in einigen Weinbaugebieten zugelassen. Nach der Klassifizierung dieser Sorten weitete sich in allen Weinbaugebieten die Akzeptanz resistenter Neuzüchtungen aus. Die Sorte 'Regent' besitzt als erste pilzresistente Neuzüchtung den „Gemeinschaftlichen Sortenschutz“ in der EU. Im Jahre 2003 wurden ca. 400 ha mit 'Regent' neu bepflanzt; dies entspricht etwa 10 % der gesamten Neupflanzungsfläche in den deutschen Weinbaugebieten. Damit hat sich die Anbaufläche in den letzten beiden Jahren mehr als verdoppelt und beträgt nunmehr ca. 1.300 ha. Umfrageergebnisse bei ökologisch wirtschaftenden Betrieben im Jahre 2003 ergaben, dass 'Regent' hier bereits Platz 2 der Rotweinfläche einnimmt.

Für drei neue Zuchtsorten aus der Resistenzzüchtung steht das Verfahren der Sortenschutzerteilung kurz vor dem Abschluss. Unter ihnen kommt der nach den bisherigen Ergebnissen sehr qualitätsbetonten Rotweinneuzüchtung 'Gf. 86-2-60', die aus einer Kreuzung zwischen 'Regent' und 'Lemberger' hervorgegangen ist, eine besondere Bedeutung zu (Abb. 1 und 2).



Abb. 1: Die Resistenz der sehr erfolgreichen Sorte 'Regent' gegenüber dem Pilz *Botrytis* beruht u. a. auf ihren lockerbeerigen Trauben



Abb. 2: Die qualitätsbetonte, pilzresistente Neuzüchtung 'Gf. 86-2-60' ist ein Abkömmling von 'Regent'

Fig. 2: The fungus-resistant newbred 'Gf. 86-2-60' produces high quality red wines; it is a descendant

Züchtungsforschung

Im Verlauf des Jahres 2003 wurden die Kartierungsstudien an der Kreuzungspopulation 'Regent' x 'Lemberger' mit ange-

schlossener QTL-Analyse für genomische Regionen, welche Pilzresistenzen determinieren, publiziert. Marker aus der Region für Resistenz gegen den Echten Mehltau, *Uncinula necator*, wurden weiterentwickelt zur Klärung der Resistenzquelle im 'Regent'-Stammbaum und zum Test der Übertragbarkeit der Marker auf anderes resistentes Zuchtmaterial. Eine weitere Population aus der Kreuzung von 'Gf. Ga-47-42' x 'Villard blanc' spaltet deutlich für Aromastoffe auf und steht derzeit in einer intensiven Kartierungsstudie. Bezüglich der Resistenz gegen den Erreger des Falschen Mehltaus, *Plasmopara viticola*, wurde ein speziell bei Pilzabwehr reguliertes Transkript durch molekularbiologische Techniken auf über 2.000 bp verlängert und analysiert. Dieses genetische Fragment zeigt deutliche Hinweise auf ein Resistenzgen.

Im trocken-heißen Sommer 2003 ermöglichten simultane Messungen einzelner Photosyntheseprozesse sowie der Transpiration erstmals Einblicke in die zur Trockentoleranz führenden kurz- und langfristigen Anpassungs- und Abhärtungsmechanismen in welkenden Blättern von Freilandreben; diese

Fig. 1: Resistance of the very successful variety 'Regent' against the fungus *Botrytis* is - *inter alia* - associated with its loose cluster

Daten bilden einen interessanten Ausgangspunkt für die Entwicklung eines Schnelltests der Trockentoleranz bei der Selektion von Reben.

Genetische Ressourcen

Vier neu gemeldete 100- bis 200-jährige Weinberge wurden an der Badischen Bergstraße bei Heidelberg auf ihre Sortenzusammensetzung untersucht. In den insgesamt 8 noch wurzelecht bepflanzten historischen Weinbergen mit 3.325 Rebstöcken konnten bislang über 60 Rebsorten nachgewiesen werden, von denen einige wie der 'Weiße Veltliner', die 'Blaue Laska', der 'Orleans' oder die nach den Heidelberger Seidengärten benannte 'Seidentraube' äußerst selten sind. Neben dem 'Weißen Heunisch', der mittlerweile in drei Weinbergen gefunden wurde, wurden erstmals die Sorten 'Honigler' und 'Primitivo' ('Zinfandl') in Deutschland nachgewiesen. Die alte, nicht im Erwerbsanbau vertretene Sorte 'Blauer Elbling' hat im Untersuchungsgebiet mit beträchtlichen 741 Rebstöcken überlebt und ist mit 23 % nach dem 'Riesling' (29 %) die zweithäufigste Rebsorte des Gebiets. Eine Sicherung dieser wertvollen genetischen Ressourcen insbesondere der intravarietalen Vielfalt kann nur im Rahmen eines größer angelegten Erhaltungsprogramms erfolgen, da die Virusfreiheit des zu selektierenden Materials gewährleistet sein muss. Ein solches Programm, das auch die Neufunde an Mosel und Main einschließen sollte, muss entwickelt werden (Abb. 3 und 4).



Abb. 4: Nachkommen der alten Landsorte 'Weißer Heunisch' (Abb.) sind u. a. 'Riesling', 'Chardonnay' und 'Lemberger'

Fig. 4: Famous descendants of the old variety 'White Heunisch' (Fig.) are 'Riesling', 'Chardonnay' and 'Lemberger'

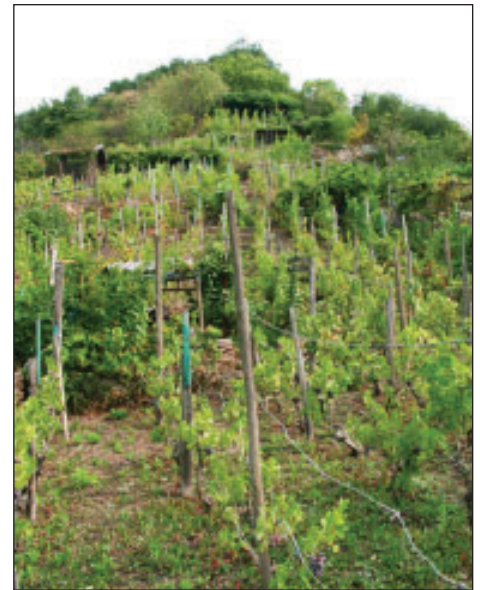


Abb. 3: Historischer Weinberg in der Nähe von Heidelberg mit jahrhundertalten Rebsorten

Fig. 3: Historical vineyard near Heidelberg with grape varieties grown for centuries

It was Peter Morio who started his comprehensive cross breeding program at Geilweilerhof in 1926, and some of the established varieties, like 'Bacchus' and 'Morio Muskat', are the outcome of his breeding work. In 1946, Professor Husfeld founded the „Research Institute for Grapevine Breeding“, which was adopted in 1966 by the Federal Ministry of Food, Agriculture and Forestry and named „Federal Research Centre for Grapevine Breeding“. Husfeld's breeding goals of resistance to phylloxera and Plasmopara were continued and his breeding success may be demonstrated by varieties, like 'Siegfriedrebe', 'Aris' and 'Pollux'. From 1970 to 1995, Professor Alleweldt continued the institute's breeding efforts, focussing on the development of new cultivars, resistant to fungus diseases. Out of the numerous new grapevine cultivars, 'Phoenix' and 'Regent' give evidence of his success. In 1992, the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants was created and in 1993 Geilweilerhof was united with this Centre and named Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof. The institute mainly concentrates on the:

- Development of disease-resistant wine grape varieties respecting the diversity of varieties in German viticulture, with the aim to establish an ecologically compatible, sustainable viticultural management: Fungus-resistant grapevine varieties allow a reduction of chemical plant protection measures and, thereby, contribute to increase the number of beneficial organisms and to improve the ecological system of vineyards;
- Development of selection methods to improve breeding efficiency in determining quality-related characters;
- Research on resistance to biotic and abiotic stress factors, e.g. parasites and climatic stress;
- Maintenance and improvement of must and wine quality by determining and evaluating aroma- and taste-specific compounds;
- Investigation of the genetic basis of characters important for breeding;
- Safety research with regard to the improvement of traditional grapevine varieties;
- Collection, maintenance and evaluation of genetic resources of grapevine;
- Publication of the international periodical "VITIS - Journal of Grapevine Research";
- Documentation of viticultural research: Collection and evaluation of scientific literature in the field of viticultural research within the frame of an agricultural documentation and information system;
- Maintenance of databases: the grapevine-genebank "Vitis - International Variety Catalogue" and the "European VITIS-Database" as well as the literature-database "VITIS-VEA".

Breeding

The consistent orientation of breeding activities towards fungus-resistant wine varieties for decades is more and more recognized by growers. E. g. the variety 'Regent', admitted in 1996, meanwhile belongs to the most widely grown grape varieties in new plantings. In 2003 about 400 ha were planted with 'Regent'; this is approximately 10 % of the total area replanted in German viticulture. In the last two years the area planted with 'Regent' has more than doubled and is now close to 1,300 ha. In 2003, an inquiry demonstrated that 'Regent' is at position two of the red wine area in organic viticulture. Three fungus-resistant newbreds will soon be officially protected varieties; one of them is the red wine genotype 'Gf. 86-2-60' ('Regent' x 'Lemberger') producing high quality wines (Figs. 1 and 2).

Breeding research

In 2003, mapping studies on the cross population 'Regent' x 'Lemberger' with subsequent QTL analysis of genomic regions determining resistance to fungal diseases has been completed to publication stage. Markers from the region determining resistance to powdery mildew, *Uncinula necator*, have been further processed to investigate the source of resistance within the complex pedigree of 'Regent' and to test for transferability of their correlation to resistance in other breeding material. A population derived from the cross of 'Gf. Ga-47-42' x 'Villard blanc' segregates for flavour compounds and is intensely studied for mapping. Concerning resistance to downy mildew (*Plasmopara viticola*), a transcript specifically regulated upon pathogen attack has been cloned and extended to more than 2000 bp by molecular techniques. This fragment shows characteristics of resistance genes.

During the hot and dry summer 2003 simultaneous measurements of different processes of photosynthesis as well as transpiration elucidated short- and long-term mechanisms of adaptation and hardening in wilting leaves of field-grown grapevine; these first data are an interesting starting point for the development of screening for drought tolerance.

The genetic resources of Vitis

Four recently detected vineyards in the region Badische Bergstraße near Heidelberg, 100-200 years old, were examined under the aspect of variety identity. In 8 truly rooted historical vineyards the 3,325 individual plants represented about 60 different grapevine varieties, some of which are very rare like the 'White Veltliner', the 'Blue Laska', the 'Orleans' or the 'Seidentraube', named after the old silk gardens of Heidelberg. Meanwhile, 'Heunisch' was found in three vineyards, while 'Honigler' and 'Primitivo' ('Zinfandl') have been recorded for the first time in Germany. The old variety 'Elbling Blue' survived with 741 plants, thus it is the second most frequent variety in the Region after 'Riesling'. The preservation of these valuable genetic resources, especially their intravarietal diversity is only possible within a larger preservation program, because the selected material has to be free of virus. Such a program has still to be founded and should also comprise the recently reported old vineyards along the rivers Mosel and Main (Figs. 3 and 4).

1. Resistenzforschung Research on resistance of grapevines

1.1 Untersuchungen zur Interaktion von *Plasmopara viticola* mit toleranten und anfälligen Rebsorten Investigation of the interaction of *Plasmopara viticola* with tolerant and susceptible grapevine cultivars

Vogt, S.; Zyprian, E.

Zielsetzung/Aim:

Plasmopara viticola, der Falsche Mehltau, ist nach wie vor einer der wichtigsten Krankheitserreger im deutschen Weinbau. Durch Züchtungsanstrengungen gelang es, neue feldresistente Rebsorten zu erzeugen. Die dabei beteiligten Resistenzmechanismen sind jedoch noch wenig verstanden. Mit dem Vorhaben sollen die grundlegenden Resistenzantworten und die Sequenzen der daran beteiligten Gene aufgeklärt werden.

Plasmopara viticola, the downy mildew fungus, is still one of the most important pathogens in German viticulture. Breeding efforts resulted in new field-resistant grapevine varieties. However, very little is known about the resistance mechanisms involved. The aim of this project is the elucidation of the molecular basis of the resistance response including the sequencing of corresponding genes.

Ergebnisse:

Vergleichende cytologische Studien an anfälligen und resistenten Rebsorten im Verlauf der Plasmoparainfektion hatten eine als „hypersensitive Reaktion“ bekannte Abwehrreaktion bei resistenten Rebsorten gezeigt. Daher wurden bei Infektion resistenter Sorten spezifisch induzierte Transkripte untersucht. Die Ergebnisse weisen darauf hin, dass u. a. Gene, welche für PR („Pathogenesis re-

lated“)-Proteine kodieren, während der Abwehrreaktion früh im Infektionsverlauf bei resistenten Sorten aktiviert werden. Dies konnte für das Gen *VRI*, welches eventuell in der Pathogenerkennung eine Rolle spielt, auf RNA-Ebene nachgewiesen werden. Dieses Gen wird in der resistenten Sorte 'Gloire de Montpellier' bei Pathogenbefall schnell und hoch induziert, während es in der anfälligen Sorte 'Riesling' basal weniger exprimiert und wesentlich schwächer bei Infektion aktiviert wird. Das Gen *VRI3* verhält sich reziprok, es scheint bei Befall vermindert exprimiert zu werden. Die von diesen Genen untersuchten Fragmente aus einem „Differential Display“-Ansatz wurden nun durch „Genome Walking“-Techniken verlängert. Speziell von *VRI* wurde eine verlängerte Gesamtsequenz *VRI'* von 2828 bp erhalten (Abb. 1). Ihre Untersuchung durch Datenbankabgleich verdichtet die Hinweise, dass es sich hier um ein Gen handeln könnte, welches in der zellulären Resistenzantwort eine Rolle spielt.

Abstract:

Comparative cytological studies during the infection of *Plasmopara viticola* in resistant and susceptible grapevines had shown an early and intense activation of enzymes typical for a hypersensitive reaction. In conse-

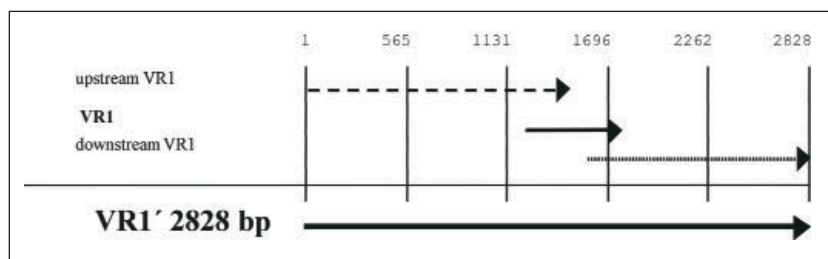


Abb. 1: Nach „Genome walking“ erhaltene *VRI*-verlängernde, überlappende Fragmente. Das ursprünglich identifizierte regulierte Transkript *VRI* ist in der Mitte dargestellt. Die Fragmentlängen „upstream“ und „downstream“ summieren sich zu einer Gesamtsequenz *VRI'* von 2828 bp

Fig. 1: *VRI*-extending and overlapping fragments obtained by „genome walking“ techniques. The originally identified transcript is shown in the middle. Fragment sizes upstream and downstream sum up to 2828 bp for the extended sequence *VRI'*

quence, transcripts specifically induced upon infection were studied. The results had indicated that genes encoding PR proteins are among those activated early during infection in resistant varieties. The genetic fragment *VR1*, possibly involved in pathogen recognition, seems to be induced during the early stages of infection in the resistant variety 'Gloire de Montpellier', while it is less expressed at basic level and activated much more slowly in the susceptible variety 'Riesling'. A genetic fragment termed *VR3* exhibits the opposite behaviour, as it appears to be „down“-regulated during infection. The fragments of these genes originally identified in a „differential display“ approach were extended by „genome walking“ techniques. Especially *VR1* could be extended to a total sequence *VR1* of 2828bp. Its analysis by database comparisons enhances previous evidence that this gene might be involved in cellular disease resistance response.

(BAZ-5130)

2. Stressphysiologie Stress physiology

2.1 Untersuchungen von Werteigenschaften bei neuem aussichtsreichem Zuchtmaterial: Toleranz gegenüber abiotischen Stressfaktoren Evaluation of important characters of new promising breeding material: Tolerance to abiotic stress factors Düring, H.

Zielsetzung/Aim:

Vor dem Hintergrund des sich abzeichnenden Klimawandels kommt der Widerstandsfähigkeit neuer Sorten gegenüber witterungsbedingten Stressfaktoren im Hinblick auf die Ertrags- und Qualitätsbildung eine wachsende Bedeutung zu. So können mangelnde Niederschläge zu einer erheblichen Beeinträchtigung der Most- und Weinqualität führen. Zur Qualitätssicherung bei Trockenheit werden Methoden zur Charakterisierung und Selektion trockenoleranter Sämlinge entwickelt. Die inzwischen gesetzlich erlaubte Bewässerung im Qualitätsweinsektor in Teilen des deutschen Weinbaus wirft zusätzliche, methodische Fragen zur sortenspezifischen Bewässerungsbedürftigkeit auf.

Within the frame of global climatic changes increasing attention is paid to the resistance of new varieties to weather-induced stress factors mainly with regard to yield and quality. Low precipitation can have negative effects on must and wine quality. To preserve high must and wine quality under drought conditions methods to characterize and select drought-tolerant seedlings are developed. Since in some parts of German viticulture irrigation has become legal for the sector „quality wine“ methodical questions concerning the variety-specific need to supply water have been raised.

Ergebnisse:

Die simultane Messung von zwei unterschiedlichen Prozessen der Photosynthese (linearer Elektronentransport und CO₂-Assimilation) ermöglicht erstmals eine genaue Bestimmung des CO₂-Transfers und der Carboxilierungseffizienz in Blättern verschiedener Rebsorten bei Wassermangel. Bei langanhaltender Trockenheit und gleichzeitig hohen Temperaturen konnte das Anpassungsvermögen einzelner im Freiland gewachsener Genotypen untersucht werden. War Mitte Juli 2003 die Photosyntheserate 20 Minuten nach Unterbrechung der Wasserzufuhr zur Blattspreite noch um 97 % ('Müller-Thurgau', trockenempfindlich) bzw. 84 % ('Riesling', trockenolerant) reduziert, so war sie nach Abhärtung (ein Monat später) nur noch um 68 % ('Müller-Thurgau') bzw. 36 % ('Riesling') reduziert. Die hiermit einhergehende Stomatenschließung führte zu einer deutlichen Absenkung der Transpiration und zu einer Verbesserung der Wassernutzungseffizienz, vor allem bei der Sorte 'Riesling' (A/E, Abb. 1). Die vorliegenden Ergebnisse machen deutlich, dass es im Verlaufe der Abhärtungsphase zu einer Stabilisierung der Photosyntheseprozesse kam, da die Carboxilierungseffizienz nach Unterbrechung der Wasserzufuhr zum Blatt anfänglich um 94 % ('Müller-Thurgau') bzw. 63 % ('Riesling') abnahm, nach Abhärtung jedoch nur noch um 43 % ('Müller-Thurgau') bzw. 16 % ('Riesling'). Mit der beschriebenen Methode kann, nach ihrer Validierung, eine relativ große Zahl von Genotypen hinsichtlich ihrer Trockentoleranz charakterisiert werden.

Sonnenbrandschäden an Beeren wurden ausnahmslos vor Einsetzen der Reifungsphase in Jahren mit sehr hohen Temperaturen (38-40 °C) beobachtet. Hieraus wurde abgeleitet, dass hohe Temperaturen maßgeblich an der Auslösung der Schäden beteiligt sind. Im Berichtszeitraum wurden daher Beeren von 22 Sorten in der Zeit zwischen Beerenansatz und Reifebeginn im Labor Temperaturen von 40 °C ausgesetzt und nach 5 Stunden auf entstandene Schäden untersucht. Die Ergebnisse dieser Untersuchungen bestätigten frühere Beobachtungen im Freiland, nach denen die Sorten 'Regent' und 'Sieger' nach der Wärmebehandlung nahezu unbeschädigt blieben, während 'Müller-Thurgau', 'Riesling', 'Bacchus' und 'Merlot' am stärksten geschädigt waren. Es bleibt zu vermerken, dass die erstgenannten, widerstandsfähigen Sorten während der Wärmebehandlung deutlich weniger Wasser verloren als die anfälligen Sorten. Die beschriebene Methode kann als Schnelltest zur Prüfung der Sonnenbrandempfindlichkeit bei der Selektion neuer Sorten eingesetzt werden.

Untersuchungen zum sortenspezifischen Verhalten und zur Vererbung von Lichtschutzmechanismen in Organen von Reben einer Kreuzungspopulation im Rahmen abiotischer Stress- und Klimawirkungsforschung erbrachten folgende Ergebnisse:

Im Jahr 2002 lag bei den Elternpflanzen der Xanthophyll-Pool bei 'Regent' um 16 % über dem des 'Lembergers', d.h. 'Regent' hatte einen etwas höheren Lichtschutzfaktor

als 'Lemberger'. Bei 77 der untersuchten 161 Genotypen (48 % der Population) lag der Xanthophyll-Pool im Be-

reich des 'Regent', bei 10 % darüber. 67 Genotypen (42 % der Population) lagen im Bereich des 'Lembergers'.

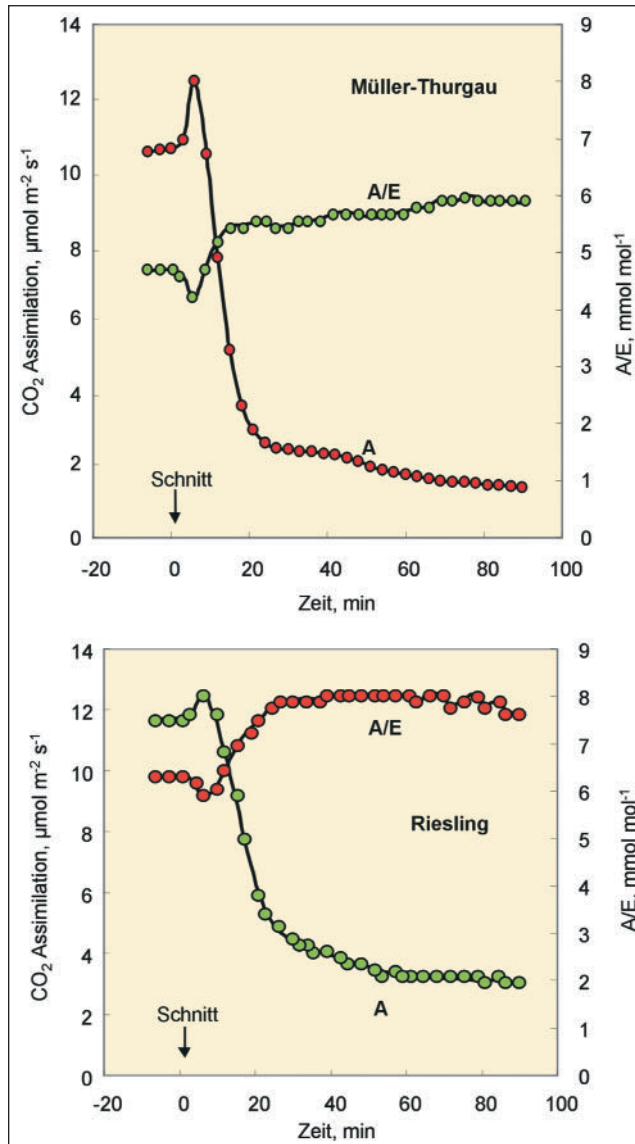


Abb. 1: Reaktionen von Photosynthese (A) und Wassernutzungseffizienz (Photosyntheserate/Transpiration, A/E) nach Unterbrechung der Wasserzufuhr zur Blattspreite (Schnitt) bei den Sorten 'Müller-Thurgau' (trockenempfindlich) und 'Riesling' (trockenresistent). Die relativ höheren Photosyntheseraten in welkenden 'Riesling'-Blättern erklären seine höhere Wassernutzungseffizienz bei Trockenstress, ein wichtiges Merkmal trockenresistenter Pflanzen

Fig. 2: Reactions of photosynthesis (A) and water use efficiency (photosynthesis to transpiration ratio, A/E) after interrupting the water supply to the leaf blades (Schnitt = cut) for cvs. 'Müller-Thurgau' (drought sensitive) and 'Riesling' (drought resistant). The relatively higher rates of photosynthesis in wilting leaves of 'Riesling' explain its higher water use efficiency during dehydration, an essential criterion of drought resistant plants

Abstract:

Simultaneous measurements of two different processes of photosynthesis (linear electron transport and CO₂ assimilation rate) enable, for the first time, precise determination of the CO₂ transfer and the carboxylation efficiency in leaves of various grape varieties under water stress. During an extended period of drought and high temperatures the adaptability of several field-grown genotypes was determined. Mid-July the rate of photosynthesis 20 minutes after interrupting the water supply to the leaf blade was reduced by 97 % ('Müller-Thurgau', drought sensitive) and 84 % ('Riesling', drought tolerant). One month later, after hardening, the rate of photosynthesis was reduced only by 68 % ('Müller-Thurgau') and 36 % ('Riesling'). The simultaneously occurring stomatal closure led to a distinct reduction of water loss from leaves and to an increase of the water use efficiency mainly in 'Riesling'. The results indicate that during hardening the photosynthetic processes were stabilized. While in mid-July after interruption of water supply to the leaf the carboxylation efficiency decreased by 94 % ('Müller-Thurgau') and 63 % ('Riesling'), after hardening it decreased only by 43 % ('Müller-Thurgau') and 16 % ('Riesling'). This method allows, after its confirmation, to characterize a relative huge number of genotypes with regard to drought tolerance. Damage of grape berries („sunburn“) was observed only before the onset of ripening in years with very high temperatures (38-40 °C). It was concluded that high temperatures are predominately involved in the induction of sunburn. Thus in 2003, from berry set to the onset of ripening, berries of 22 varieties were exposed to 40 °C in the laboratory and, after 5 hours, were examined for damage. Results confirm earlier observations in the field indicating that varieties like 'Regent' and 'Sieger' were almost unaffected by the treatment while 'Müller-Thurgau', 'Riesling', 'Bacchus' and 'Merlot' were severely damaged. It is interesting to note that during the treatment the water loss of the first-mentioned resistant varieties was distinctly lower than that of the sensitive varieties. The described method has been shown to be a successful screening for sunburn sensitivity and may be used during selection of new varieties.

Investigations on the variety-specific behaviour and the heredity of photoprotective mechanisms in organs of grapevines of a cross-bred population within the frame of abiotic stress and climatic effect research gave the following results:

In 2002 the xanthophyll pool of the parental plants was higher for 'Regent' (+ 16 %) than for 'Lemberger', i. e. 'Regent' had a somewhat higher photoprotection than 'Lemberger'. 77 out of 161 genotypes (48 % of the population) had a xanthophyll pool similar to 'Regent', while 10 % had a higher pool. The xanthophyll pool of 67 genotypes (42 % of the population) were in the range of 'Lemberger'.

In Zusammenarbeit mit: CSIRO, Division of Plant Industry; Waite Univ. Adelaide, Australien, Loveys, B.R.; Dry, P.R.

(BAZ-5107)

3. Methodenforschung Methodological research

3.1 Entwicklung molekularer Marker für Pilzresistenz und andere züchterisch wertvolle Eigenschaften der Weinrebe, Kartierung und Genomanalyse

Development of molecular markers for fungal disease resistance and other agronomically important traits of the grapevine, mapping and genome analysis

Akkurt, M.; Salakhutdinov, I.; Eibach, R.; Töpfer, R.; Zyprian, E.

Zielsetzung/Aim:

Pilzinfektionen bedrohen die Ertragssicherheit und Qualität im Weinbau unter unseren klimatischen Verhältnissen in besonderer Weise. Sie verursachen einen erheblichen Einsatz von Fungiziden, der kostenträchtig und umweltbelastend ist. Deshalb ist es ein wichtiges Ziel der modernen Rebenzüchtung, neue resistente Qualitätssorten zu erzeugen. Molekulare Marker, welche mit züchterisch relevanten Eigenschaften wie der Resistenz korrelieren, erlauben eine frühe Auswahl resistenter Pflanzen im Zuchtgang durch Vorhersage des Phänotyps auf Grund des Genotyps. Diese „Marker-gestützte Selektion“ (MAS) wird die Arbeit des Züchters künftig effizienter gestalten. Zugleich bieten solche Marker die Möglichkeit, über positionsgestütztes Klonieren zu den entsprechenden Genen zu gelangen, um diese in ihrem Wirkmechanismus zu studieren. Sie erlauben zudem die Identifizierung und Charakterisierung genetisch unterschiedlicher Resistenzquellen, um langfristig möglichst verschiedenartige Gene zur Erzeugung einer breit angelegten und dauerhaften Resistenz zu kombinieren.

Neben den Pilzresistenzen sind Aromastoffe als Qualitätsparameter in der Züchtung neuer Rebsorten entscheidend. Die Entwicklung von Markern, welche mit Aromastoffen korrelieren, wird den Zuchtgang deutlich verkürzen, da mittelfristig eine molekulare Vorhersage des genetischen Potenzials zur Ausbildung v. a. negativ perzipierter Stoffe die biochemische Analytik ersetzen kann, welche erst nach einer Entwicklungszeit der Sämlinge von mindestens drei Jahren an Früchten durchführbar ist.

Fungal infections are threatening warranted and qualitatively high-level grape production under our climatic conditions. This fact necessitates considerable application of fungicides causing costs and environmental problems. The only solution is to develop new resistant, high-quality cul-

tivars, the major aim of modern grapevine breeding. Molecular markers that correlate with important traits such as disease resistance are tools to predict the phenotype from the genotype, they can be applied to perform selection at very early breeding stages („Marker assisted selection“, MAS). Such markers also enable the cloning of relevant genes and their molecular analysis aiming at the understanding of the underlying physiological mechanisms. In addition, markers can serve to characterize genetically variant sources of resistance to combine different resistance genes for broad level and durable resistance in long term.

Besides resistance, flavor compounds are very important factors in modern grapevine breeding. Development of molecular markers correlating with the synthesis of such compounds for MAS will accelerate breeding, as the detection of the genetic potential to produce negatively perceived flavors will replace biochemical analysis that requires waiting after a cross until the seedlings have reached the developmental stage to produce fruit (three years minimum).

Ergebnisse:

Züchterisch wichtige Merkmale wie Pilzresistenzen und die Bildung von Aromastoffen treten in vielen Abstufungen auf und sind daher quantitativ vererbt. Die Entwicklung Merkmals-korrelierender molekularer Marker für solche Eigenschaften erfolgt in zwei Schritten: 1. Erarbeitung einer genetischen Karte und 2. Analyse von QTL (quantitative trait loci)-Regionen für die Ausprägung der Merkmale durch Korrelation mit phänotypischen Eigenschaften. Dafür sind umfangreiche Nachkommenschaften aus definierten Kreuzungen erforderlich. In den letzten Jahren wurden durch Segregationsanalyse einer Vielzahl molekularer Marker unterschiedlichen Typs an der Nachkommenschaft aus der Kreuzung von ‘Regent’, einer mehrfach pilzresistenter Sorte, mit der anfälligen Sorte ‘Lemberger’ durch Kopplungs- und Rekombinationsanalyse die genetischen Karten für beide Parentaltypen erarbeitet. 12 Kopplungsgruppen beider Eltern konnten miteinander integriert werden (Abb. 1). Fünf Kopplungsgruppen von ‘Regent’ wurden darüber hinaus mit den entsprechenden Kopplungsgruppen von ‘Lemberger’ homologisiert. Es gibt zwei weitere Kopplungsgruppen in der ‘Regent’ sowie acht weitere Kopplungsgruppen in der ‘Lemberger’-Karte.

Die Kreuzungspopulation spaltet für Pilzresistenzen auf, deren phänotypische Expressionsgrade über drei Jahre erfasst wurden. Die QTL-Analyse für Resistenz gegen den Erreger des Falschen Mehltaus, *Plasmopara viticola*, lokalisierte zwei Bereiche auf den Kopplungsgruppen 9 und 10 des ‘Regent’, welche determinierende genetische Faktoren tragen. Für die Resistenz gegenüber *Uncinula necator*, dem Erreger des Echten Mehltaus, wurde eine Region auf der Kopplungsgruppe 16 von ‘Regent’ identifiziert. Auf der Basis dieser Analysen wurden nun bevorzugt Merkmals-korrelierende Marker aus der *Uncinula*-Resistenzre-

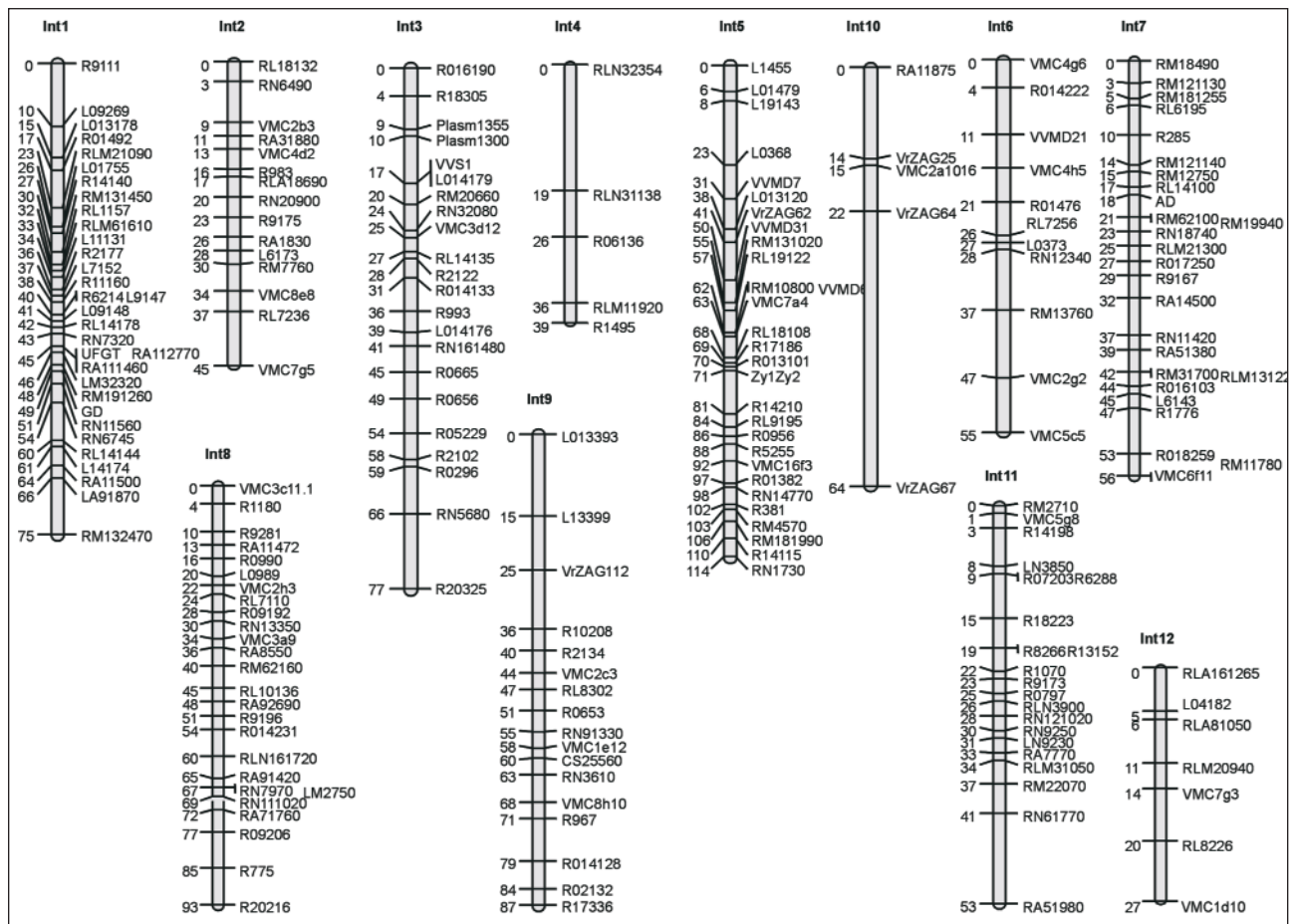


Abb. 1: Integrierte Kopplungsgruppen aus der Kartierung von 'Regent' x 'Lemberger' [Fischer *et al.* 2003: Quantitative trait locus analysis of fungal disease resistance factors on a molecular map of grapevine. TAG, 08, 501-515 (2004)]

Fig. 1: Integated linkage groups from the mapping of 'Regent' x 'Lemberger' [Fischer *et al.* 2003: Quantitative trait locus analysis of fungal disease resistance factors on a molecular map of grapevine. TAG, 08, 501-515 (2004)]

gion zur Umwandlung in experimentell stabile SCAR (sequence characterized amplified region)-Marker kloniert und sequenziert. Von den Sequenzen abgeleitete spezifische Primer wurden an der erweiterten Kreuzungsnachkommenschaft aus 'Regent' x 'Lemberger' (192 Individuen) getestet (Beispiel Abb. 2) und in die Kartierung und QTL-Analyse mit einbezogen. Vier der neu entwickelten SCAR-Marker wurden in die Region der *Uncinula*-Resistenz zurückkartiert. Sie werden zur Zeit benutzt, um die Quelle der Resistenz im komplexen Stammbaum der Sorte 'Regent' an den Vorfahren zu testen, soweit diese als sortenecht geprüfte Pflanzen verfügbar sind. Untersuchungen zur Übertragbarkeit der Korrelation der Marker mit Pilzesistenz in anderen Sorten unterschiedlicher Herkunft sind derzeit im Gang.

Die genetische Karte aus der Kreuzung 'Regent' x 'Lemberger' wird derzeit durch die Integration von SSCP (single strand conformational polymorphisms)-Markern aus funktionellen Genen mit nachgewiesenen SNPs (single nucleotide polymorphisms) und weiterer SSR (simple sequence repeats)-Marker detailliert, um einen Vergleich mit genetischen Karten aus anderen Kreuzungspopulationen zu erleichtern. Die Lokalisation funktioneller Gene wird auf ein-

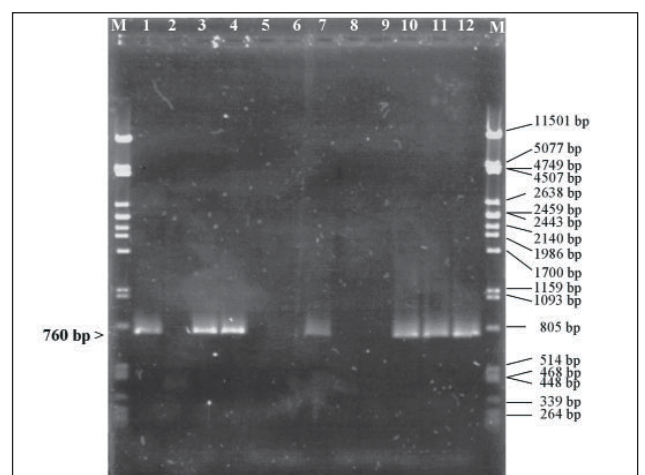


Abb. 2: Amplifikationsprodukt des Markers SCA7-32760 in der Population von 'Regent' x 'Lemberger'. Spur M: Größenstandard, Spur 1: 'Regent', Spur 2: 'Lemberger', Spur 3-12: Verschiedene Individuen aus der F1-Population

Fig. 2: Amplification product of marker SCA7-32760 in the population 'Regent' x 'Lemberger'. Lane M: Size standard; lane 1: 'Regent'; lane 2: 'Lemberger'; lanes 3 to 12: Various individuals from the F1-population

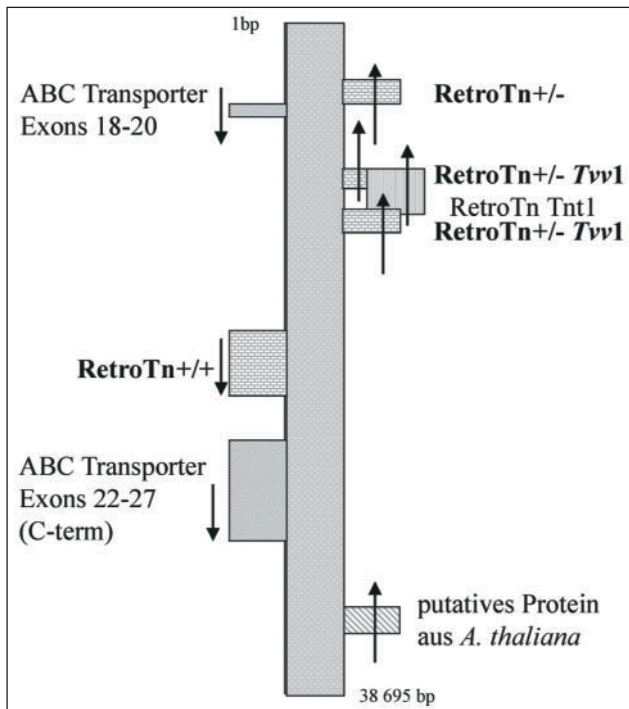


Abb. 3: Genetische Struktur des BAC-Klons A1-16 aus der resistenten Sorte 'Vidal blanc'. Über Datenbankabgleich der Sequenz wurden hier vorhandene Exons aus einem ABC-Transporter-Gen sowie wiederholte Insertionen von retrotransposalen Elementen in beiden Orientierungen zusätzlich zu einem potenziellen Protein identifiziert.

Fig. 3: Molecular structure of BAC clone A1-16 originating from the resistant variety 'Vidal blanc'. Sequence comparisons to databases identified exons from an ABC transporter gene as well as repeated insertions of retrotransposable elements in both orientations, together with a putative protein

ne Korrelation mit QTL-Regionen geprüft werden, um so funktionelle Bezüge zwischen Genen und ausgeprägten Resistenzeigenschaften feststellen zu können.

Von 'Regent' ist eine repräsentative BAC (bacterial artificial chromosome) Bibliothek mit etwa 12-facher Genomrepräsentanz verfügbar. Diese BAC-Bank wurde stichprobenartig auf ihre mittlere Insertgröße geprüft (102 kb) und wird zur Zeit für ein PCR-gestütztes Screening vorbereitet. Resistenz-korrelierende Marker werden hier eingesetzt werden, um aus der genetischen Karte zur physikalischen Kartierung und Genisolierung zu kommen. Beispielhaft wurde ein BAC-Klon aus der resistenten Rebsorte 'Vidal blanc' in Voruntersuchungen sequenziert und bioinformatisch analysiert. Seine Struktur zeigt Abb. 3.

Ergänzend zu den Studien an 'Regent' x 'Lemberger' werden parallele Kartierungsarbeiten an der Nachkommenschaft aus der Kreuzung von 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' durchgeführt. Hier vererben beide Parentaltypen unterschiedlich stark ausgeprägte Resistenzen gegen die beiden pilzlichen Schaderreger *Plasmopara viticola* und *Uncinula necator*. Darüber hinaus spalten unter den 152

Nachkommen besonders deutlich Aromakomponenten auf, welche von der muskatbetonten Zuchtlinie 'Gf.Ga-47-42' stammen. Eine partielle Genkarte mit molekularen Markern in 10 Kopplungsgruppen von 'Gf.Ga-47-42' und 12 Kopplungsgruppen bei Markern aus 'Villard blanc' hatte bereits erste Hinweise auf QTLs für Aromastoffe und Resistenz gegen *Plasmopara viticola* ergeben. Diese Untersuchungen wurden intensiviert. Die quantitative Aufspaltung der Aromakomponenten wurde erneut und umfangreicher als zuvor erfasst. 162 neu verfügbare Mikrosatellitenloci wurden auf informative Segregation getestet, um die Karte zu vervollständigen. Die Präferenz lag bei den codominanten und gut übertragbaren SSR-Markern, um den Vergleich mit Daten aus anderen Kartierungsstudien zu erleichtern. Zusätzlich wurden 38 Primerpaare aus Resistenzgenanalogen in Kooperation mit der Universität Udine in Italien auf informative Spaltung getestet. Etwa 40 hoch informative SSR-Marker (segregierend mit drei oder vier Allelen) befinden sich derzeit in der Kartierung über die gesamte Population.

Bereits die partiellen Karten von 'Gf.Ga-47-42' und 'Villard blanc' konnten in Vergleichen mit den Kartierungsergebnissen aus 'Regent' x 'Lemberger' einbezogen werden. Eine Homologisierung verschiedener Kopplungsgruppen über alle vier Parentaltypen wurde demonstriert. Darüber hinaus ergab ein Vergleich mit der internationalen Referenzkarte aus dem IGGP (International Grape Genome Program, www.vitaceae.org) als Hilfsmittel der Homologisierung erste Hinweise auf eine Kopplungsgruppe, welche in beiden genetischen Studien unabhängig voneinander als eine solche identifiziert wurde, die Resistenzfaktoren gegen *Plasmopara viticola* trägt (Abb. 4).

Projektförderung: Deutsche Forschungsgemeinschaft (Projekt ZY11-4) und Universität Ankara (Stipendium für M. Akkurt) sowie Gemeinschaft der Förderer und Freunde des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof e. V. (Stipendium für I. Salakhutdinov)

Abstract:

Traits important in breeding such as resistance to fungal diseases and flavor compounds occur in many different expression levels and are quantitatively transmitted. Development of correlating markers for such characteristics is a two-step procedure: 1. Establishment of a genetic map and 2. analysis of QTL (quantitative trait loci) regions that determine the traits expression by correlation with phenotypic data. This approach requires large progeny from controlled crosses. Throughout the last years segregation analysis of a multitude of molecular markers of various types in the progeny of 'Regent', a multiply resistant variety, to the susceptible cv. 'Lemberger' has allowed to establish the genetic maps of both parents by linkage- and recombination analysis. More recently, 12 linkage groups of both parents could be integrated (Fig. 1). Furthermore, five linkage groups from 'Regent' could be homologized with corresponding linkage groups from 'Lemberger'. There are two additional linkage groups in 'Regent' and eight

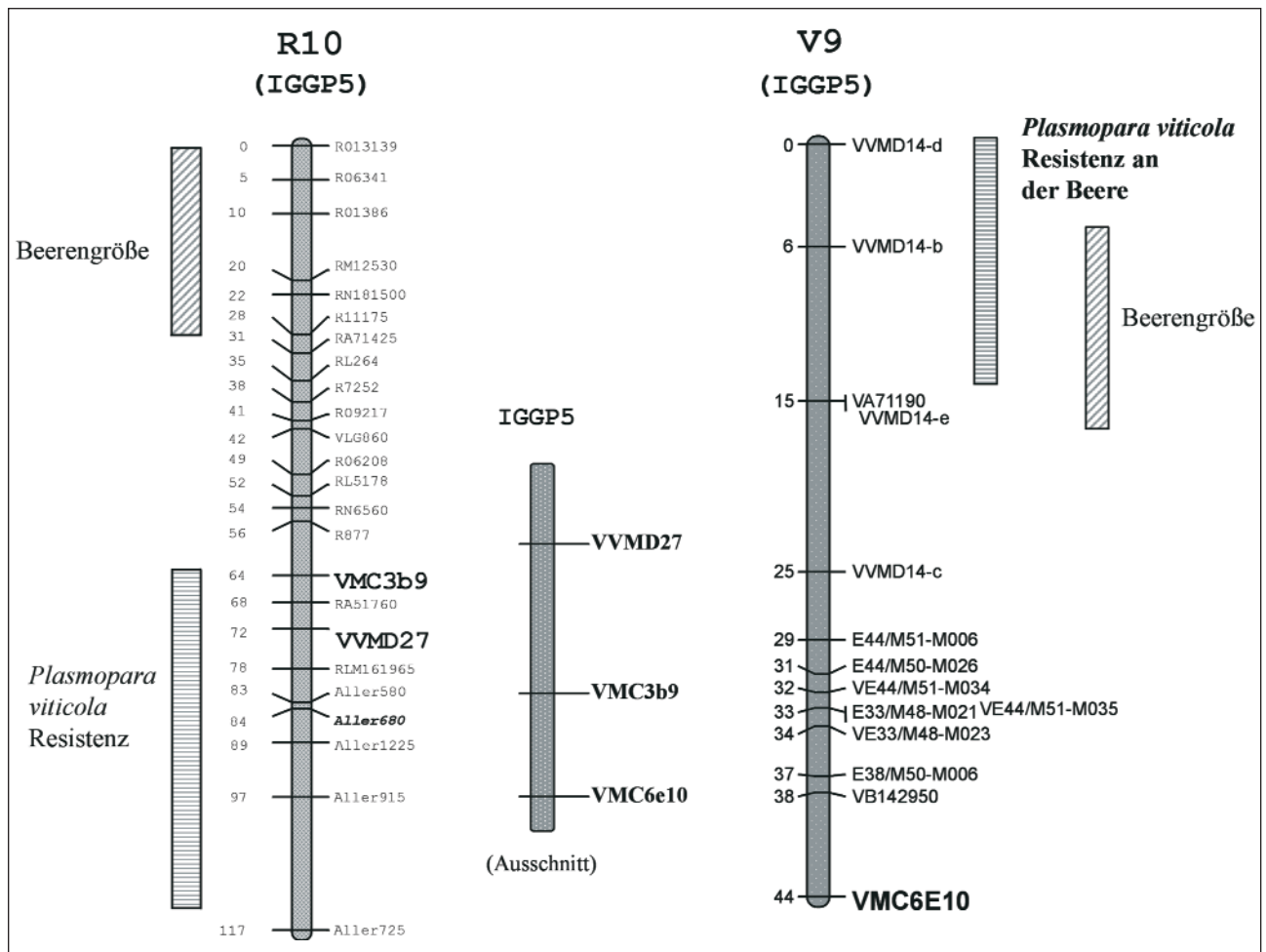


Abb. 4: Homologisierung der Kopplungsgruppe 10 aus 'Regent' (R10) mit der Kopplungsgruppe 9 aus 'Villard blanc' (V9), welche beide QTL für *Plasmopara viticola* Resistenz tragen, mit Hilfe der Kopplungsgruppe 5 aus der Referenzkarte 'Riesling' x 'Cabernet Sauvignon' entwickelt von C.P. Meredith (IGGP5, Riaz *et al.*, 2003, TAG, in press), on-line Publikation Nov. 6, 2003

Fig. 4: Homologization of linkage group 10 from 'Regent' (R10) with linkage group 9 from 'Villard blanc' (V9) that both carry QTL for resistance to *Plasmopara viticola* utilizing linkage group 5 from the reference map 'Riesling' x 'Cabernet Sauvignon' developed by C.P. Meredith and co-workers (IGGP5; Riaz *et al.* 2003, TAG, in press), on-line publication Nov. 6, 2003

more identified in 'Lemberger'. The population segregates for fungal disease resistances that were scored throughout three years of field evaluation. QTL analysis for resistance to *Plasmopara viticola* (Downy mildew) localized two regions on linkage groups 9 and 10 of 'Regent' that carry determining factors. A major QTL for resistance to *Uncinula necator* (Powdery mildew) was identified on linkage group 16 of 'Regent'. Based on these data, preferentially *Uncinula*-resistance correlating markers were cloned and sequenced to convert them into experimentally stable SCAR (sequence characterized amplified region) markers. Specific primers developed were tested on the enlarged population of the 'Regent' x 'Lemberger' cross (192 individuals, exemplified in Fig. 2) and included into mapping and QTL analyses. Four of the newly developed markers mapped to the *Uncinula* resistance-carrying linkage group. These are currently employed to investigate the source of resistance in the complex pedigree of 'Regent' as far as an-

cestors are available with true-to-type plant samples. Studies to investigate transferability of these markers to genetically different varieties with fungal disease resistances are performed.

The genetic map developed from the cross of 'Regent' x 'Lemberger' is currently supplemented by the integration of SSCP (single strand conformational polymorphisms) markers derived from functional genes with proven SNPs (single nucleotide polymorphisms) and additional SSR (simple sequence repeat) markers to facilitate comparison to maps elaborated from other crosses. The localization of functional gene markers will be compared to the positions of QTLs to elucidate relationships of genes to resistance characteristics.

A representative BAC-library (bacterial artificial chromosome) from 'Regent' with ca. 12x genome coverage is

available. This BAC-library has been checked for average insert size (app. 102 kb) and is currently prepared for PCR-based screening procedures. Resistance correlating markers will be applied to link the genetic map with the physical isolation of genes. One BAC clone derived earlier from the resistant variety 'Vidal blanc' was studied as an example and analysed by bioinformatics. Its structure is outlined in Fig. 3.

In addition to the genetic mapping in 'Regent' x 'Lemberger' parallel genetic studies are performed in the progeny of the cross 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc'. In this cross both parental types transmit various degrees of resistance to the fungal pathogens *Uncinula necator* and *Plasmopara viticola*. The 152 individuals of the progeny segregate additionally for flavor compounds inherited from the muscat-type breeding line 'Gf.Ga-47-42'. A partial genetic map with molecular markers ordered into 10 linkage groups of 'Gf.Ga-47-42' and 12 linkage groups from 'Villard blanc' markers had already given first hints for QTLs relating to flavor compounds and *Plasmopara viticola* resistance. These investigations were intensified. The quantitative segregation of flavor compounds was scored in more detail. 162 newly available microsatellite loci were tested for informative segregation to complete the maps. Codominant and well-transferable SSR markers were preferred in order to facilitate the comparison to data from other mapping studies. 38 primer pairs flanking resistance gene analogs were tested (in cooperation with University of Udine, Italy) for informative segregation. Approximately 40 highly informative SSR markers (segregating with three or four alleles) are currently being mapped in the complete population.

Already the partial maps allowed to perform comparisons with the mapping data obtained in 'Regent' x 'Lemberger'. Homologization over all four parental types could be demonstrated for several linkage groups. Alignments using information from the international reference map determined by the IGGP (International Grape Genome Program, www.vitaceae.org) interestingly provided first hints for a linkage group that was independently found to carry factors determining resistance to *Plasmopara viticola* in both studies (Fig. 4).

Grants: Deutsche Forschungsgemeinschaft (Project ZY11-4) and University of Ankara (fellowship for M. Akkurt), and Gemeinschaft der Förderer und Freunde des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof e. V. (fellowship for I. Salakhutdinov).

(BAZ-5115)

3.2 Entwicklung experimentell stabiler Marker zur Differenzierung von Unterlagssorten der Weinrebe

Development of experimentally stable molecular markers for the differentiation of rootstock varieties

Zyprian, E.; Maul, E.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Seit der Reblauskrise im letzten Jahrhundert werden Kulturreben auf reblausfeste Unterlagen gepfropft. Diese sind aus Kreuzungen amerikanischer Wildarten hervorgegangen und haben heute als Pflanzgut erhebliche wirtschaftliche Bedeutung erlangt. In ihrer Handelsform und nach der Pflanzung in Weingärten stehen hier jedoch kaum morphologische Merkmale zur Verfügung, die eine sichere Identifizierung erlauben würden. Daher ist es besonders für diese Unterlagssorten wünschenswert, eindeutige und in der Praxis leicht einsetzbare molekulare Marker zur Verfügung zu haben.

Since the Phylloxera crisis during the last century scion cultivars of grapes are grafted onto Phylloxera-resistant rootstocks. These are derived from crosses of American wild species of grapevine and have pronounced economic importance today. For the commercial use of the propagation material and after planting in the vineyard, these rootstocks show no morphological characteristics to allow their identification. For this reason, stable and easily applicable molecular markers are required.

Ergebnisse:

Für 43 Unterlagssorten im Sortiment des Instituts sind die Genotypen an 16 Mikrosatelliten (SSR, simple sequence repeats)-Loci etabliert worden, um eindeutige molekulare Marker zur Sortendifferenzierung zu erarbeiten. Daten aus drei Jahren mit unabhängigen Versuchswiederholungen wurden abgeglichen und auf experimentelle Reproduzierbarkeit geprüft. Damit konnte ein Katalog der genotypischen Profile häufig verwendeter Unterlagssorten erstellt werden. Die entsprechenden Sorten wurden ampelographisch-morphologisch bearbeitet, um die Zuordnung der molekularen Genotypisierung zur ampelographisch als „sortenecht“ bestätigten Unterlagssorte abzusichern.

Im Falle der beiden Sorten 'Selektion Oppenheim 4' und 'Binova' war bisher keine molekulare Differenzierung auf der Basis von SSR Markern möglich. Derzeit wird mit Hilfe der AFLP (Amplified fragment length polymorphisms)-Methode geprüft, ob eine Unterscheidung dieser beiden vermutlich sehr eng verwandten Sorten erreicht werden kann. 13 unterschiedliche Primerkombinationen wurden in ihrem Differenzierungspotenzial für diese beiden Sorten untersucht. Zwei davon erscheinen vielversprechend. Die Ergebnisse sind durch künftige Untersuchungen noch abzusichern.

Abstract:

A collection of 43 rootstock varieties at the Institute has been analyzed for their genotypes at 16 microsatellite loci (SSR, simple sequence repeat) in order to establish unequivocal molecular markers for their differentiation. Experimental data from three years of independent repetitions were checked for reproducibility. A catalogue giving the genotypic profiles of frequently used rootstock cultivars was generated. The corresponding cultivars were characterized during the growing season on the basis of morphological/ampelographical traits to establish a clear assignment between genotypic profiles and ampelographically confirmed „true-to-type“ varieties.

The two varieties ‘Selection Oppenheim 4’ and ‘Binova’ could not yet be differentiated on the basis of SSR markers. Currently we are investigating, if application of the AFLP (Amplified fragment lengths polymorphisms) technique can lead to a genetic resolution of these two -presumably very closely related- varieties. 13 primer combinations were tested and two of them produced promising results. These need to be confirmed in further experiments.

(BAZ-5135)

3.3 Erzeugung von embryonem Gewebe über die Antherenkultur

Production of embryogenic tissue from anther culture

Harst, M.

Zielsetzung/Aim:

Embryogenes Gewebe ist für zahlreiche biotechnologische Fragestellungen ein geeignetes Ausgangsmaterial. Eine hohe Induktionsrate und eine langanhaltende embryogene Kompetenz der Explantate ist dabei für ein funktionsfähiges Regenerationssystem eine wichtige Voraussetzung. Über Blattscheibenexplantate ist bislang keine oder nur eine ungenügende Regeneration von *Vitis vinifera*-Genotypen via somatischer Embryogenese möglich, hingegen können zahlreiche Genotypen über die Antherenkultur regeneriert werden. Für erfolgreiche Gentransferuntersuchungen an weinbaulich wichtigen Rebsorten ist somit eine ausreichende Menge an embryonem Ausgangsmaterial erforderlich. Vorteilhaft wäre eine saisonal- und witterungsunabhängige Verfügbarkeit von Gescheinen.

For many biotechnological examinations embryogenic tissue is a suitable starting material. High induction rates and a long-term embryogenic competence are important prerequisites for a functional regeneration system. With leaf-disc techniques no or only insufficient regeneration of genotypes of *Vitis vinifera* by somatic embryogenesis was obtained whereas many genotypes can be regenerated by anther culture. For successful gene transfer studies of viticulturally important varieties large amounts of embryo-

genic starting material are necessary. A method by which independent from season and weather inflorescences are available would be a great benefit to obtain large amounts of embryogenic material throughout the year.

Ergebnisse:

In verschiedenen Versuchsansätzen wurden insgesamt 29.930 Antheren von unterschiedlichen Genotypen präpariert. Etwa die Hälfte der präparierten Antheren wurde für die Etablierung von embryogenen Dauerkulturen verwendet, um Ausgangsmaterial für Genübertragungsversuche zur Verfügung zu stellen. Die übrigen Kulturen wurden zur Optimierung der Embryoinduktionsrate herangezogen. Dabei konzentrierten sich die Einzeluntersuchungen bis auf wenige Ausnahmen auf die Überprüfung verschiedener Parameter bei den Rebsorten ‘Riesling’ und ‘Chardonnay’.

Zunächst wurden der Einfluss unterschiedlicher Größen der Petrischalen (PS) und die Anzahl an Antheren je PS in der vierwöchigen Induktionsphase nach Auflegen und Kühlen der Antheren getestet. Die Präparation der Antheren erfolgte aus Gescheinen, die an Stecklingen im Gewächshaus induzierten worden waren bzw. aus Gescheinen von Freilandreben. Die Induktion wurde in PS mit 55 mm Durchmesser (15 ml Nährlösung) und 30 Antheren (55/30, Standard) wie auch in 90 mm PS (40 ml Nährlösung) mit 30 Antheren (90/30, Variante 1) und 90 mm PS mit 50 Antheren (90/50, Variante 2) durchgeführt. Weitere Subkulturen wurde in 90 mm PS vorgenommen, wobei die Explantate 1:1 umgesetzt wurden. Grundsätzlich waren in der 12. Kulturwoche genotypische Unterschiede in der Regenerationsfähigkeit festzustellen. Bei ‘Riesling’ hatte die Herkunft der Antheren aus Stecklingsgescheinen keinen Einfluss gezeigt. Die Regenerationsraten lagen bei allen drei PS-Varianten bei 38 %. Bei Antheren aus dem Freiland wurden unterschiedliche Embryogeneseraten ermittelt. Die besten Ergebnisse wurden bei Variante 1 (90/30) mit 51 % erzielt, gefolgt von Variante 2 (90/50) mit 42 % und der Kontrolle mit 36 %. Bei ‘Chardonnay’ traten deutlichere Unterschiede in Bezug auf die Herkunft des Ausgangsmaterials für die Antherenkultur auf. In der 12. Kulturwoche waren im Durchschnitt aller PS-Varianten Freiland-Antheren mit einer Regenerationsrate von 34 % den Antheren von Stecklingen mit 24 % überlegen. Bei beiden Herkunftstypen wurden die besten Regenerationsraten in Variante 1 (90/30) mit 29 % bei Antheren aus der Stecklingsanzucht und 38 % aus Freilandreben ermittelt. In der Kontrolle wurden bei Stecklingsmaterial 25 %, bei Freilandmaterial 30 % embryogen reagierende Antheren bonitiert. Die niedrigsten Regenerationsraten traten in Variante 2 (90/50) mit 18 % (Stecklingsanzucht) und 30 % (Freilandmaterial) auf.

Die Versuche wurden zudem mit Antheren von Freilandreben mit der Rebsorte ‘Regent’ und der weißen Neuzüchtung ‘Gf. 84-27-285’ angesetzt. Dabei zeigte sich, dass bei ‘Regent’ in größeren PS, aber unabhängig von der Anzahl

der Antheren/PS bessere Regenerationsraten erzielt werden können; bei der Neuzüchtung 'Gf.84-27-285' hingegen konnten die Beobachtungen von 'Riesling' und 'Chardonnay' mit höheren Embryogeneseraten in großen PS mit der Standardanzahl von 30 Antheren/PS bestätigt werden.

Zur pH-Stabilisierung wurde in einem weiteren Versuchsansatz bei 'Riesling' und 'Chardonnay' dem Medium über den gesamten Kulturverlauf MES (2-[N-Morpholino]ethane sulfonic acid) in einer Konzentration von 10 mM als Puffersubstanz zugegeben. Dabei konnte kein Einfluss auf die Regenerationsfähigkeit der Antherenkulturen im Vergleich zum MES-freien Medium festgestellt werden. Der pH-Wert von 5,8 zu Kulturbeginn änderte sich in den ersten 8 Wochen nach Ansatz nicht, hingegen musste von der 8. bis 12. Kulturwoche mit beginnender Keimung der somatischen Embryonen mit einer pH-Reduzierung um 0,8-1,0 Einheiten gerechnet werden. Die pH-Senkung war umso höher, je mehr Keimlinge sich in der PS befanden.

Zur Steigerung der Konversionsrate wurde bei der Rebsorte 'Riesling' der Einfluss einer IBA (indole butyric acid)-Behandlung auf die Weiterentwicklung keimender Embryonen zu bewurzelten *in vitro*-Pflänzchen untersucht. Dabei wurden die Keimlinge bei der Umsetzung auf neues Nährmedium und Umstellung aus Dauerdunkelbedingungen in Licht (16 h, 50 mmol.m⁻²s⁻¹) für einige Minuten in eine IBA-Lösung (60 mg/l) getaucht. Bei nicht behandelten Keimlingen (Kontrolle) entwickelten sich 37 %, bei IBA-Behandlung 57 % weiter zu intakten bewurzelten *in vitro*-Pflanzen. Pflanzen beider Chargen wurden an Gewächshausbedingungen adaptiert. Hier zeigte sich, dass die IBA-Behandlung der Keimlinge zu einer deutlichen Steigerung der Anwuchsrate und Weiterentwicklung der Pflanzen beitrug. Nur 17 % der unbehandelten Keimlinge konnten erfolgreich im Gewächshaus angezogen werden, wohingegen 31 % der Pflanzen aus der IBA-Behandlung adaptiert werden konnten. Die Untersuchungen wurden ebenfalls mit der roten Neuzüchtung 'Gf. 86-2-60' durchgeführt, wobei jedoch kein Unterschied in beiden Varianten aufgetreten war.

Abstract:

During the season 29.930 anthers were excised to establish embryogenic cultures as starting material for gene transfer studies, or to improve the induction rate of somatic embryos on anther explants. The optimization studies were focused on the influence of volumina of petri dishes in correlation to the anther/dish ratio during the induction period. The tests were carried out with anthers of 'Riesling' and 'Chardonnay' originating from inflorescences of field-grown grapevines and inflorescences which had been induced on woody cuttings in the greenhouse. Best results were obtained using anthers from the field. The influence of the size of culture vessels was most obvious for 'Chardonnay'. The highest regeneration rate was recorded in petri dishes with 40 ml medium and 30 anthers per dish.

In a subsequent study the effect of application of the buffer substance MES (2-[N-morpholino]ethane sulfonic acid) was tested in view of pH stabilization during the total cultivation period. An influence of MES on induction rate could not be observed. About 8-12 weeks after the start of culture (beginning of germination of somatic embryos) a pH reduction by of 0,8-1,0 was detected which did not influence the further development of germinating embryos.

Germinating somatic embryos of grapevine cv. 'Riesling' were treated with IBA at the transfer to fresh medium and light conditions. In view of subsequent plant development *in vitro* and further adaptation to greenhouse conditions an IBA-treatment of germinating embryos can be recommended. The IBA-treatment increased the conversion rate by 20 %. No differences could be observed for grapevine cv. 'Gf.86-2-60'.

(BAZ-5116, BAZ-5148)

3.4 Erweiterung der genetischen Basis von Sorten- und Zuchtmaterial durch Gentransfer *Agrobacterium tumefaciens*-mediated genetic transformation of grapevine

Bornhoff, B.-A.; Harst, M.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Die Transformation mit *Agrobacterium tumefaciens* stellt eine der am häufigsten angewandten Methoden zur Herstellung transgener Pflanzen dar. Dieses Verfahren bietet sich für die Rebe - eine natürliche Wirtspflanze von *Agrobacterium* - an, um Fremd-DNA in weinbaulich interessante Rebsorten einzuschleusen. Das Ziel ist, eine Methode zur Übertragung von Genen in Explantate verschiedener Rebgenotypen und der Regeneration transformierter Pflanzen zu etablieren.

Agrobacterium-mediated plant transformation is the most frequently used method to obtain transgenic dicotyledonous plants. In grapevine as a natural host, *Agrobacterium tumefaciens* causes crown gall tumors. However, transformation remains a problem due to the difficulties in plant regeneration. A protocol for *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation of grapevine explants and plant regeneration after bacterial inoculation will be established.

Ergebnisse:

Die Untersuchungen zur Etablierung von Antherenkulturen aus transgenen Pflanzen aus dem Gewächshaus wurden im Versuchsjahr fortgesetzt. Es wurden Antheren aus transgenen Linien der Rebsorte 'Seyval blanc' präpariert, die mit den Genkonstrukten Chitinase und RIP transformiert worden waren. Von jeder transgenen Linie wie auch von den nicht-transgenen Kontrollpflanzen wurden 360 Antheren nach dem Standardprotokoll kultiviert. Eine

Bonitur 12 Wochen nach Versuchsansatz ergab Unterschiede in der Embryogeneserate der Antheren von 0,8-3,0 %, wohingegen die Kontrolle eine Regenerationsrate von 0,6 % aufwies.

Weitere Transformationsansätze mit somatischem Gewebe wurden mit Genkonstrukten, die GFP (Green Fluorescent Protein) als visuellen Boniturmarker tragen, durchgeführt, um die Selektion am vitalen Gewebe zu optimieren.

Abstract:

Investigations with anthers from transgenic and non-transgenic greenhouse-grown grapevines were continued to determine induction of somatic embryogenesis. The experiments were focused on transgenic 'Seyval blanc'-lines harbouring the genes for chitinase and RIP. Differences in the induction rate of somatic embryogenesis between the transgenic lines could be observed.

(BAZ-5136, BAZ-5145, BAZ-5147)

3.5 Bestimmung des vertikalen Gentransfer bei der Weinrebe

Cross-pollination of transgenic grapevines as a tool for monitoring

Bornhoff, B.-A.; Harst, M.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Kulturreben sind vegetativ vermehrte Pflanzen, die aufgrund ihres zwittrigen Blütenaufbaus zu den Selbstbefruchtern gerechnet werden. Dennoch ist eine Verbreitung von Pollen durch Wind oder Insekten möglich. Informationen über das Ausmaß einer Auskreuzung bei Reben liegen bisher nicht vor, da dies bei einer vegetativ vermehrten Pflanze von geringer Bedeutung war. Durch einen künftig denkbaren Anbau gentechnisch veränderter Reben ergeben sich Fragen hinsichtlich möglicher Sicherheitsrisiken durch Auskreuzung. Ziel dieses Projektes ist es, das Ausmaß eines vertikalen Gentransfer zu bestimmen.

Safety of transgenic plants is still a matter of public concern and the question of the frequency of cross pollination of the transgene cannot yet be answered. Though *Vitis vinifera* is generally considered as a selfpollinating species, a potential spread of the introduced gene(s) cannot be excluded. In view of risk assessment within the project the rate of cross-pollination will be determined.

Ergebnisse:

Die Ausbreitung von Pollen transgener 'Dornfelder'-Pflanzen, die mit einem β -Glucuronidase-Gen transformiert sind, wurde durch radial um die Spenderpflanzen angeordnete Pollenfallen in Abständen von 5 m, 10 m, 20 m und 50 m für das Jahr 2002 bestimmt. Transgene 'Dornfelder'-Pollen können durch ihre blaue Färbung nach einem

GUS-Test von anderen Rebpollen unter dem Lichtmikroskop unterschieden werden. In Abhängigkeit von der Windrichtung und -geschwindigkeit konnte eine Ausbreitung der Pollen von den Spenderpflanzen bis auf eine Entfernung von 50 m festgestellt werden.

Im Versuchsjahr wurde der Radius der Ausbringung von Pollenfallen auf 100 m, 150 m und in Hauptwindrichtung auf 300 m erweitert. Wie im Vorjahr wurden die Pollenfallen täglich ausgewechselt, einem histochemischen GUS-Test unterzogen und mittels einer Safranin-Glycerin-gelatine angefärbt und eingebettet.

Um eine mögliche Auskreuzung zu bestimmen, wurden aus den stratifizierten Kernen der Ernte 2002 aus dem 5 m- und 10 m-Radius im Gewächshaus Keimlinge angezogen und ein GUS-Test durchgeführt. Samen bzw. Keimlinge, die in Folge einer Befruchtung mit transgenem 'Dornfelder'-Pollen entstanden sind, können mit dem GUS-Test anhand ihrer Blaufärbung detektiert werden. Die abschließende Auswertung wird im kommenden Jahr erfolgen.

Von allen Rebstöcken im 10 m und 20 m-Radius wurden die Trauben geerntet, die Samen ausgewaschen und stratifiziert. Die Auswertung wird nach der Stratifizierung der Samen vorgenommen.

Projektförderung: Stiftung Rheinland-Pfalz für Innovation, Fördernummer 543.

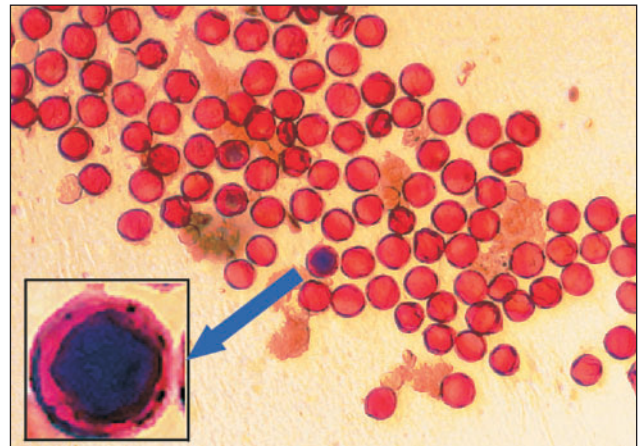


Abb. 1: Unterscheidung transgener und nicht-transgener Rebpollen nach GUS-Test

Fig. 1: GUS-detection in transgenic pollen on pollen trap

Abstract:

In order to monitor the rate of outcrossing pollen of transgenic grapevine plants cv. 'Dornfelder' transformed with a β -glucuronidase-gene were collected by pollen traps placed in radial distances of 5, 10, 20 and 50 m to the transgenic 'Dornfelder'-grapevines. The collected pollen on folio were embedded in safranin-gelatine after GUS-assay. The transgenic pollen can be evaluated after positive GUS-assay under the light microscopy.

For determination of a possible out-crossing seed samples of grapevines located at a distance of 5 and 10 m were collected and checked by GUS-monitoring.

Grants: Stiftung Rheinland-Pfalz für Innovation, No. 543.

(BAZ-5144)

3.6 Optimierte binäre Vektoren für die Herstellung transgener Pflanzen ohne unerwünschte Sequenzen

Optimized binary vectors for the generation of transgenic plants without undesired sequences

Hausmann, L.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

In der Pflanzenzüchtung werden durch die Anwendung gentechnischer Methoden neue Möglichkeiten zur Verbesserung und Erweiterung des Nutzungspotenzials der Kulturpflanzen erwartet. Besonders vielversprechend sind die Techniken zur Herstellung transgener Pflanzen, weil dadurch Gene über Kreuzungsbarrieren hinweg übertragen und somit bisher nicht nutzbare genetische Ressourcen erschlossen werden können. Allerdings werden beim herkömmlichen Gentransfer neben dem zu übertragenden Gen auch DNA-Abschnitte mit übertragen, z. B. aus technischen Gründen Selektionsmarkergene oder gelegentlich Sequenzabschnitte jenseits der linken Bordersequenz, die später in der regenerierten Pflanze nicht mehr benötigt werden bzw. unerwünscht sind. Um markergenfreie Pflanzen ohne diese unnötigen DNA-Sequenzen zu erhalten, kann die Methode der Kotransformation angewandt werden. Ziel ist daher, binäre Vektoren zu entwickeln, die die zeitgemäßen Anforderungen der Biosicherheit berücksichtigen. Hierfür sollen binäre Vektoren auf die absolut notwendigen funktionellen genetischen Sequenzabschnitte verkleinert, geeignete Kotransformationsvektoren sowie Vektoren mit einer präziser terminierenden linken Border für die *Agrobacterium*-vermittelte Transformation entwickelt werden.

In plant breeding it is expected that the application of gene technology will result in new opportunities for improving and extending the utilization potential of cultivated plants. Especially techniques to produce transgenic plants are promising. They allow the transfer of genes between species which naturally do not exchange genetic material. Therefore, genetic resources not exploitable so far could now be used. However, using standard techniques of gene transfer additional DNA sequences are co-transferred together with the gene of interest, e. g. a marker gene for technical reason and sometimes sequences beyond the left border sequence. In the regenerated plant this marker gene is not necessary and undesired. To generate marker-free transgenic plants without undesired sequences the method of co-transformation can be used. Therefore, the project is

aimed at the development of vectors under consideration of biosafety requirements. This means to reduce the size of the vectors and to use only essential and functional genetic elements for the assembly of the new binary vectors, to develop vectors for co-transformation and binary vectors with a more precise terminating left border for the *Agrobacterium* mediated transformation.

Ergebnisse:

Die Größe des binären Grundvektors pLHBA konnte um etwa die Hälfte auf 3,5 kb reduziert werden, indem die für die unmittelbare Funktion des Vektors nicht unbedingt notwendigen genetischen Elemente eliminiert wurden. So wurden die Reste des 3'-Endes des Ornithin-Cyclodesaminasegens und die *bom*-Region (*basis of mobilization*) des ColE1-Ursprungs deletiert. Letzteres bedeutet, dass der neue Vektor nicht mehr durch natürliche Konjugation auf andere Bakterien übertragen werden kann. Der größte deletierte Sequenzbereich ist die Region mit den *trans*-aktiven Genen des pVS1-Ursprungs, die für die stabile Vererbung des Vektors in *Agrobacterium* verantwortlich sind. Dieser etwa 3 kb große Bereich soll in den genetischen Hintergrund von *Agrobacterium* verlagert werden. Mit den bereits fertigen Vektoren (Kotransformationsvektor bzw. Vektoren mit einer, zwei bzw. vier linken Bordersequenzen) wurde in mehreren Wiederholungen die Modellpflanze *Arabidopsis* transformiert. Die transgenen Pflanzen werden nun mittels PCR-Analysen auf die Größe und Integrationsorte der T-DNAs untersucht.

Projektförderung: Bundesministerium für Bildung und Forschung.

Abstract:

The basic binary vector pLHBA was reduced to about half of the size (3,5 kb) deleting all superfluous genetic elements. The largest fragment removed is a part of the pVS1 origin of replication encoding *trans* active genes responsible for the stable maintenance of the vector. This 3 kb fragment will now be transferred into the genetic background of *Agrobacterium*. Since the *bom* (*basis of mobilization*) site of the ColE1 origin of replication was also removed, the new vector is not mobilizable any more. The previously constructed vectors (a co-transformation vector and vectors with one, two or four left border sequences) were used to transform the model plant *Arabidopsis*. Transgenic plants are currently analyzed using PCR to investigate the size and loci of the integrated T-DNAs.

Grants: Bundesministerium für Bildung und Forschung.

In Zusammenarbeit mit: BBA Braunschweig, Schiemann, J.; MPI für Züchtungsforschung Köln, Steinbiß, H. H., Sohn, A.; Universität Rostock, Broer, I., Neumann, K.; Bayerische Landesanstalt, Freising-Weihenstephan, Reichmann, M.; Fraunhofer-Institut für Umweltchemie und Ökotoxikologie, Schmallenberg, Frank, W.; IPK, Gatersleben, Puchta, H.; Bioplant, Ebstorf, Tacke, E.; Planta,

Einbeck, Kraus, J.; SunGene, Gatersleben, Sonnewald, U., Herbers, K.

(BAZ 5140)

3.7 Einsatz der DNA-Array-Technologie zur Identifizierung von Stoffwechsellengpässen in Rapspflanzen mit veränderter Speicherlipidzusammensetzung

Use of DNA Array technology to identify metabolic bottlenecks in rapeseed with modified storage lipids

Hausmann, L.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Im Hinblick auf die züchterische Verbesserung qualitativer und quantitativer Merkmale von Sorten ist es wichtig zu wissen, welche genetischen Faktoren begrenzend wirken. Um die Kausalzusammenhänge über die Genaktivität im komplexen Netzwerk von Stoffwechselwegen einer Pflanze und dem jeweiligen Phänotyp aufzudecken, eignet sich besonders die DNA-Array-Technologie. Diese Methode ermöglicht die gleichzeitige Analyse der Genexpression einer Vielzahl von Genen in unterschiedlichsten Geweben verschiedener Pflanzen. Die Ergebnisse liefern daher Informationen zur Korrelation von Merkmalen und Genaktivitäten. Als Teil eines Verbundvorhabens sollen innerhalb dieses Teilprojekts ein DNA-Array hergestellt und an ausgewählten Rapspflanzen die genetischen Ursachen von Stoffwechsellengpässen im Lipidmetabolismus analysiert werden.

To improve qualitative and quantitative traits of cultivars by breeding it is important to know the limiting genetic factors. The DNA array technology is especially suitable to analyze the causal relation of gene activities within the complex net of pathways of an individual plant and its phenotype. This method allows the simultaneous analysis of the expression level of many genes in various tissues of different plants. The results provide therefore directly information about the correlation of traits and gene activities. Within this project, that is part of a larger framework, a DNA array should be produced and selected rapeseed plants analyzed regarding the genetic causality of bottlenecks in the lipid metabolism.

Ergebnisse:

Voraussetzung für das Expressions-Profiling ist ein DNA-Array, eine Membran mit möglichst vielen unterschiedlichen, idealerweise von ihrer Sequenz her bekannten DNAs in gerasterter Form. Zur Bereitstellung von cDNAs für diesen DNA-Array wurden im Berichtsjahr noch weitere ca. 3.800 Klone aus reifenden Rapssamen der Sorte 'Express' vom 5'-Ende ansequenziert, so dass insgesamt 7.609 Sequenzen zur Verfügung standen. Diese wurden zunächst von anhängenden Vektorsequenzen, Poly(A)-Schwänzen und Bereichen von schlechter Sequenzqualität befreit und

danach alle ESTs, die länger als 150 bp waren, einer bioinformatischen Identifikations- und Redundanzanalyse unterzogen (Software: SeqMan, BLASTX2 und estsweep). Da im Rapsgenom viele Gene durch eine Genfamilie kodiert werden, wurden auch verschiedene Mitglieder einer Genfamilie zugelassen, so dass letztlich eine Unigene-EST-Kollektion von 5.280 Klonen resultierte (in einer MS-Access-Datenbank archiviert). Bezogen auf die Speicherlipidbiosynthese sind 19 von etwa 26 Genen der wichtigsten Enzyme in der EST-Kollektion vertreten, die zudem noch meist ein vollständiges Leseraster aufweisen. Dieser hohe Anteil zeigt, dass die EST-Kollektion zwar nicht vollständig, jedoch eine hinreichende Größe bzw. Repräsentanz für Expressions-Profiling-Experimente auf der Basis von DNA-Arrays aufweist. Von den 5.280 Klonen der EST-Kollektion wurde zusammen mit weiteren 85 Kontrollklonen ein DNA-Array hergestellt, der nun für Expressions-Profiling-Experimente zur Verfügung steht.

Projektförderung: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe.

Abstract:

For the generation of a unigene DNA array the EST sequencing of cDNA clones was continued resulting in an overall number of 7.609 sequences. Vector sequences, poly(A) tails and low quality sequences were removed from the whole set of 7.609 ESTs followed by bioinformatical identification and redundancy analysis. In the end, a unigene set of 5.280 ESTs was obtained including also different members of gene families which are typical for the rapeseed genome. Regarding the storage lipid biosynthesis 19 of about 26 genes of the most important enzymes of this pathway are present in the EST collection. This high rate shows that the EST collection is according to its size and representativity suitable for expression profiling experiments based on DNA arrays. Therefore, this EST collection together with additional 85 control clones was used to produce a DNA array which is now available for expression profiling experiments.

Grants: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe.

In Zusammenarbeit mit: Universität Giessen, Friedt, W., Lühs, W.; BAZ Groß Lüsewitz, Sonntag, K.; Universität Hamburg, Heinz, E.; RWTH Aachen, Frentzen, M., Weier, D.; NPZ Hohenlieth, Leckband, G.; DSV Lippstadt, Oertel.

(BAZ-5141)

3.8 Isolierung und Charakterisierung von Genen der Wachsesterbiosynthese

Isolation and characterization of genes of the biosynthesis of wax esters

Hausmann, L.; Diefenbach, J.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Weinbeeren bestimmter Sorten zeichnen sich durch eine wasserabstoßende dicke Wachsschicht auf ihrer Oberfläche aus. Diese Wachsschicht wird durch die epidermalen Zellen aufgebaut und besteht aus einer Reihe verschiedener hydrophober Komponenten, darunter Fettalkohole, Fettaldehyde, Fettsäuren und Wachsester. Sehr ähnliche Wachsester sind auch als wesentliche Bestandteile des hochwertigen Jojobaöls bekannt. Ziel des Projektes ist es deshalb, die Gene der Oberflächenwachsestersynthese aus der Weinrebe zu isolieren und für eine samenspezifische Expression in Raps bereitzustellen, um in den Samen Wachsester zu synthetisieren.

Grape berries of certain cultivars show a thick water repellent wax layer on their surface. Epidermal cells produce this waxy layer that consists of various hydrophobic compounds among them are fatty alcohols, fatty aldehydes, fatty acids and wax esters. Very similar wax esters are the main compounds of the seed oil of jojoba. Therefore, the aim of the project is to isolate the genes of the biosynthesis of the surface wax esters from grapevine. These genes should then be prepared for seed-specific expression in rapeseed to synthesize wax esters in the seeds.

Ergebnisse:

Für die Etablierung von wachsesterproduzierenden Pflanzen wurden zunächst die bekannten Gene aus Jojoba (Wachssynthase, ScWS; Acyl-CoA-Reduktase, ScACR) als genomische Klone unter Kontrolle eines samenspezifischen Promotors kloniert und Genkonstrukte mit jeweils einem Gen (ScACR, ScWS) und ein Doppelkonstrukt mit beiden Genen (ScACR-ScWS) angefertigt. Mit diesen drei Konstrukten wurden erucasäurereiche Rapspflanzen transformiert (K. Sonntag, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz). Nach Vernalisierung und Aufzucht der Pflanzen wurden exemplarisch durch PCR-Analysen die Strukturgene (ScACR bzw. ScWS) sowie durch RT-PCR-Analysen die Transkripte nachgewiesen. Jedoch konnte weder in den untersuchten ScWS- noch in den ScACR-ScWS-Rapslinien nach gaschromatografischer Halbkornanalyse Wachsester im Samenöl gefunden werden. Parallel wurden aus *Vitis vinifera* cv. 'Regent' zu ACN und WS homologe Gene isoliert. Während der genomische Ansatz bei der VvACR aufgrund langer Introns nur zu einem ca. 10 kb großen Teilfragment führte (VvACR-1), gelang durch die Kombination von RT-PCR und „Genome-Walking“ die Klonierung einer vollständigen cDNA (VvACR-2). Beide Sequenzen unterscheiden sich deutlich voneinander, so dass von mindestens zwei Genen im Rebgenom ausgegangen werden kann, was durch eine Southern-Blot-Analyse unterstützt wird. Bei der WS wurden

drei Gene isoliert (VvWS-1, VvWS-2, VvWS-3), wobei sich VvWS-1 und VvWS-2 sehr ähnlich sind. Die VvWS-2- und VvWS-3-Gene liegen im Abstand von ca. 1,9 kb hintereinander auf demselben Chromosomabschnitt. Beide für die Wachssynthese benötigten Gene werden also wahrscheinlich bei der Rebe durch eine kleine Genfamilie kodiert.

Projektförderung: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe

Abstract:

The two known genes acyl-CoA reductase (ScACR) and wax synthase (ScWS) from jojoba were cloned under a seed-specific promoter and subsequently transformed as single and double constructs into rapeseed to generate wax ester producing plants. After vernalization and cultivation the integration events and the transcripts of the new genes were shown for some selected plants using PCR technique. However, in no transgenic plant analyzed gaschromatographically wax esters could be detected. In parallel, three complete VvWS genes, a truncated VvACR homologous gene and complete VvACR homologous cDNA have been isolated from *Vitis vinifera* (Vv) cv. 'Regent'. The VvWS as well as the VvACR sequences differ significantly. Therefore, both genes are probably encoded by a small gene family which was confirmed for the VvACR gene using southern blot technique.

Grants: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Sonntag, K.

(BAZ-5142)

4. Qualitätsforschung

Quality research

4.1 Die Bestimmung von Werteeigenschaften bei Rebsorten: Beerenreife

Evaluation of valuable characters of grapevine varieties: berry ripening

Düring, H.

Zielsetzung/Aim:

Beginn und Dauer qualitätsbildender Entwicklungsprozesse in Weinbeeren sind klima- und sortenabhängig. Zur Beantwortung der Frage, ob neue Sorten unter den gegebenen klimatischen Bedingungen ausreichend hohe Most- und Weinqualitäten zu liefern vermögen, werden phänologische Analysen des Blühzeitpunktes, des Beginns der Beerenreife sowie der Geschwindigkeit der Zuckereinlagerung und des Säureabbaus durchgeführt.

The variety-specific onset and duration of developmental processes in grape berries determine must and wine quality. Whether new varieties are able to produce high must

and wine quality under certain climatic conditions strongly depends therefore on phenological data, e.g. date of flowering, onset of ripening, velocity of sugar accumulation and degradation of acidity in berries.

Ergebnisse:

Im Jahre 2003 wurde auf Grund der besonders warmen Witterung der Blütezeitpunkt (Vollblüte) bei 12 Sorten zwischen dem 4. und 7. Juni festgestellt, er lag damit mehr als 14 d vor dem langjährigen Mittel. Der Zeitraum Blüte - Reifebeginn (25 °Oechsle) lag bei den pilzresistenten Neuzuchten zwischen 34 und 44 d (langjähriges Mittel 52 d), während 'Riesling' bei 60 d, 'Spätburgunder' und 'Domina' bei 55 d und 'Müller-Thurgau' bei 48 d lagen. Die Dauer der Zuckereinlagerung (25-65 °Oechsle) variierte zwischen 14 d ('Riesling') und 30 d ('Gf. 84-21-9'), war also im Vergleich zum langjährigen Mittel ('Riesling' 27 d, 'Regent' 25 d) deutlich verkürzt. Die Dauer der Säureabnahme (Säuremaximum minus 20 ‰) differierte zwischen 14 d ('Domina', 'Phoenix') und 26 d ('Gf. 84-27-285'), selbst 'Riesling' benötigte nur 25 d (Vorjahr 54 d).

Abstract:

In 2003, due to the unusual warm weather full bloom of 12 varieties was observed between June, 4 and 7; thus bloom was almost 14 d earlier than the long-term average. For the fungus resistant varieties, the duration bloom - onset of ripening (25 °Oechsle) was between 34 and 44 d (long-term average 52 d), while 'Riesling' needed 60 d, 'Spätburgunder' and 'Domina' 55 d and 'Müller-Thurgau' 48 d. The duration of sugar accumulation (25-65 °Oechsle) varied between 14 d ('Riesling') and 30 d ('Gf. 84-21-9'), i.e. was distinctly shorter than the long-term average ('Riesling' 27 d, 'Regent' 25 d). The duration of acidity to decline by 20 ‰ starting from the maximum differed between 14 d ('Domina', 'Phoenix') and 26 d ('Gf. 84-27-285'), even 'Riesling' needed only 25 d (previous year 54 d).

(BAZ-5107)

4.2 Untersuchungen über die Aromastoffe des Mostes und Weines: terpenoide Verbindungen, Sortencharakterisierung

Investigations on aroma compounds of must and wine: terpene compounds, varietal characterization

Eibach, R.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Im Rahmen der Entwicklung von molekularen Markern für züchterisch relevante Eigenschaften (Weinqualität, sortencharakteristische Aromastoffe) wird die Aromazusammensetzung von Einzelpflanzen aus Kreuzungspopulationen bei einem Reifegrad zwischen 65 und 75 °Oechsle untersucht. In Kombination mit der parallel erstellten genetischen Karte dieser Population (s. BAZ-5115) sollen mole-

kulare Marker für qualitätsbeeinflussende Aromakomponenten entwickelt werden.

Within the frame of development of molecular markers for relevant characters (wine quality, variety-specific aroma compounds) aroma compounds of single plants from crossing populations were analysed at a certain stage of ripening (65-75 °Oechsle). Combined with the genetic map established from this population molecular markers for quality-related aroma compounds will be developed.

Ergebnisse:

Die Untersuchungen zur Ermittlung des Aromaprofils in der Kreuzungsnachkommenschaft von 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' wurden fortgesetzt. Die Auswertung der gaschromatographischen Untersuchungen konzentrierte sich im engeren Sinne auf die besonders geruchs- und geschmacksprägenden Monoterpene und im weiteren Sinne auf weitere ca. 120 Komponenten, die über die Untersuchungsjahre weitestgehend reproduzierbar in den beiden Elternsorten detektiert werden konnten (vorwiegend im muskatbetonten Muttergenotyp 'Gf.Ga-47-42'). Für die identifizierten Monoterpene Linalool, α -Terpineol+ Terpendiol I, Geraniol, Hotrienol, cis-f-Linalooloxid, cis-p-Linalooloxid und Terpendiol II konnten basierend auf der parallel erstellten genetischen Karte dieser Population (s. BAZ-5115) QTLs nachgewiesen werden. Für weitere ca. 30 Komponenten, die bisher noch nicht identifiziert sind, ergaben sich ebenfalls signifikante QTLs. Die Bestimmung dieser Komponenten mittels GC/MS in Zusammenarbeit mit dem Institut für Pflanzenanalytik in Quedlinburg ist noch nicht abgeschlossen. Interessant ist der Befund, dass sich die ermittelten QTLs fast ausschließlich auf zwei Kopplungsgruppen konzentrieren, ein Hinweis, dass die aromastoffrelevanten Gene offensichtlich auf sehr wenigen Chromosomen lokalisiert sind.

Abstract:

Gaschromatographical analysis in a progeny of the cross 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' was continued. Some of the monoterpenoid compounds, which are of special interest for the wine flavour, could be identified in the female variety 'Gf.Ga-47-42' but not in the male variety 'Villard blanc'. Based on the genetic map, which was established in parallel, QTLs for the monoterpene compounds Linalool, α -Terpineol + Terpendiol I, Geraniol, Hotrienol, cis-f-Linalooloxid, cis-p-Linalooloxid and Terpendiol II could be identified. For around 30 further flavour compounds not yet identified QTLs could be also detected. Mostly all QTLs identified were located on two linkage groups indicating that the genes relevant for the formation of aroma compounds are located on a very few chromosomes.

In Zusammenarbeit mit: BAZ-Institut für Pflanzenanalytik in Quedlinburg

(BAZ-5123)

5. Züchtung Breeding

5.1 Züchtung von Reben mit hoher Resistenz gegen pilzliche Krankheiten (Plasmopara, Uncinula, Botrytis) und hoher Qualitätsleistung Breeding of vines resistant to fungus diseases (Plasmopara, Uncinula, Botrytis) with high quality Eibach, R.

Zielsetzung/Aim:

Die Entwicklung neuer Rebsorten mit vollständiger oder weitgehender Resistenz, vor allem gegenüber den weinbaulich wichtigsten Mehltaufrankheiten und dem Grauschimmel, führt zu einer wesentlichen Verminderung des Pflanzenschutzmittelaufwandes und eröffnet die Möglichkeit eines umweltschonenden Weinbaus. Zur Steigerung der Züchtungseffizienz werden die im Rahmen der Züchtungsforschung erarbeiteten Methoden und Verfahren in die Züchtung integriert. Neue aussichtsreiche Rebsorten werden in Zusammenarbeit mit dem Bundessortenamt (Sortenschutz, Sortenliste) in der Weinbaupraxis auf ihre Anbaueignung überprüft.

The development of new grapevine varieties with a high degree of resistance to viticulturally important fungal diseases (Plasmopara, Oidium, Botrytis) considerably reduces plant protection measures and thus contributes to an environmentally friendly viticulture. To improve breeding efficiency, new methods are elaborated and incorporated into the breeding process. Newly developed promising grapevine varieties are officially tested in cooperation with the Federal Variety Office (plant protection, variety list) and in practical viticulture for their suitability.

Ergebnisse:

Im Berichtsjahr wurden insgesamt 62 Kreuzungskombinationen durchgeführt. 54 Kreuzungen führten zu einem Samenansatz und ergaben eine Ernte von insgesamt ca. 40.000 Samen. Die verwendeten Elternsorten umfassen vorwiegend eigene Zuchtsorten sowie Genotypen, die im Rahmen der Evaluierungsarbeiten in der am Institut vorhandenen Rebsortensammlung selektiert wurden (s. BAZ-5105, BAZ-5106). Besonders die Kreuzungskombinationen mit dem eigenen Zuchtstamm 'Gf.Ga-52-42' als Muttersorte waren in der Summe mit ca. 12.000 Samen sehr erfolgreich.

Zur Vergrößerung der Kartierungspopulation 'Regent' x 'Lemberger' (s. BAZ-5115) wurde diese Kreuzung nochmals wiederholt und 233 Samen geerntet. Damit dürfte die Nachkommenschaft aus der Kreuzung dieser beiden Eltern auf etwa 500 Genotypen ansteigen.

Die im Berichtsjahr angezogenen Sämlinge wurden unter entsprechenden Infektionsbedingungen auf ihre Mehltau-Resistenzeigenschaften selektiert. Etwa 1500 Sämlinge

zeigten keinen bzw. geringen Befall und werden im Folgejahr zur weiteren Prüfung im Freiland ausgepflanzt.

Aus den Kreuzungen der Vorjahre wurden nach entsprechender Vorselektion auf Uncinula- bzw. Plasmopararesistenz ca. 2000 Sämlinge auf dem Geilweilerhof ausgepflanzt. Aus den vorhandenen Sämlingsquartieren, in denen im Berichtsjahr keine Pflanzenschutzmaßnahmen durchgeführt wurden, wurden 65 Auslesestöcke mit guter Mehltauresistenz und positiven weinbaulichen Eigenschaften für die weitere Prüfung ausgelesen. Unter Berücksichtigung der Resistenzeigenschaften, der Leistungsdaten und weiterer wertbestimmender Eigenschaften wurden 13 neue Zuchtstämme in die Vorprüfung übernommen. Nach Einstellung der Kreuzungszüchtung an der SLVA Oppenheim, Außenstelle Alzey, wurde das dort vorhandene Zuchtmaterial weitgehend übernommen und am Geilweilerhof aufgepflanzt. Dabei handelt es sich um 89 Vorprüfungszuchtstämme und ca. 500 Sämlinge aus 20 verschiedenen Kreuzungskombinationen. Auch an der Forschungsanstalt Geisenheim wurde die Kreuzungszüchtung für Keltertraubensorten eingestellt und nach entsprechender Absprache die aus den dortigen Kreuzungen des Jahres 2002 gewonnenen ca. 10.000 Samen aus 32 Kreuzungskombinationen zum Geilweilerhof überführt und hier angezogen. Für drei beim Bundessortenamt angemeldete Zuchtstämme (1 x rot, 2 x weiß) wurde die eingeleitete Anbaueignungsprüfung in Zusammenarbeit mit der weinbaulichen Praxis fortgeführt. Zwischenzeitlich wurden für jeweils einen weißen und einen roten Zuchtstamm ca. 10 Anbaueignungsversuche gepflanzt, die in den kommenden Jahren für die vergleichende Sortenprüfung herangezogen werden können.

Die Prüfung der Frostresistenz an besonders aussichtsreichem Zuchtmaterial wurden im Rahmen der bilateralen Kooperation mit der Bayerischen Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau (LWG) am Prüfstandort der LWG fortgesetzt. Die an diesem Standort höhere Wahrscheinlichkeit von extremen Wintertemperaturen erlauben eine Bewertung des Zuchtmaterials hinsichtlich der Toleranz gegenüber Winterfrost.

In einem weiteren gemeinsamen Projekt mit der LWG sollen molekulare Marker zur Diagnose der Pilzkrankheit Roter Brenner (*Pseudopeziza tracheiphila*) entwickelt werden. Der Aufbau einer entsprechenden Sämlingspopulation mit ca. 150 Genotypen aus der Kreuzung 'CsFT 194' (resistent) x 'Seibel 5450' (anfällig), die eine genetische Aufspaltung der Resistenz gegenüber Roter Brenner erwarten lässt, ist inzwischen weitgehend erfolgt. Die Erfassung der Schadsymptome unter natürlichen Befallsbedingungen soll in der Vegetationsperiode 2004 beginnen.

Die Überprüfung der Reblausresistenz in der für dieses Merkmal spaltenden Sämlingspopulation aus der Kreuzung 'Gf.V3125' (anfällig) x 'Börner' (resistent) wurde fortgesetzt und auf weitere aus der gleichen Kreuzungs-

kombination hervorgegangene und zwischenzeitlich angezogene Genotypen ausgedehnt. Parallel zu diesem Resistenz-Screening wurde die Erstellung einer genetischen Karte für diese Kreuzungspopulation weiter verfolgt (s. BAZ-5115). Zielsetzung ist dabei die Entwicklung geeigneter Resistenzmarker.

Der vom Forschungsring des Deutschen Weinbaus (FDW) organisierte IV. Ringversuch mit pilzwiderstandsfähigen Neuzuchten wurde im Berichtsjahr am Geilweilerhof und an sieben weiteren Standorten bei den mit Weinbau befassen Einrichtungen der Bundesländer gepflanzt.



Abb. 1: Neuer Zuchtstamm Gf.84-21-9 ('Sirius' x 'Vidal blanc') mit guter Resistenz gegenüber echtem und falschem Mehltau

Fig. 1: New breeding line Gf.84-21-9 ('Sirius' x 'Vidal blanc') with good resistance characteristics against powdery and downy mildew

Abstract:

Emphasis is placed upon the improvement of resistant vines, combined with high wine quality and high performance characteristics. The breeding features aim at a reduction of plant protection measures, to increase quality and yield constancy and to contribute to environmentally friendly viticulture.

About 40.000 seeds were harvested from 62 crossing combinations. Most of the selected parental varieties derive either from the own breeding program or are selected from the existing and evaluated outdoor collection which has been proven to be a very important source. With about 12.000 seeds the crossing combinations with the breeding line 'Gf.Ga-52-42' as male were most successful. The existing seedlings were screened for mildew resistance and about 1500 proved to have sufficient resistance. Based on the mildew screening results of the previous year about 2000 seedlings were planted in outdoor field trials. From the seedling block which were kept unsprayed, 65 seedlings with high or medium to high mildew resistance characteristics and positive viticultural traits were selected and propagated for further tests. According to the performance and resistance characteristics evaluated over several years 13 breeding lines were propagated and subsequently planted for further tests. The breeding material from the

two state institutions Geisenheim and SLVA Oppenheim (Alzey station) which have given up the activities in cross breeding for wine cultivars, was transferred to the Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof (~10.000 seeds, ~500 seedlings, 89 breeding lines in total).

In cooperation with the „Bayerische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau' a population which is supposed to segregate for the resistance against *Pseudopeziza tracheiphila* was established in order to screen the segregation of this characteristic for developing suitable molecular markers.

The evaluation of a progeny segregating for phylloxera resistance on roots was continued and extended to further genotypes derived from the same cross. In parallel, construction of a genetic map for this population was continued in order to identify molecular markers for phylloxera resistance.

For three breeding strains (one red variety, two white varieties) for which varietal protection was applied the establishment of suitability test trials was continued in co-operation with different state institutions and private growers.

In Zusammenarbeit mit den Staatlichen Kreuzungszüchtern Alzey, Oppenheim, Freiburg, Geisenheim, Weinsberg und Würzburg.

(BAZ-5101)

5.2 Die Erhaltungszüchtung neuer Rebsorten Maintenance breeding of vine varieties

Eibach, R.; Harst, M.

Zielsetzung/Aim:

Nach visueller Vorselektion werden ausgewählte Einzelstöcke von Klonen pilzresistenter Neuzüchtungen phytosanitären Tests vor allem gegenüber Viruskrankheiten unterworfen. Pflanzen, die sich als frei von Pathogenen erweisen, werden für den Aufbau entsprechender Vermehrungsanlagen genutzt. Die parallele *in vitro*-Überführung gewährleistet, dass eine Virus-Reinfektion ausgeschlossen ist und im Bedarfsfall eine rasche Vermehrung gesunden Pflanzguts möglich ist. Der Schwerpunkt der Aktivitäten liegt derzeit bei der zwischenzeitlich in der Praxis eingeführten Neuzüchtung 'Regent' sowie drei weiteren Zuchtstämmen, die zum Sortenschutz angemeldet wurden.

Visual pre-selected individual clones of fungus-resistant new varieties are subjected to phytosanitary tests mainly for virus diseases. Plants which prove to be pathogen-free, are used for establishing propagation plots. In parallel these clones were transferred *in vitro* which excludes a re-infection and enables a rapid propagation of healthy plant material in case of necessity. Activities are focused on the newbred 'Regent', which is in the meantime highly accept-

ed by growers and further on three new breeding lines, which are applied for variety protection.

Ergebnisse:

Die aus der Resistenzzüchtung des Instituts hervorgegangene Rebsorte 'Regent' zählt derzeit in Deutschland zu den am meisten nachgefragten und neu gepflanzten Rebsorten. Die Anbaufläche hat sich in den beiden vergangenen Jahren etwa verdoppelt und beträgt derzeit ca. 1300 ha.

Züchterisch selektioniert und von den entsprechenden Ankerungsstellen der Länder anerkannt wurden 101 'Regent'-Vermehrungsflächen mit einer Fläche von insgesamt ca. 24,5 ha. Damit stieg die Vermehrungsfläche gegenüber dem Vorjahreszeitraum um ca. 20 %. Vor der Ernte der Edelreiser wurde in den Vermehrungsanlagen das Schnittholz der auf Grund der visuellen Selektion negativ markierten Stöcke entfernt und vernichtet. Damit ist eine wesentliche Vermehrung dieser Einzelpflanzen ausgeschlossen und ein hoher phytosanitärer Status des Vermehrungsmaterials gewährleistet. Der Aufbau virusgetesteter Vermehrungsanlagen entsprechend den gesetzlichen Anforderungen wurde mit großem Nachdruck weiter verfolgt und im Berichtsjahr steht erstmals in größerem Umfang Vermehrungsmaterial aus virusgetesteten Basisvermehrungsanlagen für den Aufbau entsprechender zertifizierter Vermehrungsanlagen zur Verfügung.

Die Prüfung von selektionierten Einzelpflanzen pilzresistenter Neuzüchtungen des Instituts wurde fortgesetzt. Für den Aufbau von virusgetestetem Vermehrungsmaterial von drei für den Sortenschutz angemeldeten Neuzüchtungen wurden die nach den gesetzlichen Grundlagen vorgeschriebenen Virustests eingeleitet. Parallel wurden diese Einzelpflanzen vegetativ vermehrt und die erzeugten Pfropfreben auf Gelände ausgepflanzt, das frei ist von Nematoden, die zu den Vektoren für die zum Komplex der Reiskrankheit gehörenden Viren zählen. Ebenfalls parallel werden Vermehrungen der Einzelstöcke unter pathogenfreien Bedingungen *in vitro* erhalten. Damit soll im Bedarfsfall eine rasche *in vitro*-Vermehrung von phytosanitär hochwertigem Material für den Aufbau von Vermehrungsanlagen ermöglicht werden.

Abstract:

At the moment the variety 'Regent', which is derived from the resistance breeding program at Geilweilerhof, is one of the most planted cultivars in Germany. The acreage of 'Regent'-plantings in 2003 is around 1.300 ha, which means roughly a doubling within two years. About 24,5 ha of propagation plots are certified by the individual state authorities. In the meantime a considerable amount of virus-tested base material is available and can be used for the establishing of virus-tested certified mother plots.

Other new fungus resistant varieties of our maintenance breeding program are subjected to tests concerning health and performance. Phytosanitary tested single plants of in-

teresting breeding strains were transferred *in vitro* in order to keep them pathogen-free and to allow a rapid propagation in the case of need.

(BAZ-5102)

6. Genetische Ressourcen Genetic resources

6.1 Die Erhaltung der genetischen Ressourcen der Rebe

Maintenance of genetic resources of grapevines

Eibach, R.; Maul, E; Harst, M.; Jung, A.

Zielsetzung/Aim:

Die weltweite Erfassung der Weinbauinstitute, die ein Rebsortiment unterhalten, wurde fortgeführt. Angaben bezüglich geographischer Lage, Klimadaten und Zusammensetzung des Rebsortimentes werden erfasst. Die Datenbank der Rebe mit FAO/IPGRI-Passportdeskriptordaten von 19.900 Rebarten, -sorten und Zuchtstämmen aus mehr als 100 Rebsortimenten wurde fortlaufend aktualisiert und erweitert. Eine online-Version der Datenbank wurde in Zusammenarbeit mit der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information/Institut für Biologische Vielfalt (ZADI/IBV) als „*Vitis* International Variety Catalogue“ über das Internet zugänglich gemacht (<http://www.genres.de/idb/vitis>). Der fortlaufende Ausbau des Rebsortiments berücksichtigt vor allem Genotypen mit züchterisch wertvollen Eigenschaften und alte bedrohte Rebsorten. Wertvolle Sorten bzw. Zuchtstämme werden ergänzend *in vitro* erhalten.

Die wissenschaftlichen Untersuchungen zur Identifizierung, Sicherung und Erhaltung der genetischen Vielfalt in mittlerweile acht historischen Weinbergen bei Heidelberg wurden fortgeführt. Ziel ist es, die genetische Basis alter traditioneller Rebsorten zu erweitern, insbesondere von heute nur noch in Rebsortimenten in kleinsten Stückzahlen überlebenden Landrebsorten. Nur durch die Erhaltung der intravarietalen Vielfalt kann es gelingen, robuste Genotypen mit hohen Qualitätseigenschaften herauszufinden und diese für Züchtung und Praxis nutzbar zu machen.

Compilation of viticultural institutes (worldwide) with grapevine collections is continued. Furthermore, addresses, geographic sites, climatic data and composition of the grapevine collections are specified. The grapevine database at our Institute comprises the FAO/IPGRI-passport descriptor data of 19.900 varieties. It is continuously updated. The online retrievable version, the „*Vitis* International Variety Catalogue“ was elaborated together with the Centre for Agricultural Documentation and Information/Institute for Biological Diversity (ZADI/IBV) and is available via Internet (<http://www.genres.de/idb/vitis>). A further extension of the grapevine collection considers all

genotypes showing important breeding characteristics and old endangered varieties. In parallel, important cultivars or strains are maintained *in vitro*.

The research on identification, safeguarding and maintenance of the genetic diversity in eight historical vineyards was continued. The main goal is to enrich the genetic base of old traditional varieties, especially those only surviving in grapevine collections in a small number of plants. Only the conservation of the whole range of intravarietal diversity permits to select robust genotypes of high quality which can be used for breeding purposes.

Ergebnisse:

Die Datenbank der Rebe umfasst derzeit 19.900 verschiedene Rebart-, -sorten und Zuchtstämme, die mit den FAO/IPGRI-Multi-Crop-Passportdeskriptordaten versehen sind. Neben den üblichen Aktualisierungen wurde mit der Eingabe detaillierter Abstammungen fortgefahren, um zukünftig Stammbäume elektronisch reproduzieren zu können und die genetische Breite der heutigen Kultursorten und Neuzüchtungen zu eruieren. In Zusammenarbeit mit ZADI/IGR wurden die Passport-Daten und sortenbeschreibenden Merkmalsdaten (Morphologie, Widerstandsfähigkeit gegenüber Pilzkrankheiten) und Abbildungen (Triebspitze, Blattober- und Blattunterseite und Traube) recherchierbar über Internet zugänglich gemacht (<http://www.genres.de/idb/vitis>). Fortgesetzt wurde die Beschreibung der ca. 300 alten Landrebsorten. Neben der Erfassung der sortentypischen Merkmale (Deskriptoren) des Triebes (7), der Triebspitze (9), der Blätter (42), der Trauben (21) und der Beeren (15) werden zusätzliche züchterische Eigenschaften (6) bewertet, der genetische Fingerabdruck erstellt, die Weine ausgebaut (von 15 Akzessionen), ihre Qualität beurteilt und alte Literaturquellen aufgearbeitet.

Aufgrund der hohen Resonanz in den verschiedensten Medien wurden 4 weitere über hundertjährige Weinberge von der Heidelberger Bergstraße gemeldet, die mit einer Ausnahme durchweg wieder von der älteren Generation über 60 Jahre bewirtschaftet werden. Diese 4 neu entdeckten, noch wurzelecht bestockten Weinberge mit dem alten, gemischten Rebsatz wurden im Herbst 2003 auf ihre Sortenmischung hin untersucht. Insgesamt sind jetzt 8 alte, 80- bis über 200-jährige Weinberge rebsortenkundlich untersucht worden, wobei ein Weinberg bereits gerodet wurde. Zusammen wurden 3325 Rebstöcke auf ihre Sortenzugehörigkeit bestimmt. Mit über 60 Rebsorten weist dieses noch nicht flurbereinigte Gebiet eine einmalige Rebsortenvielfalt und Biodiversität auf, die in Deutschland wohl kein zweites Mal mehr vorkommen dürfte. Beachtenswert ist, dass die Rebsorte 'Blauer Elbling', eine nicht mehr im Anbau befindliche Landrebsorte „on farm“ mit 741 Rebstöcken in 7 Weinbergen überlebt hat und nach dem 'Riesling' die zweithäufigste Rebsorte im Gebiet darstellt. Diese Sorte war bislang nur in zwei wissenschaftlichen Reb-

sortimenten mit gerade 7 Rebstöcken erhalten worden. Es besteht also die einmalige und letztmalige Chance für eine nahezu verschwundene, für die Badische Bergstraße aber so typische Regionalsorte aus einem noch beträchtlichen Pool von Einzelpflanzen eine Zuchtauswahl zu treffen, um die noch vorhandene, durch somaklonale Mutationen entstandene und mindestens seit 300 Jahren akkumulierte innervarietale Diversität zu erhalten. Ähnliches gilt für eine Reihe weiterer Rebsorten wie 'Riesling', 'Weißer Elbling', 'Silvaner', 'Trollinger', 'Spätburgunder', 'Müller-Thurgau', 'Chardonnay', 'Auxerrois' und viele sehr selten gewordene, nicht mehr im Erwerbweinbau angebaute, uralte Rebsorten wie 'Heunisch', 'Putzscheere', 'Roter Elbling', rotblättriger 'Wildbacher', 'Ortlieber' und die nach den alten Heidelberger Seidengärten benannte 'Seidentraube', sowie die in Deutschland nicht mehr angebauten, aber in anderen Ländern populären Rebsorten 'Welschriesling', 'Roter Veltliner', 'Honigler' und 'Primitivo'. Die beiden Letztgenannten wurden erstmals in Deutschland nachgewiesen. Auch extrem seltene Rebsorten wie 'Weißer Veltliner', 'Orleans' oder 'Laska' oder die noch gänzlich unbekannteren Sorten dieser Weinberge gilt es unbedingt zu bewahren.

Die Erhaltung dieser sehr reichhaltigen genetischen Ressourcen gestaltet sich jedoch schwierig, da je nach Rebsorte und Weinberg eine unterschiedliche Verseuchung mit Rebviren festgestellt wurde, so dass das zu erhaltende Material vorselektiert und virusgetestet werden muss, bevor es in *ex situ*-Sammlungen erhalten werden kann. Es bedarf eines umfangreichen Such-, Rettungs-, Selektions- und Erhaltungsprogramms zur sofortigen, nachhaltigen Sicherung der letzten autochthonen rebgeneetischen Ressourcen in Deutschland, bevor die Weinberge durch den Generationswechsel brachfallen oder gerodet werden. Über 40 weitere alte Weinberge entlang den Mainschleifen in Franken und in Extremsteillagen an Rhein und Mosel müssten in dieses Programm miteinbezogen werden.

Die im Jahr 2000 begonnene Umstrukturierung des Sortimentes wurde fortgesetzt. Die Neupflanzung gemäß der Gruppierung nach Ursprungszüchter bzw. Herkunft ist für die Gruppe „interspezifische Rebsorten“ weitgehend abgeschlossen. Von der zahlenmäßig mit Abstand größten Gruppe der auf Albert Seibel zurückzuführenden Sorten wurden im Berichtsjahr ca. 200 bisher nicht vorhandene Genotypen aus Sortimenten in Frankreich und Spanien eingeführt und neu aufgepflanzt. Damit umfasst das Rebsortiment etwa 2900 Genotypen, davon ca. 1100 *V. vinifera*-Sorten und ca. 1800 Sorten aus sogenannten interspezifischen Kreuzungen sowie verschiedene *Vitis*-Arten.

Anlässlich des ECP/GR *Vitis*-Arbeitsgruppentreffens im Juni 2003 wurde die Anpassung der Sortimentsdateien an das 33 plus 4 Passportdeskriptoren umfassende FAO/IPGRI Multi-Crop-Passportdeskriptordaten-Format beschlossen. Dies ist Voraussetzung für die Einbringung der

Vitis-Passportdaten in den Europäischen Internet-Suchkatalog für Passportdaten aller Fruchtarten (EURISCO). Für die Akzessionen des IRZ wurde diese Anpassung vorgenommen.

Virustests an 106 Akzessionen alter Rebsorten in der Sammlung alter Rebsorten und an 144 Akzessionen der alten Weinberge ergaben einen Blattrollkrankheitsbefall im Rebsortiment von 41 %, während in den Heidelberger Weinbergen Reisigkrankheit (25 %), Arabismosaikvirus (19 %) und Himbeerringfleckenvirus (10 %) vorherrschte.

Im *in vitro*-Sortiment des IRZ werden unter normalen Wachstumsbedingungen (+25 °C, 14 h Licht bei 50 $\mu\text{mol m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$) derzeit 41 Akzessionen, pilzwiderstandsfähige Keltertraubensorten des eigenen Zuchtprogramms, aber auch verschiedene Wildarten, Unterlagssorten und traditionelle *Vitis vinifera*-Sorten, erhalten.

Abstract:

In the grapevine database 19.900 cultivars, breeding lines and *Vitis* species are registered and provided with the FAO/IPGRI multicrop-passport descriptor data. Passport data and cultivar-specific information (morphological and fungus resistance data) are available via Internet (<http://www.genres.de/idb/vitis>). To the grapevine field collection mainly fungus resistant and old autochthonous and endangered varieties were added. The description of old landraces is continued and includes the recording of the cultivar-specific characteristics of shoot, shoot-tip, leaves, bunches and berries, the evaluation of their breeding aptitudes, genetic fingerprints, wine production, the evaluation of the wine quality and literature studies. There is a continued search for ancient grapevine cultivars to maintain robust cultivars with high quality for breeding purposes. More than 60 different grapevine varieties have been found in the Heidelberg area in 3 old plantings. They were described morphologically and fingerprinting with 6 microsatellite markers is in progress.

Due to the large public interest 4 further, more than 100 years old vineyards were discovered within the region of Badische Bergstraße near Heidelberg. With one single exception they again are managed by people of the older generation. These 4, old, own-rooted vineyards with their traditional mixture of different grapevine varieties in it, have been examined for variety identity in 2003. Altogether now, eight 80 to more than 200 years old variety-mixed vineyards have been analyzed on variety level. In the meanwhile one of them was erased. In sum 3325 single plants have been identified. This region, which was not influenced by modernisation of landscape structure, still contains more than 60 different grapevine varieties, a diversity of varieties and an expected intravarietal diversity which probably will not be reached a second time in any other vine growing region of Germany. It is an interesting fact that one old grapevine variety, the 'Blue Elbling', which is not cultivated commercially any more, has sur-

vived on farm in 7 old vineyards with 741 plants, thus representing the second most frequent variety in this region. This variety is maintained in only 2 grapevine collections with 7 individual plants. This is the unique and last chance to make a breeding selection out of a considerable pool of living plants for a nearly erased, but regionally typical landrace variety. This finding is an option to maintain the still existing intravarietal diversity caused by somaclonal mutations accumulated at least during the last 3 centuries. This chance also exists for a couple of further varieties like 'Riesling', 'White Elbling', 'Silvaner', 'Schiava Grossa', 'Pinot Noir', 'Müller-Thurgau', 'Chardonnay', 'Auxerrois' and many other, rare, old varieties, not cultivated anymore in commercial vineyards, like 'Heunisch', 'Putzscheere', 'Red Elbling', 'Red leaved Wildbacher', 'Ortlieber' and 'Luglienga Bianca' (called 'Seidentraube' according to the old silk gardens in Heidelberg). Furthermore, there are some varieties not anymore cultivated in Germany but still popular in neighbouring countries like 'Riesling italico', 'Red Veltliner', 'Honigler' and 'Primitivo', the last two ones were detected for the first time in Germany. In addition many extremely rare varieties as the 'White Veltliner', 'Orleans' or 'Laska' or completely unknown varieties have to be safeguarded.

The maintenance of these very rich genetic resources is, however, difficult because many plants are virus-infected, the percentage of infection depending on variety and location. For this reason any material has to be preselected and tested for virus infection, to be suited for long-term maintenance in special collections. There is an urgent need for a substantial program for saving, selecting and maintaining the last, autochthonous on farm genetic resources of grape vine in Germany, before the change of generations will cause the fallow and erasure of those vineyards. More than 40 additional old vineyards along the river Main in Franconia and along the arduous slopes of the rivers Rhine and Mosel should be integrated in this program.

(BAZ-5106)

6.2 Identifizierung von Rebsorten mit morphologischen Merkmalen und molekularen Markern

Identification of grapevine cultivars with morphological descriptors and molecular markers

Maul, E.; Jung, A.; Zyprian, E.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Für die Differenzierung von Rebsorten werden neben morphologischen Kriterien auch molekulare Marker herangezogen. Letztere können zudem auch zur Klärung von Abstammungsverhältnissen und Verwandtschaftsbeziehungen beitragen. Ziel ist die Erarbeitung eines Identifikationsschlüssels, der auf morphologischen Merkmalen basiert und durch molekulargenetische Marker ergänzt wird.

To differentiate between cultivars morphological features and molecular markers are used. In addition, molecular markers can contribute to clarify the parentages and degrees of relationships. It is aimed to elaborate an identification key, based upon morphological characteristics and completed by molecular markers.

Ergebnisse:

Zur Unterscheidung und Identifizierung von Rebsorten mit Hilfe morphologischer Merkmale (Trieb, Blätter, Trauben, Beeren) wurde mit der Datensammlung und -bearbeitung fortgefahren. Das vom Institut eingerichtete Herbarium umfasst 6050 Referenzproben (Blätter, Samen, Triebspitzen) von 1730 verschiedenen Rebsorten als Referenzmaterial.

Als Fortführung des EU-Projekts GENRES CT96 No81 erfolgte die Einrichtung einer ECP/GR *Vitis*-Arbeitsgruppe mit 25 Mitgliedsländern. Anlässlich der Tagung der ECP/GR Arbeitsgruppe *Vitis* im Juni 2003 in Palic/Serbien und Montenegro wurde die Erweiterung der EU-Datenbank mit osteuropäischen Rebsammlungen beschlossen. Das IRZ wird das Datenbankmanagement für diese erweiterte EU-Datenbank behalten. Die Tagung war inhaltlich weitgehend vom IRZ Geilweilerhof geplant und ausgestaltet worden.

Die Merkmalsdeskriptoren der drei Organisationen Internationales Weinamt (OIV), Internationaler Verband zum Schutz von Pflanzenzüchtungen (UPOV) und Internationales Institut für Pflanzengenetische Ressourcen (IPGRI) dienen verschiedenen Zwecken und sind daher unterschiedlich definiert. Im Auftrag des OIV hat das IRZ die Harmonisierung von OIV, UPOV und IPGRI Merkmalsdeskriptoren federführend bearbeitet, die Zusammenarbeit koordiniert und ein Treffen zur Abschlussdiskussion ausgerichtet. Insgesamt standen 60 Deskriptoren zur Annäherung an. Bei 34 Deskriptoren konnte weitgehende Übereinstimmung erzielt werden. 15 Deskriptoren wurden wegen unterschiedlicher Auffassungen nicht harmonisiert. 11 Deskriptoren sind Bestandteil entweder nur der OIV- oder nur der UPOV-Merkmalisliste. Die endgültige Fassung der Deskriptoren ist für das Frühjahr 2004 vorgesehen.

Die Arbeit der im Rahmen des EU-Projekts GENRES CT96 No 81 gegründeten Arbeitsgruppe Mikrosatelliten mit insgesamt 10 internationalen Partnern wurde im Jahr 2003 abgeschlossen. Zwei Veröffentlichungen über die Ergebnisse sind für das Jahr 2004 vorgesehen. Auf der Basis rebsortenspezifischer Referenzallele wurden für sechs Mikrosatelliten einheitliche Größenstandards definiert und überprüft, mit denen numerische Daten aus den verschiedenen Arbeitsgruppen durch eine einheitliche Codierungsprozedur harmonisiert und somit direkt miteinander vergleichbar werden. Gemäß eines Beschlusses der nationalen Delegierten in der ECP/GR Arbeitsgruppe *Vitis* wird dieses uniforme Kodierungssystem für die European *Vitis* Database als verbindliche Charakterisierungsmethode von

Rebsorten mit 6 standardisierten Mikrosatellitenmarkern zur Anwendung kommen. Die Ergebnisse dieser Arbeit sind in der European *Vitis* Database (<http://www.genres.de/eccdb/vitis/>) einzusehen. Sechs neue OIV-Deskriptoren zur einheitlichen Charakterisierung von Rebsorten mittels genetischem Fingerabdruck wurden bereits definiert.

Auf der Basis dieses Systems wurde die molekulargenetische Charakterisierung der in Deutschland verwurzelten alten Rebsorten weitergeführt. Die Zahl der Mikrosatellitenmarker wurde für spezielle Fragestellungen wie Klärung der Verwandtschaft von 6 auf 14 hochpolymorphe Marker ausgedehnt.

Abstract:

In addition to the differentiation of grapevine varieties with morphological descriptors the techniques for cultivar identification by microsatellite markers have been improved.

On behalf of the OIV the Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof was entrusted with the harmonization of 60 grapevine descriptors of the International Wine Office (OIV), the International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV) and the International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). It was possible to achieve a nearly full coincidence on 34 descriptors. For 15 descriptors a harmonization was not possible for the time being. 11 descriptors occurred only in the OIV, respectively only in the UPOV descriptor list.

The cooperative work on microsatellites of 10 international partners within the EU-project GENRES CT96 No 81 was completed in 2003, resulting in two publications in 2004. Based on variety specific reference alleles it was possible for the 6 markers to define and prove unique length standards which allow to harmonize the differing labelling styles for numeric allele sizing of different working groups by a uniform codification procedure making codified data directly comparable. According to the decision of the national delegates of the ECP/GR *Vitis* working group this uniform coding system referring to 6 standardized microsatellite markers will be the appropriate method to characterize grapevine varieties by genetic fingerprints which will be made available via European *Vitis* database. Detailed results can be seen at <http://www.genres.de/eccdb/vitis/>. Six new OIV-descriptors for uniform characterization of grapevine varieties with microsatellite profiles have already been defined.

Based on this system the molekulargenetical characterization of old German grapevine cultivars has been continued. For special questions like parentage it was necessary to increase the number of markers up to 14 highly polymorph markers.

In Zusammenarbeit im Rahmen der ECP/GR *Vitis*-Arbeitsgruppe und im Rahmen der OIV-/UPOV- und IPGRI-

Deskriptorharmonisierung mit: Abracheva, P., Institute of Viticulture and Enology, Pleven, Bulgarien; Lacombe, T., UFR Viticulture, ENSAM.N, Montpellier, Frankreich; Mattheou, A., National Agricultural Research Foundation, Agricultural Research Center of Makedonia and Thrake Greek Gene Bank, Thermi of Thessaloniki, Griechenland; Costacurta, A., Istituto Sperimentale per la Viticoltura, Sez. Ampelografia e Miglioramento Genetico, Susegana, Italien; Grando, S., Istituto Agrario di San Michele all'Adige, Italien; Schneider, A., Centro Miglioramento Genetico e Biologica delle Vite, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Grugliasco, Italien; Alercia, A., IPGRI, Rom, Italien; Matic E., University of Zagreb, Faculty of Agriculture, Zagreb, Kroatien; Ciutac, N., National Institute for Grape and Wine, Kishinev, Moldavien; Kaserer, H., Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau, Klosterneuburg, Österreich; Eiras Dias, J. Estação Vitivinícola Nacional, Dois Portos, Portugal; Maigre, D., Station Fédérale de Recherches en Production Végétale de Changins, Pully, Schweiz; Cindric, P.; Institut für Rebenzüchtung, Weinbau und Kellerwirtschaft, Sremski Karovci, Serbien-Montenegro; Korosec-Koruza, Z., Biotehniška fakulteta, Ljubljana, Slovenien; Ortiz, J., Departamento de Biología Vegetal, Universidad Politécnica de Madrid, E.T.S. Ingenieros Agrónomos, Spanien; Jandurova, O. M., Research Station for Viticulture, Karlstein, Tschechische Republik; Kozma, P., FM Zsölészeti és Borászati Kutató Intézet, Pécs, Ungarn.

(BAZ-5126)

6.3 Evaluierung der genetischen Ressourcen auf züchterisch wertvolle Eigenschaften

Evaluation of the genetic resources with regard to important breeding characteristics

Eibach, R.; Maul, E.

Zielsetzung/Aim:

Die umfangreiche Rebsortensammlung (*Vitis* sp.) des Institutes wird im Hinblick auf züchterisch wichtige Merkmale evaluiert. Dabei stehen vor allem die weinbaulich wichtigen Pilzkrankheiten im Vordergrund. Zur Ermittlung des Resistenzgrades werden für die Mehltaukrankheiten vor allem Freilanderbhebungen durchgeführt. Die Evaluierung züchterisch wichtiger Eigenschaften durch Literaturrecherchen wird parallel durchgeführt. Die Ergebnisse zur Resistenz von Sorten gegenüber Pilzkrankheiten werden zusammengestellt und veröffentlicht. Sie sind über Internet (<http://www.genres.de/idb/vitis>) zugänglich.

The institute's large grapevine field collection is evaluated as to the important characteristics for breeding purposes. At present, priority is given to the viticulturally important fungus diseases. To ascertain the degree of infection by mildew diseases mainly field evaluations are carried out. In parallel, evaluation by literature of important characteristics of cultivars is carried out. The results of variety resistance to fungus diseases are gathered and published.

These informations are available via Internet (<http://www.genres.de/idb/vitis>).

Ergebnisse:

Die besonders warme und trockene Witterung während der Vegetationsperiode hatte zur Folge, dass der natürlich auftretende Befall mit Pilzkrankheiten im Berichtsjahr recht gering war. Begünstigt haben diese klimatischen Bedingungen allerdings das Auftreten von Blattreblaus. Die diesbezügliche Befallserhebung in einem Quartier mit den sogenannten interspezifischen Rebsorten war in diesem Jahr daher besonders aufschlussreich. Lediglich etwa ein Drittel der bonitierten Akzessionen ($N_{\text{ges}} = 1908$) zeigten keine durch die Reblaus hervorgerufenen Blattgallen.

Diese Daten sind im Zusammenhang mit weiteren jährlichen Erhebungen zu Krankheitsbefall, Traubenmerkmalen sowie zu Leistungs- und Qualitätseigenschaften eine wesentliche Entscheidungsgrundlage für die züchterische Nutzung des Materials. Basierend auf diesen Erhebungen werden kontinuierlich neue Genotypen aus der Rebsortensammlung in das Züchtungsprogramm integriert und die genetische Basis damit verbreitert.

Abstract:

Important breeding characteristics of grapevine species and varieties are evaluated in our comprehensive grapevine collection. Main emphasis is placed upon the resistance features to important fungal diseases and other viticulturally essential characteristics. Because of the extreme hot and dry weather conditions in 2003 the naturally occurring fungus pressure especially for downy mildew was very low. On the other hand these weather conditions favoured the occurrence of leaf galls induced by phylloxera. The evaluation conducted in the plot with the so called interspecific cultivars showed that only about 1/3 of all genotypes rated showed no symptoms. 5 % of the total genotypes ($N_{\text{tot}} = 1908$) were rated as susceptible.

These data are together with all the other annually rated characteristics concerning fungus diseases, cluster structure as well as performance and quality characteristics an essential base for the incorporation of suitable genetic resources into the breeding program.

(BAZ-5105)

6.4 Evaluierung von *Vitis*-Arten auf Resistenzeigenschaften

Evaluation of *Vitis* species on resistance characteristics

Eibach, R.; Zyprian, E.

Zielsetzung/Aim:

Erschließung der genetischen Ressourcen der Rebe im Hinblick auf die Schaffung einer breiteren genetischen Basis für die Resistenzzüchtung. Zu einer möglichst vollständigen

digen Erfassung der genetischen Variabilität innerhalb der Arten wird Material (Holz, Samen) aus über die *Vitis*-Datenbank zu erschließenden Quellen sowie aus *in situ*-Beständen von verschiedenen Orten des Verbreitungsgebietes gesammelt. Das Material wird evaluiert und geeignete Formen werden für die Züchtung zur Verfügung gestellt bzw. für genetische Analysen mit dem Ziel einer Isolierung von Resistenzgenen genutzt.

Program objectives focus on collecting and evaluating genetic resources for the use within resistance breeding. Plant material of *Vitis* species (wood, seeds) will be collected, basing upon the *Vitis* databank regarding sources and *in situ* collections of various native distribution areas. The material will be evaluated and made available for breeding purposes and isolation of resistance genes within genetic analyses.

Ergebnisse:

Aus den Samen früherer Sammlungen wurden zwischenzeitlich ca. 650 Sämlinge angezogen und ausgepflanzt. Dabei handelt es sich um insgesamt 11 Akzessionen der *Vitis*-Arten *V. aestivalis*, *V. cinerea* und *V. amurensis*. Eine eingehende Evaluierung v.a. hinsichtlich der Pilzresistenz ist ab dem kommenden Jahr möglich.

Im Berichtsjahr wurde eine Sammelreise in Nordamerika durchgeführt. Schwerpunkt der Sammlung waren Samen der Wildart *V. riparia* in Ontario/Kanada und *V. aestivalis* in Missouri/USA. Dank der hervorragenden Unterstützung der Kollegen in Missouri und Ontario war die Sammelreise sehr effektiv und in kürzester Zeit konnten insgesamt ca. 90.000 Samen von 78 zum Teil räumlich sehr weit entfernten Herkünften gesammelt werden. Damit ist für die kommenden Jahre eine gute Basis für Evaluierungsarbeiten zur Erschließung verbesserter oder neuer Resistenzquellen für die Züchtung gegeben.

Abstract:

Collection efforts in former years led in the meantime to around 650 seedlings from 11 different accessions belonging to the *Vitis* species *V. aestivalis*, *V. cinerea* and *V. amurensis*. Detailed evaluation with focus on fungus resistance will start next year. In 2003 seeds were collected mainly from *V. aestivalis* in Missouri/USA and from *V. riparia* in Ontario/Canada. The result of this collecting activity are around 90.000 seeds from 78 different accessions, which is a good base for future evaluation work in order to identify superior or new sources of resistance for the breeding program.

(BAZ-5137)

7. Dokumentation der Weinbauforschung Documentation of viticulture

Köglmeier, W.; Klenert, M.

Die Dokumentation arbeitet die weltweit erscheinende wissenschaftliche Fachliteratur zu Weinbau, Kellerwirtschaft und verwandter Gebiete auf und kondensiert sie in der Datenbank VITIS-VEA (VITIS - Viticulture and Enology Abstracts). Etwa 300 Zeitschriften in über 20 Sprachen wurden laufend gesichtet und die relevanten Publikationen (Forschungsergebnisse aus Weinbau, Rebenzüchtung und Kellerwirtschaft) erfasst. Dies waren im Berichtsjahr ca. 1500 Arbeiten. Mit jeweils einem englischsprachigen Referat versehen, wurden die bibliographischen Angaben als Dokumentationseinheiten (DEs) in die Datenbank abgespeichert. Das bisher halbjährlich erscheinende Beiheft zur Zeitschrift „VITIS - Journal of Grapevine Research“ wird seit 2003 nicht mehr publiziert. Durch den freien Zugang zur Datenbank über das Internet können die Nutzer flexibel die für sie relevanten Informationen eigenständig recherchieren.

Daneben wurde die praxisorientierte Weinbau-Literatur aus den rund 20 deutschsprachigen Fachzeitschriften dokumentiert. Etwa 400 Artikel wurden in gleicher Form wie die wissenschaftlichen in die Datenbank VITIS-VEA aufgenommen - allerdings mit deutschsprachigem Referat versehen - und im vierteljährlich erscheinenden „Informationsdienst praxisbezogener Literatur im Weinbau“ publiziert.

Bei der Anfertigung der Referate unterstützten uns 118 in- und ausländische Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen. Es wurde die Möglichkeit geschaffen, auf Dokumente im Internet per Hyperlink zu verweisen, wie z. B. für Dissertationen. Ferner können eigene Volltexte in die Datenbank eingebunden werden. Dies wird für ältere Ausgaben der Zeitschrift VITIS - Journal of Grapevine Research sukzessive vorgenommen. Bis zum Jahrgang 1995 sind die Dokumente erfasst und werden demnächst in die Datenbank eingestellt. Durch regelmäßige Sichtung von Sekundärliteratur (gedruckte Dienste, Internet) und gezielte Recherchen in einschlägigen Datenbanken (ISI Web of Science) konnte die Literaturerfassung vervollständigt werden.

Die Datenbank VITIS-VEA enthält momentan nahezu 48.000 DEs. Sie wird durch die ZADI (Zentralstelle für Agrardokumentation und -information) im Internet angeboten und ist unter folgender URL nutzbar: <http://vitis-vea.zadi.de>.

Die Nutzerstatistik der ZADI weist für das laufende Jahr bis einschliesslich November 2003 über 30.000 Benutzungen der Datenbank auf, wobei die meisten Nutzer aus Spanien, Deutschland, Italien und den USA kamen. Recherchen wurden auf Anfrage durchgeführt.

Abstract:

The Documentation Centre for Viticulture and Enology has the following main tasks: 1. Screening of ca. 300 journals for collecting scientific and technical articles of the vine and wine field worldwide. 2. Indexing and abstracting (in English language) of the above mentioned articles and storing in the database VITIS-VEA (Viticulture and Enology Abstracts, URL: <http://vitis-vea.zadi.de>) including the bibliographic data. Annual input is ca. 1,500 literature citations (quarterly updating). The possibility of accessing documents on the internet, e.g. doctoral thesis by hyperlinks has been entered into the database. Full-texts of back-issues of VITIS - Journal of Grapevine Research will be made available step by step. Volumes until 1995 have been scanned and will be available shortly. VITIS-VEA contains from 1969 to present ca. 48,000 citations. 3. Production of two periodicals: „VITIS - Journal of Grapevine Research“ and the technical review „Informationsdienst praxisbezogener Literatur im Weinbau“ (in German). 4. Online-searching in different databases (Worldwide Web, ISI Web of Science (Philadelphia)) carried out for scientists on request.

In Zusammenarbeit mit: ZADI (Zentralstelle für Agrardokumentation und -information, Bonn)

8. Ökologischer Weinbau Organic viticulture

8.1 Status Quo-Analyse im ökologischen Weinbau - Strukturen, Entwicklung, Probleme Status-Quo of organic viticulture - structures, changes, problems

Schmidt-Tiedemann, A.; Ebersberger, D.; Köglmeier, W.

Zielsetzung/Aim:

Im ökologischen Weinbau existieren in Deutschland etwa 430 Betriebe mit 2.000 ha Rebfläche (Statistisches Bundesamt 2002). Sie decken ungefähr 2 % der gesamten deutschen Weinbaufläche ab. Nur wenige aktuelle Daten lagen bisher zum ökologischen Weinbau vor. Veröffentlicht wurde hauptsächlich zu dem Thema Pflanzenschutz (Ersatz von Kupferspritzmitteln), gefolgt von dem Bereich Vermarktung. In Zusammenarbeit mit Fachleuten und Praktikern wurde ein detaillierter Fragebogen zur Abfrage der Ökowinzer entworfen. Der Versand erfolgte im ersten Quartal 2003 und hatte eine Rücklaufquote von 40 %. So konnte eine Datenbasis zu weinbaulichen Verhältnissen (Sortenspiegel, Erträge, Düngung), Pflanzenschutz (Befallsstärke mit verschiedenen tierischen und pilzlichen Erregern, Spritzmittel, Stärkungsmittel), Kellerwirtschaft (neue önologische Verfahren), Vermarktung, allgemeine Ziele und Zukunftspläne, Forschung, Beratung und Weiterbildung, verwendete Medien und Informationsquellen und Verbänden gewonnen werden.

Eine zusätzlich durchgeführte kleinere Umfrage bei konventionell wirtschaftenden Winzern bezog sich auf deren Einstellung zum ökologischen Weinbau. Bessere Möglichkeiten beim Pflanzenschutz durch andere Mittel oder pilzwiderstandsfähige Rebsorten, weniger Verwaltungsaufwand, die Akzeptanz höherer Preise durch den Verbraucher und mehr Information würden mehr Winzer vom ökologischen Weinbau überzeugen.

Abstract:

Around 430 growers practising organic viticulture on 2000 ha operate in Germany (Statistisches Bundesamt, 2002), comprising 2 % of the total viticultural area. Few data existed on organic viticulture. Publications were mainly in the field of plant protection (replacement of copper fungicides), followed by marketing. A detailed questionnaire has been developed in collaboration with experts and vintners. The questionnaire has been circulated in spring 2003 with 40 % of the addressees answering. Data on viticultural management (used cultivars, yield, fertilization), plant protection (infestation rate with different pests and diseases, pesticides, plant fortifiers), oenology (new oenological techniques), trade, general aims and future plans, research, consulting service and education, media and information sources in use and organic grower's associations could be mined.

An additional survey with conventional growers on their estimation of organic farming was performed. More alternatives for plant protection, fungus-resistant cultivars, less administrative effort, the acceptance of higher prices by consumers and more information on organic farming could convince more growers and vintners of starting organic viticulture.

(BAZ-5146)

V. Forschungsprojekte 2004*

Research Projects 2004

Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

Debener, T.

Grundlagen zur Züchtung auf Mehltaresistenz (*Sphaerotheca pannosa*) bei Rosen

Basic research on mildew resistance (*Sphaerotheca pannosa*) in roses

Beginn: 01.01.1993 Ende: 31.12.2004

BAZ-6115

Debener, T.

Kreuzungen mit *Rosa multiflora* und Auslese auf Resistenz gegen Mehltau (*Sphaerotheca pannosa*)

Combinations with *Rosa multiflora* and selection of resistance against mildew (*Sphaerotheca pannosa*)

Beginn: 01.01.1997 Ende: 31.12.2004

BAZ-6145

Debener, T.; Blechert, O.

Entwicklung molekularer Diagnosemethoden zur Untersuchung der genetischen Diversität des Sternrußtaues an Rosen (*Diplocarpon rosae*)

Development of molecular methods to evaluate genetic diversity in *Diplocarpon rosae*, the black spot disease in roses

Beginn: 01.01.2002 Ende: 31.12.2004

BAZ-6150, gefördert durch Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (AIF)

Debener, T.; Blechert, O.; Felten, R.

Erschließung neuer Resistenzquellen gegenüber dem Erreger des Sternrußtaues an Rosen

Evaluation of new sources of resistance against black spot in roses

Beginn: 01.01.1996 Ende: 31.12.2005

BAZ-6134, gefördert durch Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (AIF)

Debener, T.; Gusick, C.

Erschließung von Resistenzquellen gegenüber dem Erreger des Falschen Mehltaus (*Peronospora sparsa Berk.*) in Rosen

Evaluation of new sources of resistance against downy mildew

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2007

BAZ-6152

Debener, T.; Gusick, C.

Induktion von Resistenzen gegenüber pilzlichen Schaderregern in Rosen durch Transformation

Induction of resistances against fungal diseases in roses via transformation

Beginn: 01.01.1997 Ende: 31.12.2005

BAZ-6136

Debener, T.; Gusick, C.

Untersuchungen zur Stabilität von transgenen *Rosa x hybrida* Genotypen

Analyses of transgene expression in *Rosa x hybrida* genotypes

Beginn: 15.06.2002 Ende: 31.12.2007

BAZ-6155

* Stand/As of: 15.01.2004

- Debener, T.; Mattiesch, L.
 Genetische und molekularbiologische Charakterisierung der Sternrußtauresistenz aus *Rosa multiflora*
 Genetic and molecular characterization of the blackspot resistance gene from *Rosa multiflora*
 Beginn: 01.06.1996 Ende: 01.05.2004
 BAZ-6131
- Debener, T.; Mattiesch, L.; Gusick, C.
 Molekulargenetische Charakterisierung der Wechselwirkung zwischen Rosen und Rosenpathogenen
 Molecular characterisation of interactions between roses and rose pathogens
 Beginn: 01.01.1993 Ende: 01.12.2004
 BAZ-6113
- Debener, T.; Mattiesch, L.; Henning, J.
 Charakterisierung und Isolierung von wirtschaftlich wichtigen Genen aus *Rosa spec.*
 Characterisation and isolation of economically important genes from *Rosa spec.*
 Beginn: 01.01.1993 Ende: 01.12.2004
 BAZ-6114
- Debener, T.; Schreiber, M.; Hattendorf, A.
 Untersuchungen über das Ausmaß von Genfluß von Kulturrosenbeständen in benachbarte natürliche Bestände
 Analyses of gene flow between artificial and natural field populations of roses
 Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004
 BAZ-6147, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)
- Grunewaldt, J.; Ebbinghaus, R.
 Grundlagen der Züchtung von *Erica gracilis*: Untersuchungen zur Resistenz gegenüber *Cylindrocladium scoparium*
 Basic research on *Erica gracilis* breeding: Investigations on resistance against *Cylindrocladium scoparium*
 Beginn: 01.01.1990 Ende: 31.12.2005
 BAZ-6106
- Grunewaldt, J.; Ebbinghaus, R.
 Grundlagen der Züchtung von *Calluna vulgaris*
 Basics on breeding *Calluna vulgaris*
 Beginn: 30.06.2002 Ende: 31.12.2007
 BAZ-6154
- Grunewaldt, J.; Krieger, S.
 Genetische und molekulargenetische Charakterisierung der kalkbedingten Eisenchlorose bei Rhododendron
 Genetic and molecular genetic characterisation of the lime-induced iron chlorosis in rhododendron
 Beginn: 01.01.1994 Ende: 01.12.2004
 BAZ-6126
- Grunewaldt, J.; Krieger, S.
 Erhöhung der Pathogenresistenz von kultivierten Cyclamen unter Verwendung gentechnischer Methoden
 Enhancement of pathogen resistance of cultivated cyclamen using gene transfer techniques
 Beginn: 01.01.1997 Ende: 01.01.2005
 BAZ-6142
- Grunewaldt, J.; Krieger, S.; Radies, M.
 Entwicklung eines Transformationssystems für Rhododendron und Übertragung von Genen zur Erhöhung der abiotischen Stresstoleranz
 Development of a transformation system for rhododendron and transfer of genes for raising abiotic stress tolerance
 Beginn: 01.01.1998 Ende: 31.12.2004
 BAZ-6143

Grunewaldt, J.; Radies, M.
Herstellung von Basismaterial für die züchterische Weiterentwicklung von *Dahlia*-Hybriden (*Dahlia x cultorum*)
Development of basic material for breeding of *Dahlia* hybrids (*Dahlia x cultorum*)
Beginn: 01.01.1995 Ende: 01.12.2004
BAZ-6129

Grunewaldt, J.; Radies, M.
Untersuchungen zur Risikoabschätzung und Merkmalsstabilität transgener, immergrüner Rhododendren
Investigations on risk assessment and gene stability in transgenic evergreen rhododendrons
Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004
BAZ-6140

Grunewaldt, J.; Radies, M.
Schaffung der Grundlagen für die Hybridzüchtung bei *Helleborus niger L.*
Basic research on hybrid breeding in *Helleborus niger L.*
Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2006
BAZ-6153

Linde, M.; Ludwig, C.
Molekularbiologische und phytopathologische Untersuchungen an genetischen Ressourcen europäischer Wildrosen
Genetic evaluation of European rose resources for conservation and horticultural use
Beginn: 01.04.2003 Ende 31.03.2006
BAZ-6156

Schum, A.; Hofmann, K.; Felten, R.; Schneiderei, M.
Protoplastenkulturen zur Erweiterung der Zuchtmethodik bei Rosen
Protoplast cultures to increase breeding methodology in roses
Beginn: 01.01.1994 Ende: 31.12.2007
BAZ-6124

Schum, A.; Schneiderei, M.; Hofmann, K.; Felten, R.
Mutationsinduktion in vivo und in vitro zur Schaffung genetischer Variabilität in Zierpflanzen
Mutation induction in vivo and in vitro to induce genetic variability in ornamentals
Beginn: 01.01.1995 Ende: 31.12.2007
BAZ-6151

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics Aschersleben

Ehrig, F.
Untersuchungen der Dynamik pathogeninduzierter Veränderungen der Siliziumkonzentration in Zellen der Gerste nach Infektion durch phytopathogene Pilze mit Hilfe der ESEM-Technik und der Röntgenmikroanalyse
Investigations on the dynamics of pathogenically induced modifications in silicon concentration in cells of barley after infection with phytopathogenic fungi using the ESEM-technique and X-ray microanalysis
Beginn: 01.07.2002 Ende: 30.06.2004
BAZ-2176

Ehrig, F.
Entwicklung einer Kryomethode für ESEM-Untersuchungen zur Darstellung pilzlicher Infektionsstrukturen im Blattinneren
Development of a cryomethod for ESEM-supported investigations for visualisation of fungal infection structures within leaf tissue.
Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2004
BAZ-2184

Ehrig, F.

Untersuchungen der Ursachen der Blütensterilität bei Pelargoniumarten mit Resistenz gegen *Xanthomonas hortorum* p. *pelargonii*

Investigations of the determinants for blossom sterility of Pelargonium species with resistance to *Xanthomonas hortorum* p. *pelargonii*

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2004

BAZ-2185

Gabler, J.

Analyse des Krankheitsauftretens an Oregano (*Origanum vulgare* L.)

Analysis of recently occurring diseases on Oregano (*Origanum vulgare* L.)

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2005

BAZ-2187

Kastirr, U.

Untersuchungen zur Resistenz des Weizens gegen *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel) Schroeter

Investigations on resistance of wheat to *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel) Schroeter

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2004

BAZ-2144

Kastirr, U.

Untersuchungen zur Resistenz von Getreidekulturen gegen den pilzlichen Virusvektor *Polymyxa graminis* und zum Auftreten von Biotypen des Vektors

Investigation of resistance to the fungal virus vector *Polymyxa graminis* and of occurrence of vector biotypes

Beginn: 01.10.2002 Ende: 31.12.2004

BAZ-2170

Kastirr, U.

Erarbeitung von Methoden zur Selektion auf Resistenz gegen das Soil-borne cereal mosaic virus (SBCMV) im Roggen

Development of methods for selection of resistance to the soil-borne cereal mosaic virus in rye

Beginn: 15.08.2002 Ende: 14.08.2004

BAZ-2173, gefördert durch Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen "Otto v. Guericke" e.V. (AiF)

Kastirr, U.

Genetische Analyse der *Polymyxa*-Resistenz in *Hordeum*-Formen

Genetically analyse of *Polymyxa* resistance in *Hordeum* species

Beginn: 01.07.2003 Ende: 31.12.2007

BAZ-2190

Kastirr, U.; Habekuß, A.

Entwicklung von Winterdurum mit verbesserter Teigqualität und Resistenz gegen pilzliche und viröse Krankheitserreger

Development of winter durum wheat with improved pasta quality and resistance to fungus and virus diseases

Beginn: 01.02.2002 Ende: 31.01.2005

BAZ-2168, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Kastirr, U.; Habekuß, A.

Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Bewertung der Virusresistenz bzw. -toleranz bei Getreidearten

Development and application of methods for assessment of virus resistance or tolerance in cereals

Beginn: 01.06.2002 Ende: 28.02.2005

BAZ-2169, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Kühne, T.

Untersuchungen zur Biologie von Bymoviren in Getreidearten

Investigations on the biology of bymoviruses in cereal species

Beginn: 01.07.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-2167

Nachtigall, M.

Molekulargenetische Analyse der Resistenz von Kreuzungspopulationen bei Gerste gegen pilzliche Schaderreger
Molecular genetic analysis of crossing populations of barley for resistance to fungi

Beginn: 01.01.1999 Ende: offen

BAZ-2143

Rabenstein, F.

Entwicklung und Optimierung von serologischen und molekularbiologischen Methoden zur Erfassung der Resistenz in
Zucht- und Genbankmaterial gegen *Poaceae* (Getreide und Gräser) infizierende Viren

Development and optimisation of serological and molecular-biological methods for the compilation of resistance in
breeding and gene bank material to viruses infecting *Poaceae* (cereals and grasses)

Beginn: 01.07.2000 Ende: 30.06.2004

BAZ-2154

Rabenstein, F.

Entwicklung und Erprobung monoklonaler Antikörper gegen Isolate des Kartoffelvirus Y (Potato virus Y)

Development and assessment of monoclonal antibodies to isolates of Potato virus Y

Beginn: 01.03.2002 Ende: 31.12.2004

BAZ-2171

Rabenstein, F.

Entwicklung serologischer Methoden zur Differenzierung von Furoviren an Getreide

Development of serological methods for the differentiation of furoviruses in cereals

Beginn: 01.08.2002 Ende: 30.09.2004

BAZ-2172

Rabenstein, F.

Entwicklung serologischer Nachweismethoden für die Resistenzprüfung von Möhrenpopulationen gegen *Alternaria dauci*

Development of serological detection methods for the resistance evaluation of carrot populations to *Alternaria dauci*

Beginn: 01.06.2002 Ende: 31.05.2004

BAZ-2175

Rabenstein, F.

Verbesserung der Getreidequalität durch Reduzierung des Mykotoxingehaltes

Improvement of the grain quality by reduction of mycotoxin content

Beginn: 01.12.2002 Ende: 31.12.2005

BAZ-2179, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Rabenstein, F.

Serologische Untersuchungen auf Befall mit *Fusarium* an Saatgut aus dem ökologischen Landbau

Serological investigations of seed samples from organic farming for infestation with *Fusarium* spp.

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2004

BAZ-2180, gefördert durch Bundesprogramm Ökologischer Landbau

Reiss, E.

Untersuchungen zur Rolle der PR-5 Proteine der Gerste für die Krankheitsresistenz

Studies on the role of PR-5 proteins of barley in the disease resistance

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-2164

Schubert, J.

Molekularer Nachweis des Wheat dwarf geminivirus

Molecular detection of Wheat dwarf geminivirus

Beginn: 01.04.2001 Ende: 01.04.2004

BAZ-2161

Schubert, J.
Etablierung einer Kollektion gesunder alter Kartoffelsorten für den ökologischen Landbau
Establishment of a collection of healthy old potato varieties for organic farming
Beginn: 01.07.2003 Ende: 30.06.2006
BAZ-2191, gefördert durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Schubert, J.; Fomitcheva, V.
Herstellung von Expressionsklonen des BaYDV
Development of expression clones of BaYDV
Beginn: 01.08.2001 Ende: 31.07.2004
BAZ-2163

Institut für Epidemiologie und Resistenz Institute of Epidemiology and Resistance Aschersleben

Habekuß, A.
Bewertung der genetischen Ressourcen der Gerste hinsichtlich Resistenz gegen pilzübertragbare Viren und Toleranz gegen blattlausübertragbare Viren sowie Bereitstellung von Ausgangsmaterial mit verbesserter Resistenz
Evaluation of barley for resistance to fungi-transmitted viruses and tolerance to aphid-transmitted viruses as well as generation of basic material with improved resistance
Beginn: 01.01.1992 Ende: 31.03.2006
BAZ-2301

Habekuß, A.
Entwicklung von Winterdurum mit verbesserter Teigqualität und Resistenz gegen pilzliche und viröse Krankheitserreger
Development of winter durum with improved pasta quality and resistance to different fungi and viruses
Beginn: 01.04.2002 Ende: 31.03.2005
BAZ-2311, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Habekuß, A.
Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Bewertung der Virustoleranz gegenüber dem zikadenübertragbaren Weizenverzwergungsvirus (WDV) in Gerste, Weizen und Triticale
Development and use of evaluation methods of tolerance to the leafhopper-transmitted wheat dwarf virus (WDV) in barley, wheat and triticale
Beginn: 01.04.2002 Ende: 31.03.2005
BAZ-2349, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Habekuß, A.
Evaluierung von Weizenwildformen auf Virusresistenz
Evaluation of wild forms of wheat for virus resistance
Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2007
BAZ-2350

Habekuß, A.; Ruge, B.
Charakterisierung der Resistenz gegen den Gerstengelmosaikvirus-Komplex (BaMMV, BaYMV-1 + -2) aus *Hordeum bulbosum* nach Übertragung in die Kulturgerste
Characterization of resistance to barley yellow mosaic virus-complex (BaMMV, BaYMV-1 + -2) from *Hordeum bulbosum* after transmission in *H. vulgare*
Beginn: 01.01.2002 Ende: 30.06.2006
BAZ-2352

Kopahnke, D.
Virulenzanalyse und Selektion von resistentem Ausgangsmaterial bei der Wirt/Pathogenkombination Gerste/*Puccinia hordei*
Virulence analysis and selection of resistant material in the host/pathogen-combination barley/*Puccinia hordei*
Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.03.2005
BAZ-2302

Kopahnke, D.
Untersuchungen zur Epidemiologie von *Drechslera teres* an Gerste und Selektion von resistentem Ausgangsmaterial
Studies on the epidemiology of *Drechslera teres* in barley and screening of barley genotypes resistant to net-blotch
Beginn: 01.01.1992 Ende: 31.03.2004
BAZ-2304

Kopahnke, D.
Charakterisierung der Resistenz im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes für die Wirt-/Pathogenkombinationen Winter- u. Sommergerste/*Puccinia hordei*
Determination of resistance in the examination of assortments carried out for the Bundessortenamt (Federal Office of Plant Varieties) for the host/pathogen combinations winter and spring barley/*Puccinia hordei*
Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.03.2005
BAZ-2319

Kopahnke, D.
Erarbeitung von Methoden und Selektion von resistentem Ausgangsmaterial bei der Wirt/Pathogenkombination Weizen/*Pyrenophora tritici-repentis*
Development of methods and selection of resistant material in the host/pathogen combination wheat/*Pyrenophora tritici-repentis*
Beginn: 01.01.1997 Ende: 31.03.2006
BAZ-2336

Kopahnke, D.
Virulenz- und Resistenzanalysen am Wirt/Pathogen System Gerste/*Drechslera teres*
Virulence- and resistance analyses for the host/pathogen system barley/*Drechslera teres*
Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.03.2007
BAZ-2348

Krämer, I.
Molekulargenetische Charakterisierung von Krankheitsresistenzen bei Kultur- und Wildgersten
Molecular genetic characterization of disease resistance in cultivated and wild barley
Beginn: 01.01.1997 Ende: 31.03.2005
BAZ-2335

Leistner, H.-U.
Entwicklung molekularer Marker zur Differenzierung von Genotypen der Haferblattlaus (*Rhopalosiphum padi*) und Evaluierung der Aphidenresistenz von Gerstenformen sowie der Übertragung des barley yellow dwarf virus (BYDV)
Development of molecular markers for the differentiation of genotypes of *Rhopalosiphum padi* and evaluation of the aphid resistance of barley genotypes and barley yellow dwarf virus (BYDV) transmission
Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.03.2005
BAZ-2334

Leistner, H.-U.
Identifizierung und Lokalisierung von Resistenzgenen bei Gerste mittels PCR-gestützter Markeranalyse
Identification and localisation of resistance genes from barley by means of PCR-assisted marker analysis
Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.03.2006
BAZ-2343

Lind, V.

Charakterisierung der Resistenz von Weizen und Triticale gegen *Puccinia triticina* im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes

Determination of resistance in the examination of assortments carried out for the Bundessortenamt (Federal Office of Plant Varieties) for winter and spring wheat/*Puccinia triticina*

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-2303

Lind, V.

Virulenzanalyse und Evaluierung genetischer Ressourcen auf Resistenz bei der Wirt/Pathogenkombination

Weizen/*Puccinia triticina*

Virulence analysis and evaluation of resistant material in the host/pathogen-combination wheat/*Puccinia triticina*

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2005

BAZ-2305

Lind, V.

Evaluierung von genetischen Ressourcen auf Resistenz gegen *Pseudocercospora herpotrichoides*

Evaluation of genetic resources for resistance to *Pseudocercospora herpotrichoides*

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-2307

*Ordon, F.; Friedt, W.

Verbesserte Nutzung genetischer Ressourcen in der Resistenzzüchtung gegen bodenbürtige Viren der Gerste und des Weizen unter Nutzung molekularer Marker

Improved utilisation of new genetic resources in resistance breeding against soil-borne viruses in barley and wheat using molecular markers

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.01.2005

BAZ-2354, gefördert durch EU

*Ordon, F.; Friedt, W.

Identifizierung und Kartierung von resistenzassoziierten ESTs gegen bedeutende Pathogene (*R. secalis*, BYDV) der Gerste (*Hordeum vulgare* L.)

Identification and mapping of ESTs involved in resistance against important pathogens of barley (*R. secalis*, BYDV)

Beginn: 01.06.2002 Ende: 31.05.2005

BAZ-2356, gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

*Ordon, F.; Köhler, W.; Friedt, W.

Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Estimation of yield function of selected crop species in relation to genotype and site factors

Beginn: 15.02.2003 Ende: 14.02.2006

BAZ-2355, gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

Richter, K.

Virulenzanalyse und Selektion von Genotypen des Obstes mit Resistenz gegen Bakterien

Analysis of virulence and selection of fruit genotypes with resistance to bacteria

Beginn: 01.01.1993 Ende: 31.12.2007

BAZ-2323

Richter, K.

Selektion von Genotypen des Obstes mit Resistenz gegen *Nectria galligena*

Selection of fruit genotypes with resistance to *Nectria galligena*

Beginn: 01.01.1995 Ende: 31.12.2005

BAZ-2324

* Die Projekte werden im Wesentlichen am Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung der Universität Giessen (Prof. Dr. Friedt) durchgeführt.

Richter, K.
Epidemiologische und Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen-System *Brassica* spp./*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*
Epidemiological and resistance studies on the host/pathogen-system *Brassica* spp./*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*
Beginn: 01.07.1996 Ende: 30.06.2004
BAZ-2329

Schliephake, E.; Paetsch, C.
Entwicklung von ertragreichen Winterrapslinien mit stabiler Resistenz gegen das Wasserrübenvergilbungsvirus (Turnip yellows luteovirus, TuYV) für die Gewinnung von nachwachsenden Rohstoffen
Development of breeding material of oilseed winter rape with high yields and stable resistance against turnip yellow luteovirus (TuYV) for the production of renewable resources
Beginn: 01.01.2001 Ende: 30.09.2004
BAZ-2310, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Schliephake, E.
Untersuchungen zur Epidemiologie der Aphiden. Registrierung der Flugaktivität von Aphiden mittels Saugfalle und Gelbschale zur Bewertung des natürlichen Befalls von Gersten- und Weizenakzessionen im Freiland
Investigations of the epidemiology of aphids. Registration of the flight activity of aphids in suction and yellow traps in relation to the natural occurrence of aphids in wheat and barley accessions in the field
Beginn: 01.01.1997 Ende: 31.12.2005
BAZ-2330

Schliephake, E.
Evaluierung von Weizen- und Gerstenherkünften der Genbank auf Resistenz gegen Getreideaphiden und Untersuchung der Resistenzform selektierter Herkünfte
Evaluation of wheat and barley accessions from the genebank for resistance to cereal aphids and investigations of the forms of resistance in selected accessions
Beginn: 01.01.1997 Ende: 31.12.2005
BAZ-2331

Genbank Gene Bank Braunschweig

Frese, L.
Deutsch-niederländische Zusammenarbeit bei der Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen
German-Dutch cooperation on the maintenance of plant genetic resources
Beginn: 01.10.1974 Ende: offen
BAZ-8003

Frese, L.; Germeier, C.
Sammlung, Erhaltung und Austausch pflanzengenetischer Ressourcen
Collection, maintenance and exchange of plant genetic resources
Beginn: 01.08.1970 Ende: offen
BAZ-8001

Frese, L.; Germeier, C.; Semmler, K.; Adler, A.
Aufbau einer bundeszentralen Ex-situ-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen:
Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig
Establishment of a federal central ex situ genebank for agricultural and horticultural crops: merger of the genebanks of the IPK and BAZ Braunschweig
Beginn: 01.05.2002 Ende: 30.04.2005
BAZ-8010, gefördert durch Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) und Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Germeier, C.
Dokumentation und Controlling
Documentation and controlling
Beginn: 01.08.1970 Ende: offen
BAZ-8002

Germeier, C.
Anbauversuch mit alten und modernen Hafersorten bei unterschiedlichem Standraum und Untersaaten
Field trial with old and modern oat varieties at different spacing and nurse crops
Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004
BAZ-8011

Germeier, C.; Frese, L.
Evaluierung und Optimierung von *Avena*-Landsortensammlungen zur Verbreiterung der genetischen Basis bei *Avena* für die Qualitäts- und Resistenzzüchtung
Evaluation and enhancement of *Avena* landrace collections for extensification of the genetic basis of *Avena* for quality and resistance breeding
Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2004
BAZ-8008, gefördert durch EU

Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

Dunemann, F.
Entwicklung von molekularen Markern für die Züchtung dauerhaft schorf- und mehlttauresistenter Apfelsorten
Development of molecular markers for breeding apple cultivars with durable scab and powdery mildew resistance
Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2007
BAZ-4131

Dunemann, F.; Boudichevskaja, A.
Phänotypische und molekularbiologische Charakterisierung von Fruchtqualitätsmerkmalen des Apfels
Phenotypic and molecular characterization of fruit quality traits in apple
Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2006
BAZ-4134, gefördert durch EU

Dunemann, F.; Lesemann, S.
Phytopathologische und molekulare Charakterisierung von Virulenzunterschieden beim Erreger des Echten Mehltaus am Apfel
Phytopathological and molecular characterization of virulence differences in powdery mildew of apple
Beginn: 01.09.2001 Ende: 31.08.2005
BAZ-4109, gefördert durch EU

Grafe, C.
Evaluierung von Zuchtmaterial bei Erdbeere, Kirsche und Apfel hinsichtlich qualitätsbestimmender Eigenschaften der Frucht
Evaluation of breeding material of strawberry, cherry and apple concerning quality determining features in the fruits
Beginn: 01.07.2002 Ende: 30.06.2004
BAZ-4137

Hanke, V.
Merkmalsausprägung und Merkmalsstabilität in gentechnisch veränderten Apfelgehölzen
Expression and stability of traits in genetically modified apple plants
Beginn: 01.04.2003 Ende: 31.12.2008
BAZ-4142

Hanke, V.; Flachowsky, H.

Etablierung männlicher Sterilität und Parthenokarpie in transgenen Kulturapfelsorten zur Verhinderung des vertikalen Gentransfers auf Wild- und Kulturapfel

Establishment of male sterility and parthenocarpy in transgenic apple plants

Beginn: 01.05.2001 Ende: 30.04.2006

BAZ-4105, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Hanke, V.; Reim, S.

Untersuchungen zur Stabilität der Merkmalsausprägung in gentechnisch veränderten Apfelgenotypen und zur Verhinderung des vertikalen Gentransfers

Investigation on stability of traits in transgenic woody plants and on vertical gene transfer in apple

Beginn: 01.08.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-4107, gefördert durch das Land Sachsen

Hanke, V.; Riedel, M.; Dunemann, F.

Evaluierung gentechnisch veränderter Gehölzpflanzen (*Malus domestica* und *Rhododendron* spec.)

Evaluation of genetically modified plants (*Malus domestica* und *Rhododendron* spp.)

Beginn: 17.02.2003 Ende: 15.10.2004

BAZ-4140

Höfer, M.; Grafe, C.

Charakterisierung der Regeneratpflanzen aus der Haploidenerzeugung beim Apfel

Characterization of regenerants of haploid induction in apple

Beginn: 01.01.1996 Ende: 31.12.2005

BAZ-4124

Höfer, M.

Ex-situ-Erhaltung und Evaluierung obstgenetischer Ressourcen

Ex situ conservation and evaluation of fruit genetic resources

Daueraufgabe

BAZ-4138

Teilaufgabe 1: Etablierung einer In-vitro-Genbank bei Erdbeere und Aufbau eines Datenmanagements zur Sicherung von Basismustern

Establishment of an in vitro gene bank for strawberry and elaboration of a germplasm management plan to preserve the basic collection

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2005

BAZ-4138/1

Höfer, M.; Olbricht, K.

Teilaufgabe 2: Charakterisierung von Erdbeersorten und Wildarten im Hinblick auf morphologische Merkmale

Characterization of cultivars and wild species in strawberry using morphological descriptors

Beginn: 01.04.2003 Ende: 31.03.2007

BAZ-4138/2

Olbricht, K.

Züchtung von Erdbeersorten mit hoher Resistenz gegen pilzliche Schaderreger und hoher Qualitätsleistung für integrierte und biologische Anbauverfahren

Breeding of high quality strawberry cultivars with a high degree of resistance to fungal pathogens for integrated and biological fruit production

Beginn: 01.09.2002 Ende: 30.06.2005

BAZ-4136

Peil, A.

Züchtung von Apfelsorten mit hoher Resistenz gegen pilzliche und bakterielle Schaderreger und hoher Qualitätsleistung für integrierte und biologische Anbauverfahren

Breeding of apple cultivars with high resistance to fungal and bacterial pathogens and high fruit quality for integrated and biological production systems

Daueraufgabe

BAZ-4139

Peil, A.; Dunemann, F.

Teilaufgabe 1: Genetische und phytopathologische Charakterisierung der Resistenzmechanismen gegenüber dem Erreger des Feuerbrands (*E. amylovora*)

Genetic and phytopathological characterization of resistance mechanisms to *E. amylovora*

Beginn: 01.03.2004 Ende: 28.02.2007

BAZ-4139/1

Peil, A.; Höfer, M.

Teilaufgabe 2: Evaluierung des Apfelwildsortiments auf Resistenz gegenüber dem Erreger des Feuerbrands (*E. amylovora*)

Evaluation of the apple wild species collection for resistance to *E. amylovora*

Beginn: 01.04.2003 Ende: 31.03.2007

BAZ-4139/2

Peil, A.; Riedel, M.

Teilaufgabe 3: Vergleichende Kartierung segregierender Populationen zur Evaluierung von Resistenzgenen gegenüber dem Erreger des Feuerbrands (*E. amylovora*) aus unterschiedlichen Resistenzdonoren

Comparative mapping of segregating populations for the evaluation of resistance genes of different resistance donors against *E. amylovora*

Beginn: 01.03.2004 Ende: 28.02.2007

BAZ-4139/3

Schuster, M.

Entwicklung ertragreicher Sauerkirschsornten mit hoher Produktqualität und Resistenz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Monilinia* spp., *Blumeriella jaapii* und *Pseudomonas syringae*) sowie Spätfrosttoleranz

Development of productive sour cherry cultivars with high fruit quality and resistance to *Monilinia* spp., *Blumeriella jaapii* and *Pseudomonas syringae* and tolerance to spring frost

Daueraufgabe

BAZ-4102

Teilaufgabe 1: Resistenz gegenüber der Sprühfleckenkrankheit (*Blumeriella jaapii*) von Sauerkirschsornten und Nutzung von Resistenzdonoren in der Züchtung

Resistance to leaf spot (*Blumeriella jaapii*) of sour cherry cultivars and utilisation of resistant donors in breeding

Beginn: 01.09.2000 Ende: 31.12.2005

BAZ-4102/1

Schuster, M.

Entwicklung von Süßkirschsornten mit Selbstfertilität, hoher Produktivität und Toleranz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Cytospora* spp., *Pseudomonas syringae*)

Development of sweet cherry cultivars with high fruit quality, self-fertility, high productivity and tolerance to diseases (*Cytospora* spp., *Pseudomonas syringae*)

Daueraufgabe

BAZ-4121

Teilaufgabe 1: Resistenz gegenüber der Sprühfleckenkrankheit (*Blumeriella jaapii*) in Süßkirschsornten und Nutzung von Resistenzdonoren in der Züchtung

Resistance to leaf spot (*Blumeriella jaapii*) of sweet cherry cultivars and utilisation of resistant donors in breeding

Beginn: 01.09.2000 Ende: 31.12.2005

BAZ-4121/1

Teilaufgabe 2: Bestimmung der S-Allele in Süßkirschsornten

S-allele identification in sweet cherry cultivars

Beginn: 01.05.2003 Ende: 31.12.2005

BAZ-4121/2

Institut für landwirtschaftliche Kulturen
Institute of Agricultural Crops
Groß Lüsewitz

Darsow, U.

Entwicklung von züchterisch adaptiertem Keimplasma mit *Phytophthora*-Resistenz (Kraut- und Braunfäule) auf breiter genetischer Basis (*Solanum*-Arten)

Breeding of basic material with resistance to *Phytophthora infestans* (foliage and tubers) using a wide range of *Solanum* species

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3114

Darsow, U.; Sonntag, K.

Kombination von Resistenz gegen *Globodera pallida* bzw. *Phytophthora infestans* mit spezifischen Qualitätsmerkmalen bei diploiden Kartoffeln

Combining resistance to *Globodera pallida* or *Phytophthora infestans* with specific quality traits in dihaploid potatoes

Beginn: 01.01.1998 Ende: offen

BAZ-3130

Hackauf, B.; Wehling, P.

Entwicklung molekularer Marker für die Roggenzüchtung

Development of molecular markers for rye breeding

Beginn: 01.06.1996 Ende: offen

BAZ-3136

Hackauf, B.; Wehling, P.; Ruge, B.

Kartierung von Genen für Braunrostresistenz bei Roggen

Mapping of genes for leaf-rust resistance in rye

Beginn: 01.01.1999 Ende: offen

BAZ-3140

Herrmann, M.

Erstellung von züchterisch adaptiertem Keimplasma bei Hafer mit Resistenz gegen Echten Mehltau und Gerstengelbverzwergungsvirus

Development of new oat germplasm with resistance to powdery mildew and barley yellow dwarf virus

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3118

Herrmann, M.

Schaffung von züchterisch adaptiertem Keimplasma bei Wintertriticale mit hoher Standfestigkeit, Krankheitsresistenz und Kornqualität

Development of adapted germplasm material in winter triticale with high lodging resistance, disease resistance and grain quality

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3119

Herrmann, M.

EUCARPIA Triticale Selektionsexperiment

EUCARPIA Triticale Selection Experiment

Beginn: 01.09.2001 Ende: 31.12.2010

BAZ-3147

Herrmann, M.

Quantitativ-genetische Untersuchungen zur Kornqualität an Triticalehybriden und spaltenden Populationen

Investigation of quantitative genetical parameters for kernel quality of triticale hybrids and segregating populations

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-3148

Herrmann, M.

Selektion potenzieller Resistenzquellen gegen Getreidebrand und genetische Merkmalsanalyse
Selection of promising resistance sources against smut and genetical trait analysis

Beginn: 01.01.2004 Ende: 31.12.2008

BAZ-3158

Herrmann, M.

Züchterisch-genetische Optimierung der ernährungsphysiologischen Qualität von Hafer
Optimization of the nutritional quality of the oat grain by breeding research

Beginn: 01.10.2002 Ende: 31.12.2006

BAZ-3160, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Lellbach, H.

Erarbeitung von Selektionsmethoden und -modellen für Kronenrostresistenz bei *Lolium*-Arten
Development of models and methods for selection of crown-rust resistance in *Lolium* species

Beginn: 01.01.1992 Ende: 31.12.2008

BAZ-3106

Lellbach, H.

Erschließung genetischer Variabilität zur Verbesserung der Resistenz gegen *Puccinia coronata* bei *Lolium* spp.
Investigation of genetic variability for improving resistance to *Puccinia coronata* in *Lolium* species

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3110

Lellbach, H.

Identifizierung Cr-Gene in *Lolium multiflorum* und *Festuca* ssp. Introgressionen in *L. multiflorum* mit Hilfe von Spaltungsanalysen

Identification of Cr-genes in *Lolium multiflorum* and *Festuca* ssp. introgressions into *L. multiflorum* by use of genetic analysis

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2008

BAZ-3145

Roux, S. R.

Prüfung und Nutzung nicht adaptierter Herkünfte für die züchterische Bearbeitung wirtschaftlich bedeutender Merkmale bei Roggen

Evaluation and use of non-adapted accessions for breeding of economically important traits in rye

Beginn: 01.01.1996 Ende: offen

BAZ-3122

Roux, S. R.

Untersuchungen zur Nutzung und züchterischen Verbesserung von perennierendem Roggen

Investigations on the use and breeding improvement of perennial rye

Beginn: 01.01.1996 Ende: 31.12.2005

BAZ-3129

Rudloff, E.

Untersuchungen zur Erweiterung der genetischen Basis bei Winterraps und Erzeugung von Basismaterial für den Food- und Non-food-Bereich

Investigations on the improvement of the genetic basis in winter rape and production of basic material for food and non-food utilization

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3109

Rudloff, E.

Genetisch-züchtmethodische Untersuchungen zur Etablierung eines praktikablen Funktionssystems für die Nutzung von Heterosis bei Winterraps (*B. napus*) auf Basis der sporophytischen Selbstinkompatibilität

Investigations on the utilization of self-incompatibility for hybrid seed production in *B. napus*

Beginn: 01.01.1992 Ende: 31.12.2006

BAZ-3120

Rudloff, E.

Die Eignung von transgenem Raps mit gentechnisch bearbeiteten Qualitätseigenschaften als proteinreiches Tierfutter und nachwachsender Rohstoff für die chemische Industrie

The suitability of oilseed rape with genetically engineered quality characters for feeding animals and renewable resource for industrial purposes

Beginn: 01.05.2003 Ende: 31.12.2006

BAZ-3162

Ruge, B.

Die Übertragung von Resistenzen gegen Zwergrost und Mehltau aus *H. bulbosum* in die Kulturgerste und die Identifikation von Introgressionen durch molekulare Marker

Unlocking the secondary gene pool of barley as a genetic resource for disease resistance to leaf rust and powdery mildew

Beginn: 01.01.1997 Ende: offen

BAZ-3134

Ruge, B.

Die Übertragung von Resistenzen gegen den Gelbmosaikviruskomplex aus *Hordeum bulbosum* in die Kulturgerste und ihre Charakterisierung mit molekularen Markern

Unlocking the secondary gene pool of barley as a genetic resource for yellow mosaic-virus resistance

Beginn: 01.01.1996 Ende: offen

BAZ-3115

Ruge, B. ; Ackermann, P.

Erweiterung der genetischen Variabilität für die Resistenz gegen *Rhynchosporium secalis* durch markergestützte Erschließung des sekundären Genpools der Gerste

Broadening the genetic variability for *Rhynchosporium secalis* resistance by unlocking the secondary gene pool of barley

BAZ-3161, gefördert durch Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP)

Scholz, M.

Erzeugung und Charakterisierung neuer interspezifischer Hybriden zwischen *Hordeum vulgare* und *H. bulbosum* zur Übertragung wertvoller Merkmale

Generation and characterization of novel interspecific hybrids between *Hordeum vulgare* and *H. bulbosum* for the transfer of valuable traits

Beginn: 01.01.2001 Ende: offen

BAZ-3149

Sonntag, K.; Rudloff, E.

Erzeugung von homozygotem Ausgangsmaterial zur Selektion von Kreuzungseltern für die Qualitätszüchtung bei Winterraps

Production of homozygous basic material for selection of crossing partners for breeding of winter oilseed rape with high quality

Beginn: 01.01.1998 Ende: offen

BAZ-3127

Thieme, R.; Darsow, U.

Erzeugung und Selektion von Kartoffelgenotypen mit kombinierter Virus- und *Phytophthora*-Resistenz unter Einsatz biotechnologischer Verfahren

Production and selection of potato genotypes with combined resistances to virus and *Phytophthora* by use of biotechnological methods

Beginn: 01.01.1997 Ende: 31.12.2008

BAZ-3128

Wehling, P.; Hackauf, B.

Molekulare Charakterisierung des gametophytischen 2-Faktor-Inkompatibilitätssystems beim Roggen

Molecular characterization of the gametophytic two-factor self-incompatibility system of rye

Beginn: 01.01.1995 Ende: 31.12.2005

BAZ-3111

Wehling, P.; Ruge, B.; Rudloff, E.; Sonntag, K.

Untersuchungen zur Verbesserung der Anbaueignung der Blauen Süßlupine als hochwertige, heimische Eiweißquelle
Improvement of agronomical characters in narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius*)

Beginn: 01.01.2004 Ende: 31.12.2006

BAZ-3163

Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials Groß Lüsewitz

Balko, C.

Selektion von Ackerbohnen-Inzuchtlinien mit differenzierter Prolinakkumulation unter osmotischem Stress und
Untersuchung der Linien auf Unterschiede in der Trockentoleranz/Kältetoleranz

Selection of faba bean inbred lines with differences in proline accumulation under osmotic stress and investigation of
lines regarding differences in drought tolerance/cold tolerance

Beginn: 01.01.2002 Ende: 31.12.2005

BAZ-3344

Balko, C.

Evaluierung genetischer Ressourcen bei Getreide hinsichtlich der Entwicklung des Wurzelsystems unter dem Aspekt
eines schnellen und effektiven Jugendwachstums - besonders für den ökologischen Landbau

Evaluation of genetic resources in cereals regarding development of root system under the aspect of fast and effective
youth growth especially for ecological farming

Beginn: 01.01.2004 Ende: 31.12.2007

BAZ-3350

Balko, C.; Seddig, S.

Evaluierung genetischer Ressourcen von Leguminosen hinsichtlich Trockentoleranz/Frosttoleranz mit dem Ziel der
Verbesserung der Ertragsstabilität unter Berücksichtigung des Proteingehaltes

Evaluation of genetic resources in legumes regarding drought tolerance/frost tolerance aimed to improved yield stabi-
lity under consideration of protein content

Beginn: 01.07.2003 Ende: 30.03.2007

BAZ-3351

Flamme, W.; Jansen, G.

Einzelsamencharakteristik - züchtungsrelevante Analyse von Inhaltsstoffen, Farbe, Härte und Image an
Getreidekörnern

Single seed characterization - breeding relevant analysis of contents, colour, hardness, and image in cereal grains

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-3341

Flamme, W.; Jansen, G.

Untersuchung zur Farbstoffderivation aus Kulturkartoffelstämmen (*Solanum tuberosum* Genpool) und Prüfung der
wirtschaftlichen Nutzbarmachung darin enthaltener Farbpigmente

Investigation into color derivation of cultivated potatoes (*Solanum tuberosum* gene pool) and estimation of economic
usability of their color pigments (Joint project)

Beginn: 01.05.2001 Ende: 30.04.2004

BAZ-3342/1

Flamme, W.; Jansen, G.; Jürgens, H.-U.; Seddig, S.

Selektion von Triticale hinsichtlich der Nutzung zur Stärkegewinnung - Bereitstellung von NIT-Kalibrationen bei
Triticale (FNR-FKZ 2202 7500)

Selection of triticale with regard to starch production - preparation of NIT-calibrations for triticale

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2004

BAZ-3357

Flamme, W.; Jansen, G.; Seddig, S.

Analyse des Rohstoffes, der Stärkeisolation und -charakteristik, der Verarbeitungseigenschaften und der Auswuchs- und Fusariumresistenz von waxy-Weizen

Analysis of raw material, starch isolation and characterization, processing properties and resistance to sprouting and *Fusarium* spp. of waxy wheat

Beginn: 01.07.2003 Ende: 30.09.2005

BAZ-3347

Jansen, G.; Flamme, W.

Evaluiert von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Evaluation of agricultural crops with regard to their potential of marketable natural pigments

Beginn: 01.10.2001 Ende: 31.12.2005

BAZ-3342

Jansen, G.; Flamme, W.

Rheologische und spektroskopische Methoden zur Analyse von Auswuchsschäden bei Getreide

Rheological and spectroscopical methods for analysis of sprouting damages in cereals

Beginn: 01.06.2002 Ende: 31.12.2004

BAZ-3343

Jansen, G.; Seddig, S.; Jürgens, H.-U.; Balko, C.; Flamme, W.

Einfluss von abiotischem Stress und Klimaveränderungen auf die Qualitätseigenschaften landwirtschaftlicher Produkte

Influence of abiotic stress and climatic changes on quality of agricultural products

Beginn: 01.07.2003 Ende: laufend

BAZ-3356

Jürgens, H.-U.

Evaluiert von Genbankmaterial bei Winterraps mit dem Ziel der Schaffung von Ausgangsmaterial zur Herstellung von proteinreichen und qualitativ hochwertigen Futtermitteln bei gleichzeitiger Nutzung des Öls im Food- und Nonfood-Bereich

Evaluation of gene bank material in oilseed rape with the aim of the development of basic material for the production of protein-rich and high-quality feed and for simultaneous use of the oil in food and non-food area

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2005

BAZ-3352

Jürgens, H.-U.

Evaluiert des Acrylamidbildungspotentials aktueller Kartoffelzuchtstämme und -sorten in Verarbeitungsprozess in Beziehung zu definierten Inhaltsstoffen

Evaluation of current potato breeding clones and varieties with respect to potential of acrylamide formation during processing relating to defined ingredients on acrylamide formation

Beginn: 01.07.2003 Ende: 31.12.2006

BAZ-3355

Seddig, S.; Flamme, W.

Untersuchung der Keimruhe und des Auswuchsverhaltens von Getreide mit und ohne Wasserstress (Provokation)

Investigation of seed dormancy and sprouting behaviour of cereals with and without water stress (provocation)

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-3340

Seddig, S.; Jansen, G.; Jürgens, H.-U.; Flamme, W.

Analyse der Inhaltsstoffe und Eigenschaften von Samen und Keimlingen ökologisch angebaute Nutzpflanzen unter besonderer Berücksichtigung der Stärke, der Nichtstärkepolysaccharide (NSP), der Proteine, der Aktivität der Amylasen und ihrer proteinogenen Inhibitoren, der Aminosäuren, der Vitamine und ausgewählter Sekundärstoffwechselprodukte

Analysis of the content, composition and properties of seeds and sprouts gained from ecologically cultivated crops regarding starch, non-starch polysaccharides, proteins, amylases and their proteinaceous inhibitors, amino acids, vitamins and selected products of the secondary metabolism

Beginn: 01.10.2002 Ende: 31.12.2005

BAZ-3346

Seddig, S.; Jansen, G.; Balko, C.; Flamme, W.

Evaluierung genetischer Ressourcen, Landsorten und aktueller Sorten zur Erstellung von Arbeitssortimenten (Getreide, Kartoffeln, Leguminosen) mit Bedeutung für den ökologischen Landbau unter besonderer Berücksichtigung der Qualität

Evaluation of genetic resources, land races and relevant varieties for the establishment of assortments (cereals, potatoes, legumes) with importance for ecological farming in special consideration of the quality

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2006

BAZ-3345

Wegener, C.

Proteom-Analyse an transgenen Kartoffeln (*Solanum tuberosum* L.) mit verbesserter Nassfäuleresistenz

Proteome-Analysis using transgenic potatoes (*Solanum tuberosum* L.) with improved soft rot resistance

Beginn: 01.01.2004 Ende: 31.12.2007

BAZ-3349

Wegener, C.

Auswirkungen der endogenen Pektatlyase 1 auf die Aktivierung von pflanzlichen Resistenzmechanismen in transgenen Kartoffeln (*Solanum tuberosum* L.).

Effect of an endogenous pectate lyase 1 on the induction of plant defence mechanisms in transgenic potatoes (*Solanum tuberosum* L.)

Beginn: 01.01.2004 Ende: 31.12.2007

BAZ-3354

Institut für gartenbauliche Kulturen Institute of Horticultural Crops Quedlinburg

Klocke, E.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Schumann, G.

Erzeugung neuer Resistenz gegen das TuMV bei verschiedenen Brassicaceae

Creation of new resistances to *Turnip mosaic virus* in various Brassicaceae

Beginn: 01.11.2002 Ende: 31.12.2005

BAZ-1165

Krämer, R.; Marthe, F.; Klocke, E.; Ryschka, U.; Schumann, G.

Charakterisierung und Bewertung der Turnip mosaic virus (TuMV)-Resistenz in Linien und Kreuzungsnachkommen-schaften selektierter Kohlformen (*Brassica oleracea*) sowie in somatischen *Brassica*-Hybriden

Characterization and evaluation of Turnip mosaic virus (TuMV) resistance in lines and progenies of selected cabbage (*Brassica oleracea*) as well as in somatic *Brassica* hybrids

Beginn: 01.07.2000 Ende: 31.03.2004

BAZ-1156

Marthe, F.; Scholze, P.; Krüger, H.

Charakterisierung der Resistenz gegenüber dem Erreger der *Septoria*-Blattfleckenkrankheit (*Septoria petroselini*) im Zusammenhang mit den Inhaltsstoffprofilen der ätherischen Öle von Petersilie (*Petroselinum crispum*)

Characterization of resistance to *Septoria* leaf spots (*Septoria petroselini*) in connection with essential oil profiles of parsley (*Petroselinum crispum*)

Beginn: 01.04.2002 Ende: 31.03.2004

BAZ-1159

Marthe, F.; Ryschka, U.; Scholze, P.; Richter, K.; Krämer, R.; Kecke, S.
Erzeugung von Linien mit neuen Resistenzen aus allotetraploiden Hybridnachkommenschaften der Kombinationen Kohl (*Brassica oleracea*) und Schwarzer Senf (*B. nigra*), Sareptasenf (*B. juncea*), Abessinischer Senf (*B. carinata*) bzw. Rettich (*Raphanus sativus*)
Generation of lines with new resistances from progenies of allotetraploids of the combination of cabbage (*Brassica oleracea*) with black mustard (*B. nigra*), Indian mustard (*B. juncea*), Abyssinian mustard (*B. carinata*) and radish (*Raphanus sativus*), respectively
Beginn: 01.04.2002 Ende: 31.03.2005
BAZ-1160

Nothnagel, T.; Frese, L.
Die Zukunft der europäischen Möhre: ein Programm zur Konservierung, Charakterisierung, Evaluierung und Sammlung von Möhren und Wildarten
The Future of the European Carrot: a programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild species
Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2003
BAZ-1152, gefördert durch EU

Nothnagel, T.; Straka, P.; Ehrig, F.
Morphologische Charakterisierung und genetische sowie molekulare Analyse der epikutikulären Wachsschicht der Laubblätter von *Daucus* spp.
Morphological characterisation and the genetic as well as molecular analyses of the epicuticular wax layer of the leaves of *Daucus* spp.
Beginn: 01.02.2001 Ende: 01.02.2004
BAZ-1157

Pank, F.
Entwicklung von Basismaterial für die Züchtung von Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *vulgare*) mit Resistenz gegen *Mycosphaerella anethi*
Development of starting material for the breeding of bitter fennel (*Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *vulgare*) with resistance to *Mycosphaerella anethi*
Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004
BAZ-1154

Pank, F.
Entwicklung von Linien des einjährigen Kümmels (*Carum carvi* L. var. *annuum*) für die Züchtung ertragreicher synthetischer Sorten
Development of annual caraway lines (*Carum carvi* L. var. *annuum*) for the breeding of high yield synthetic varieties
Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004
BAZ-1155

Pank, F.
Genetische und pflanzenbauliche Grundlagen für die Erzeugung von kleinfrüchtigem Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare* Mill.) im traditionellen Anbau von Sachsen-Anhalt
Genetical and agronomical fundamentals for the production of pharmaceutically used fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.) in the traditional crop area in Saxony-Anhalt
Beginn: 01.02.2001 Ende: 30.04.2004
BAZ-1158, gefördert durch das Land Sachsen-Anhalt

Pank, F.; Kästner, U.; Scholze, P.
Entwicklung von Basismaterial des Johanniskrautes (*Hypericum perforatum* L.) und seine Verwendung zur Merkmalsübertragung bei der Züchtung welkeresistenter Sorten
Development of starting material of Saint John's Wort (*Hypericum perforatum* L.) and its use for trait transfer in breeding of wilt resistant varieties
Beginn: 01.12.2000 Ende: 31.03.2004
BAZ-1153, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Pank, F.; Pfefferkorn, A.

Carvacrolhaltige Bohnenkrautextrakte (*Satureja hortensis* L.) für Naturstoffprodukte mit antimikrobieller und antioxidativer Wirkung für Pharmazie, Lebensmittelindustrie und Kosmetik. Teilprojekt 1: Prebreeding

Carvacrol containing extracts of summer savory (*Satureja hortensis* L.) as natural products with antimicrobial and antioxidative effect for use in pharmacy, food industry and cosmetics. Subtask 1: Prebreeding

Beginn: 01.11.2002 Ende: 31.07.2006

BAZ-1162, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Pank, F.; Mewes, S.

Rohstoffoptimierung für die Herstellung von Thymianfluidextrakt und *Thymi herba* unter Berücksichtigung der Bedingungen im traditionellen Anbaugebiet des Harzvorlandes - Teilprojekt 1: Prebreeding

Raw material optimisation for the production of thyme fluid extract and *thymi herba* with respect to the conditions in the traditional cultivation area of the foothills of the Harz mountains - Subtask 1: Prebreeding

Beginn: 01.04.2002 Ende: 28.02.2006

BAZ-1161, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Peterka, H.; Budahn, H.; Schrader, O.; Schütze, W.

Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz gegen den Nematoden *Heterodera schachtii* aus *Raphanus*

Development of molecular markers for resistance to the nematode *Heterodera schachtii* from *Raphanus*

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2004

BAZ-1143

Peterka, H.; Budahn, H.; Schrader, O.

Erweiterung der genetischen Variabilität von Gemüsearten der Gattung *Allium* zur Erhöhung der Resistenz

Broadening of genetic variability in *Allium* vegetables for resistance improvement

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2006

BAZ-1166

Schrader, O.; Baeza Perry C. M.; Budahn, H.; Peterka, H.

Molekular-zytogenetische Analyse karyotypischer Differenzierung zwischen Arten innerhalb der Gattungen *Allium* und *Alstroemeria*

Molecular-cytogenetic analysis of karyotypic differentiation between species within genera of *Allium* and *Alstroemeria*

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2004

BAZ-1167

Institut für Pflanzenanalytik Institute of Plant Analysis Quedlinburg

Hoberg, E.

Die Variabilität der sensorischen Qualität von Spargelgenotypen als Reaktion auf Kulturmethode und Nacherntebehandlung

The variability of the sensory quality of asparagus in response to cultivation and post-harvest treatment

Beginn: 01.01.2003 Ende: 30.01.2006

BAZ-1249

Krüger, H.

Die Variabilität von Enantiomeren in ätherischen Ölen von Arznei- und Gewürzpflanzen

Variability of enantiomers in the essential oils of medicinal and spice plants

Beginn: 01.04.2000 Ende: 31.12.2004

BAZ-1229

Krüger, H.

Minderung toxikologischer Risiken durch Beeinflussung der Biosynthese von Methyleugenol und Estragol in Basilikum

Minimisation of toxic risks by influence on the biosynthesis of methyleugenol and estragole in basil

Beginn: 01.06.2002 Ende: 30.09.2005

BAZ-1240

Krüger, H.
Gewinnung und Einsatz von Majoranöl in der kosmetischen und pharmazeutischen Industrie
Isolation and use of marjoram oil in the cosmetic and pharmaceutical industry
Beginn: 01.10.2002 Ende: 30.06.2004
BAZ-1241, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), Innoregio-Programm,
Rephyna e.V.

Krüger, H.
Aufbau einer Datenbank für Inhaltsstoffe aus Arznei- und Gewürzpflanzen
Building up a data base for the contents of medicinal and aromatic plants
Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2004
BAZ-1251

Krüger, H.
Analytische Charakterisierung von Heil- und Gewürzpflanzen aus Wert- und Registerprüfung des Bundessortenamtes
Analytical characterization of medicinal and aromatic plants tested for the Federal Office of Plant Varieties
Beginn: 01.01.2002 Daueraufgabe
BAZ-1245

Quilitzsch, R.
Anwendung von NIRS-Kalibrierungen bei der Evaluierung von Obst- und Gemüsepopulationen im Hinblick auf
Qualität
Use of NIRS calibrations for evaluation of populations of fruit and vegetables with respect to quality
Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2004
BAZ-1247

Schütze, W.
Identifizierung von Pflanzeninhaltsstoffen mittels LC-MS und Aufbau einer MS-Bibliothek
Identification of plant substances by LC/MS and development of a MS-library
Beginn: 01.06.2002 Ende: 31.12.2005
BAZ-1244

Schütze, W.
Biofumigation von *Sinapis alba* und *Raphanus sativus* - Screening des Glucosinolatgehaltes/Glucosinolatverteilungs-
musters von Gelbsenf- und Ölrettichstämmen während der Blüte
Biofumigation of *Sinapis alba* and *Raphanus sativus* - screening of glucosinolate content/glucosinolate distribution
patterns of *Sinapis alba* and *Raphanus sativus* lines at flowering
Beginn: 01.10.2002 Ende: 30.09.2005
BAZ-1246

Schulz, H.
Entwicklung hochwertiger Extrakte und Destillate aus neuen *Allium*-Arten und -Hybriden mit verbessertem Aroma-
und Gesundheitswert
Development of high-quality extracts and distillates from new *Allium* species and hybrids with improved aroma and
health value
Beginn: 01.10.2002 Ende: 30.11.2004
BAZ-1243, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), Innoregio-Programm,
Rephyna e.V.

Schulz, H.
Charakterisierung sekundärer Pflanzeninhaltsstoffe in Medizinal-, Gewürz- und Färbepflanzen einschließlich der da-
raus hergestellten Produkte mit Hilfe schwingungsspektroskopischer Methoden
Characterization of secondary metabolites in medicinal, aromatic and dyeing plants including the relating products by
vibrational spectroscopy methods
Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2005
BAZ-1250, gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

Ulrich, D.

Vergleichende Qualitätsuntersuchungen von alten und neuen Gemüsesorten zur Entwicklung von Zuchtzielen für den ökologischen Gemüsebau

Comparative investigations on old and new vegetable cultivars for the development of breeding targets for ecological agriculture

Beginn: 01.10.2002 Ende: 29.02.2004

BAZ-1238

Ulrich, D.; Straka, P.; Nothnagel, T.

Bestimmung von Aromamustern zur Genomkartierung bei Möhren (*Daucus carota* L.)

Estimation of aroma patterns for genome mapping of carrots (*Daucus carota* L.)

Beginn: 01.01.2002 Ende: 01.01.2005

BAZ-1234

Arbeitsgruppe Elektronische Datenverarbeitung Data Processing Unit Quedlinburg

Kecke, S.; Marthe, F.; Schütze, W.; Schumann, G.; Ryschka, U.; Krämer, R.; Klocke, E.; Scholze, P.

Analyse und Strukturierung der in der Züchtungsforschung der BAZ anfallenden pflanzenbezogenen Daten und Entwurf eines datenbankbasierten "Datenspeichersystems Pflanze" (DSP)

Analysis and structuring of data compiled from BAZ breeding research and development of a database aided "data storage system plant" (DSP)

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2005

BAZ-9004

Kecke, S.; Marx, G.

Untersuchung der Kopplung mathematisch-statistischer Analyse- und Recherchemethoden an den "Datenspeicher Pflanze" (DSP) mit dem Ziel, der Züchtungsforschung angepasste Werkzeuge zur Handhabung und Auswertung komplexer Datenmengen zur Verfügung zu stellen

Development of mathematic-statistical methods of analysis and search for the "data storage system plant" (DSP) with the aim to equip breeding research with appropriate tools for the management and interpretation of complex data volumes

Beginn: 01.01.2003 Ende: 31.12.2005

BAZ-9005

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof Siebeldingen

Bornhoff, B.-A.; Harst, M.; Zyprian, E.; Töpfer, R.

Erweiterung der genetischen Basis von Sorten- und Zuchtmaterial durch Gentransfer

Agrobacterium tumefaciens-mediated genetic transformation of grapevine

Beginn: 01.03.1997 Ende: offen

BAZ-5136

Bornhoff, B.-A.; Töpfer, R.; Harst, M.

Bestimmung des vertikalen Gentransfers bei der Weinrebe

Monitoring of out-crossing on transgenic grapevine (*Vitis vinifera* L.)

Beginn: 01.04.2002 Ende: 01.04.2005

BAZ-5144

Bornhoff, B.-A.; Töpfer, R.; Harst, M.;
Sicherheitsforschung: Monitoring transgener Reben im Freiland
Field release of transgenic grapevines (*Vitis vinifera* L.)
Beginn: 01.03.1999 Ende: 01.03.2009
BAZ-5145

Dettweiler, E.; Zyprian, E.; Jung, A.; Töpfer, R.
Identifizierung von Rebsorten mit morphologischen Merkmalen und molekularen Markern
Identification of grapevine cultivars with morphological descriptors and molecular markers
Beginn: 01.01.1990 Ende: offen
BAZ-5126

Düring, H.
Untersuchung von Werteigenschaften bei neuem aussichtsreichem Zuchtmaterial
Evaluation of important characters of new promising breeding material
Beginn: 01.01.1984 Ende: offen
BAZ-5107

Eibach, R.
Züchtung von Reben mit hoher Resistenz gegen pilzliche Krankheiten (*Plasmopara*, *Oidium*, *Botrytis*) und hoher
Qualitätsleistung
Breeding of vines resistant to fungus diseases (*Plasmopara*, *Oidium*, *Botrytis*) with high quality
Beginn: 01.01.1970 Ende: offen
BAZ-5101

Eibach, R.
Evaluierung von *Vitis*-Arten auf Resistenzeigenschaften
Evaluation of *Vitis* species on resistance characteristics
Beginn: 01.01.1999 Ende: offen
BAZ-5137

Eibach, R.; Harst, M.
Die Erhaltungszüchtung neuer Rebsorten
Maintenance breeding of vine varieties
Beginn: 01.01.1970 Ende: offen
BAZ-5102

Eibach, R.; Maul, E.
Evaluierung der genetischen Ressourcen auf züchterisch wertvolle Eigenschaften
Evaluation of the genetic resources with regard to important breeding characteristics
Beginn: 01.01.1990 Ende: offen
BAZ-5105

Eibach, R.; Maul, E.; Harst, M.
Untersuchung zur Erhaltung der genetischen Ressourcen der Rebe
Investigations for maintenance of genetic resources of grapevines
Beginn: 01.01.1984 Ende: offen
BAZ-5106

Eibach, R.; Töpfer, R.
Untersuchungen über die Aromastoffe des Mostes und des Weines: terpenoide Verbindungen, Sortencharakterisierung
Investigations on aroma compounds of must and wine: terpene compounds, varietal characterization
Beginn: 01.01.1989 Ende: offen
BAZ-5123

Harst, M.; Bornhoff, B.-A.
Optimierung der Transformationsfrequenz bei verschiedenen Rebgenotypen
Optimization of transformation frequency for different grapevine genotypes
Beginn: 01.01.1999 Ende 31.12.2005
BAZ-5147

Klenert, M.; Köglmeier, W.
Dokumentation der Weinbauforschung
Documentation of Viticulture
Beginn: 01.01.1962 Ende: fortlaufende Aufgabe
gefördert durch Ministerium für Wirtschaft, Verkehr, Landwirtschaft und Weinbau, Mainz

Töpfer, R.; Harst, M.
Untersuchungen zur Verbesserung der Konversionsrate im Zuge der Keimung somatischer Embryonen
Examinations to improve the conversion rate of somatic embryos
Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2006
BAZ-5148

Töpfer, R.; Hausmann, L.
Optimierte binäre Vektoren für die Herstellung transgener Pflanzen ohne unerwünschte Sequenzen
Optimized binary vectors for the generation of transgenic plants without undesired sequences
Beginn: 01.04.2001 Ende: 31.03.2004
BAZ-5140, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Zyprian, E.
Molekulare Charakterisierung der *Uncinula necator*-Resistenz in der Weinrebe
Molecular characterization of *Uncinula necator* resistance in grapevines
Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2006
BAZ-5143

Zyprian, E.; Eibach, R.; Töpfer, R.; Akkurt, M.
Entwicklung molekularer Marker für Pilzresistenz und andere züchterisch wertvolle Eigenschaften der Weinrebe, Kartierung und Genomanalyse
Development of molecular markers for fungal disease resistance and other agronomically important traits, mapping and genome analysis
Beginn: 01.01.1993 Ende: offen
BAZ-5115

Zyprian, E.; Töpfer, R.
Physikalische Kartierung und molekulare Analyse züchterisch relevanter Regionen des Rebgenoms
Physical mapping and molecular analysis of regions which are relevant to breeding of the grapevine genome
Beginn: 01.01.1996 Ende: offen
BAZ-5133

VI. Sammlung pflanzenpathogener Schaderreger

Collection of Pathogens

Im Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben werden Pathogenisolate, Pathovarietäten, Rassen bzw. Virulenzkombinationen und Aphiden in einer umfangreichen Sammlung erhalten sowie ständig durch neue Isolate ergänzt, die im Rahmen der Forschungsarbeiten nachgewiesen werden. Die vorhandenen Virus-, Bakterien- und Pilzisolat sowie die Aphidenarten stehen vorrangig für Arbeiten in der BAZ, aber auch für Nutzer aus anderen Einrichtungen zur Verfügung, wobei die Entgeltordnung der BAZ Anwendung findet.

The Institute of Epidemiology and Resistance Aschersleben has a large collection of pathogen isolates, pathotypes, races, combinations of virulences and aphids. The collection will be supplemented continuously with new isolates connected with the different research projects.

The isolates of viruses, bacteria and fungi as well as species of aphids are mainly used for studies within the BAZ, but other institutions can make use of the collection, too, for a consideration according to the fee list of BAZ.

1. Virussammlung/Virus Collection

Betreuer/Curator: Habekuß, A.

Familie/Family	Gattung/Genus	Art/Species	Anzahl Isolate/Number of Isolates
<i>Bromoviridae</i>	<i>Alfavirus</i>	<i>Alfalfa mosaic virus</i>	3
	<i>Bromovirus</i>	<i>Brome mosaic virus</i>	1
	<i>Cucumovirus</i>	<i>Cucumber mosaic virus</i>	10
		<i>Peanut stunt virus</i>	1
	<i>Tomato aspermy virus</i>	1	
	<i>Iilarvirus</i>	<i>Prunus necrotic ringspot virus</i>	1
<i>Bunyaviridae</i>	<i>Tospovirus</i>	<i>Tomato spotted wilt virus</i>	3
<i>Caulimoviridae</i>	<i>Caulimovirus</i>	<i>Cauliflower mosaic virus</i>	1
<i>Comoviridae</i>	<i>Fabavirus</i>	<i>Broad bean wilt virus</i>	1
	<i>Nepovirus</i>	<i>Arabid mosaic virus</i>	2
		<i>Cherry leaf roll virus</i>	2
		<i>Strawberry latent ringspot virus</i>	1
		<i>Tomato black ring virus</i>	4
<i>Luteoviridae</i>	<i>Luteovirus</i>	<i>Barley yellow dwarf virus-PAV</i>	1
	<i>Polerovirus</i>	<i>Beet western yellows virus</i>	7
		<i>(Turnip yellows virus)</i>	
		<i>Beet mild yellowing virus</i>	3
<i>Potyviridae</i>	<i>Bymovirus</i>	<i>Barley mild mosaic virus</i>	1
		<i>Barley yellow mosaic virus</i>	2
	<i>Potyvirus</i>	<i>Bean common mosaic virus</i>	1
		<i>Bean yellow mosaic virus</i>	1
		<i>Beet mosaic virus</i>	1
		<i>Cocksfoot streak virus</i>	1
		<i>Leek yellow stripe virus</i>	1
		<i>Lettuce mosaic virus</i>	1
		<i>Maize dwarf mosaic virus</i>	1
		<i>Papaya ringspot virus</i>	1
		<i>Plum pox virus</i>	1
		<i>Potato virus Y</i>	2
		<i>Turnip mosaic virus</i>	15
	<i>Watermelon mosaic virus</i>	1	
<i>Rymovirus</i>	<i>Ryegrass mosaic virus</i>	2	
<i>Tritimovirus</i>	<i>Brome streak virus</i>	1	
	<i>Oat necrotic mottle virus</i>	1	

Familie/Family	Gattung/Genus	Art/Species	Anzahl Isolate/ Number of Isolates
<i>Tombusviridae</i>	<i>Dianthovirus</i>	<i>Carnation ringspot virus</i>	2
	<i>Necrovirus</i>	<i>Tobacco necrosis virus</i>	2
	<i>Tombusvirus</i>	<i>Cucumber necrosis virus</i>	1
		<i>Tomato bushy stunt virus</i>	2
	<i>Benyvirus</i>	<i>Beet necrotic yellow vein virus</i>	2
	<i>Carlavirus</i>	<i>Poplar mosaic virus</i>	1
		<i>Potato virus M</i>	3
		<i>Potato virus S</i>	1
	<i>Furovirus</i>	<i>Soil-borne cereal mosaic virus</i>	1
	<i>Hordeivirus</i>	<i>Barley stripe mosaic virus</i>	1
	<i>Pomovirus</i>	<i>Beet soil-borne virus</i>	2
	<i>Potexvirus</i>	<i>Hydrangea ringspot virus</i>	1
		<i>Potato virus X</i>	1
	<i>Sobemovirus</i>	<i>Ryegrass mottle virus</i>	2
<i>Sowbane mosaic virus</i>		1	
<i>Tobamovirus</i>	<i>Cucumber green mottle mosaic virus</i>	2	
	<i>Tobacco mosaic virus</i>	2	
	<i>Tomato mosaic virus</i>	1	
<i>Tobravirus</i>	<i>Tobacco rattle virus</i>	4	
<i>Tymovirus</i>	<i>Belladonna mottle virus</i>	1	
	<i>Erysimum latent virus</i>	1	
	<i>Turnip yellow mosaic virus</i>	1	

2. Bakteriensammlung/Bacteria Collection

Betreuer/Curator: Richter, K.

Gattung/Genus	Art/Species	Unterart/Subspecies	Anzahl Isolate/ Number of Isolates
<i>Clavibacter</i>	<i>michiganensis</i>	<i>michiganensis</i>	3
<i>Clavibacter</i>	<i>michiganensis</i>	<i>sepedonicus</i>	12
<i>Erwinia</i>	<i>amylovora</i>		110
<i>Erwinia</i>	<i>carotovora</i>	<i>carotovora</i>	5
<i>Pseudomonas</i>	<i>syringae</i>	<i>lachrymans</i>	1
<i>Pseudomonas</i>	<i>syringae</i>	<i>pisi</i>	2
<i>Pseudomonas</i>	<i>syringae</i>	<i>phaseolicola</i>	1
<i>Ralstonia</i>	<i>solanacearum</i>		4
<i>Xanthomonas</i>	<i>campestris</i>	<i>campestris</i>	107
<i>Xanthomonas</i>	<i>hortorum</i>	<i>pelargonii</i>	86

3. Pilzsammlung/Fungi Collection

Betreuer/Curator: Kopahnke, D.

fakultative Pilze/facultative fungi

Gattung/Genus	Art/Species	Anzahl Isolate/ Number of Isolates
<i>Alternaria</i>	<i>brassicae</i>	2
<i>Ascochyta</i>	<i>fabae</i>	8
<i>Ascochyta</i>	<i>pisi</i>	5

Gattung/Genus	Art/Species	Anzahl Isolate/ Number of Isolates
<i>Botrytis</i>	<i>cinerea</i>	1
<i>Cladosporium</i>	<i>fulvum</i>	1
<i>Drechslera</i>	<i>sorokiniana</i>	1
<i>Drechslera</i>	<i>teres f. teres</i>	50
<i>Drechslera</i>	<i>teres f. maculata</i>	2
<i>Drechslera</i>	<i>tritici-repentis</i>	6
<i>Fusarium</i>	<i>avenaceum</i>	23
<i>Fusarium</i>	<i>culmorum</i>	14
<i>Fusarium</i>	<i>equiseti</i>	10
<i>Fusarium</i>	<i>gibbosum</i>	4
<i>Fusarium</i>	<i>graminearum</i>	3
<i>Fusarium</i>	<i>oxysporum</i>	20
<i>Fusarium</i>	<i>poae</i>	3
<i>Fusarium</i>	<i>sambucinum</i>	6
<i>Fusarium</i>	<i>solani</i>	5
<i>Laetisaria</i>	<i>fuciformis</i>	100
<i>Limonomyces</i>	<i>roseipellis</i>	9
<i>Mastigosporium</i>	<i>muticum</i>	12
<i>Mycosphaerella</i>	<i>pinodes</i>	5
<i>Phoma</i>	<i>lingam</i>	4
<i>Phoma</i>	<i>medicaginis var. pinodella</i>	5
<i>Phomopsis</i>	<i>fabae</i>	7
<i>Rhizoctonia</i>	<i>solani</i>	7
<i>Rhynchosporium</i>	<i>orthosporum</i>	40
<i>Verticillium</i>	<i>dahliae</i>	4

obligate Pilze/obligate fungi

Gattung/Genus	Art/Species	Rassen/Races	Anzahl Isolate/ Number of Isolates
<i>Polymyxa</i>	<i>betae</i>	-	80
<i>Polymyxa</i>	<i>graminis</i>	-	12
<i>Puccinia</i>	<i>hordei</i>	6	20
<i>Puccinia</i>	<i>triticea</i>	7	55

4. Aphidenartensammlung/Collection of Aphid Species

Betreuer/Curator: Schliephake, E.

Art/Species	Art/Species
<i>Acyrtosiphum pisum</i> (rote Rasse)	<i>Aphis nasturtii</i>
<i>Acyrtosiphum pisum</i> (grüne Rasse)	<i>Aphis pomi</i>
<i>Aphis craccivora</i>	<i>Aulacorthum circumflexum</i>
<i>Aphis fabae</i>	<i>Aulacorthum solani</i>
<i>Aphis frangulae</i>	<i>Brachycorynella asparagi</i>

Art/Species	Art/Species
<i>Brevicoryne brassicae</i>	<i>Myzus nicotianae</i>
<i>Macrosiphum euphorbiae</i>	<i>Myzus persicae</i>
<i>Macrosiphoniella sanborni</i>	<i>Nasonovia ribes-nigri</i>
<i>Macrosiphum albifrons</i>	<i>Rhopalosiphum maidis</i>
<i>Megoura viciae</i>	<i>Rhopalosiphum padi</i>
<i>Metopolophium dirhodum</i>	<i>Sitobion avenae</i>

VII. Serumbank

Serum Bank

Übersicht über die in der BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben, vorhandenen monoklonalen Antikörper und polyklonalen Antisera. Die vorhandenen Seren stehen für Arbeiten in der BAZ und für andere Forschungseinrichtungen zur Verfügung.

The BAZ Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics, Aschersleben, maintains a collection of monoclonal antibodies and polyclonal antisera. The sera are used for BAZ research projects, but they are made available to other research institutions, too.

1. Monoklonale Antikörper/(Hybridomzelllinien)/Monoclonal Antibodies/(Hybridoma cell lines) Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

1.1 Viren/Viruses

Barley yellow dwarf virus-PAV
Beet necrotic yellow vein virus
Beet western yellows virus
Isolat BN-5
Isolat LP-2/8
Isolat 120
Beet yellows virus
Cucumber mosaic virus
Potato virus A
Potato virus M
Potato virus X
Potato virus Y
Ryegrass mosaic virus

1.2 Bakterien/Bacteria

Clavibacter michiganensis
subsp. *michiganensis*
Clavibacter michiganensis
subsp. *sepedonicus*
Xanthomonas hortorum pv. *pelargonii*
Xanthomonas campestris pv. *campestris*
Isolat 2Rot2 und 1Wi2

2. Polyklonale Antisera (für ELISA)/Polyclonal Antisera (for ELISA) Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

2.1 Viren/Viruses

Genus *Alfavirus*
Alfalfa mosaic virus
Genus *Alphacryptovirus*
Beet cryptic virus 1
Beet cryptic virus 2
Genus *Benyvirus*
Beet necrotic yellow vein virus
Genus *Bromovirus*
Brome mosaic virus
Genus *Bymovirus*
Barley mild mosaic virus
Barley mild mosaic virus (P1-Protein)
Barley mild mosaic virus (P2-Protein)
Barley yellow mosaic virus
Wheat spindle streak mosaic virus

1.3 Pilze/Fungi

Drechslera teres
Fusarium culmorum

1.4 Synthetische Peptide und andere Antigene/ Synthetic peptides and other antigens

NIb Region von Potyviren
Thaumatococcus-like Protein (T8)
c-myc-746
Luteo-ORF-1B

Genus *Cucumovirus*
Cucumber mosaic virus
 Serotype ToRS
 Serotype DTL
Peanut stunt virus
 Isolat PSV
 Isolat Robinia mosaic virus
Tomato aspermy virus

Genus *Dianthovirus*
Carnation ringspot virus

Genus *Enamovirus*
Pea enation mosaic virus - 1

Genus *Fabavirus*
Broad bean wilt virus 1

Genus *Furovirus*
Soil-borne cereal mosaic virus
Soil-borne wheat mosaic virus

Genus *Hordeivirus*
Barley stripe mosaic virus

Genus *Illarvirus*
Apple mosaic virus
Prune dwarf virus
Prunus necrotic ringspot virus

Genus *Luteovirus*
Barley yellow dwarf virus PAV

Genus *Necrovirus*
Tobacco necrosis virus

Genus *Nepovirus*
Arabis mosaic virus
Cherry leafroll virus
Grapevine fanleaf virus
Raspberry ringspot virus
Strawberry latent ringspot virus
Tomato black ring virus

Genus *Polerovirus*
Beet mild yellowing virus
Beet western yellows virus
(Syn. Turnip yellows virus)
Beet western yellows virus
 ORF 0
 ORF 1B
Potato leafroll virus

Genus *Potexvirus*
Hydrangea ringspot virus
Lolium latent virus
Pepino mosaic virus
Potato aucuba mosaic virus
Potato virus X

Genus *Potyvirus*
Apium virus Y
Asparagus virus 1
Bean common mosaic virus
Bean yellow mosaic virus
Beet mosaic virus
Celery mosaic virus
Clover yellow vein virus
Carrot thin leaf virus
Henbane mosaic virus

Leek yellow stripe virus
Lettuce mosaic virus
Maize dwarf mosaic virus
Onion yellow dwarf virus
Papaya ringspot virus
Pea seed-borne mosaic virus
Plum pox virus
Potato virus A
Potato virus A (rekombinantes CP)
Potato virus A (HC-Pro)
Potato virus V
Potato virus Y
Potato virus Y (NIb-Protein)
Soybean mosaic virus
Turnip mosaic virus
Watermelon mosaic virus

Genus *Rymovirus*
Agropyron mosaic virus
Hordeum mosaic virus
Ryegrass mosaic virus

Genus *Ipomovirus*
Sweet potato mild mottle virus

Genus *Sobemovirus*
Ryegrass mottle virus

Genus *Tobamovirus*
Tobacco mosaic virus
Tomato mosaic virus

Genus *Tobravirus*
Tobacco rattle virus

Genus *Tombusvirus*
Petunia asteroid mosaic virus
Tomato bushy stunt virus

Genus *Trichovirus*
Apple chlorotic leafspot virus

Genus *Tritimovirus*
Brome streak mosaic virus
Oat necrotic mottle virus
Wheat streak mosaic virus

Genus *Tymovirus*
Erysimum latent virus
Turnip yellow mosaic virus

nicht gruppiert
Cucumber leaf spot virus
Mykovirus aus Fusarium graminearum

2.2 Bakterien/Bacteria

Acidovorax valerianellae
Clavibacter michiganensis subsp.
michiganensis
Clavibacter michiganensis subsp. *sepedonicus*
Erwinia amylovora
Erwinia carotovora subsp. *atroseptica*
Erwinia carotovora subsp. *carotovora*
Erwinia herbicola
Pseudomonas savastanoi pv. *glycinea*
Pseudomonas savastanoi pv. *phaseolicola*
Pseudomonas syringae pv. *tomato*

Ralstonia solanacearum
Rhodococcus fascians
Xanthomonas axonopodis pv. *begoniae*
Xanthomonas axonopodis pv. *manihotis*
Xanthomonas axonopodis pv. *vignicola*
Xanthomonas campestris pv. *armoraciae*
Xanthomonas campestris pv. *campestris*
Xanthomonas hortorum pv. *pelargonii*
Xanthomonas translucens pv. *translucens*
Xanthomonas translucens pv. *undulosa*

2.3 Pilze/Fungi

Alternaria f. sp. *dauci*
Drechslera teres
Fusarium culmorum
Fusarium graminearum
Fusarium oxysporum f. sp. *pisi*
Laetisaria fuciformis
Limonomyces roseipellis
Mastigosporium muticum
Microdochium nivale
Passalora punctum
Phoma betae
Phoma lingam

Phomopsis diachenii
Phytophthora nicotianae
Plasmodiophora brassicae
Polymyxa graminis
Pseudocercospora herpotrichoides
Pyrenophora tritici-repentis
Rhynchosporium secalis
Septoria nodorum
Verticillium dahliae

2.4 Enzyme/Enzymes

β -1,3-D-Glucanase aus *Helix pomatia*
Glucuronidase
Lävansucrase
Laccase aus *Rhus vernificera*
T4-Lysozym

VIII. Sondenbank Probe Bank

In der BAZ wird im Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik Aschersleben eine DNA-Sondenbank geführt, die an diesem und anderen Instituten aus *Hordeum vulgare* entwickelt worden ist. Die Sonden stehen anderen Forschungseinrichtungen kostenlos, Privatunternehmen gegen eine Lizenzgebühr zur Nutzung zur Verfügung.

The BAZ Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics Aschersleben maintains a DNA probe repository. The probes are developed from *Hordeum vulgare* at this and other institutes. The probes are made available to other research institutions free of charge, private enterprises have to pay a license fee.

RFLP-Sonden/RFLP-Probes

Betreuer/Curator: T. Kühne

Sondentyp/Probe type	Anzahl/Number
genomisch	743
cDNA	141

Davon zugeordnet/Thereof assigned to:

Gen	Spezifität	Chromosom	Marker	Abstand/Distance in cM
<i>ym4</i>	BaMMV	3HL	MWG010	0,9
<i>ym5</i>	BaMMV, BaYMV-I, BaYMV-II	3HL	MWG010	1,1
<i>ym7</i>	BaMMV	1HS	RWTHAT13	0,0
<i>ym8</i>	BaMMV	4HL	MWG2307	2,2
<i>ym9</i>	BaMMV	4HL	MWG517	0,4
<i>ym10</i>	BaYMV-I, BaYMV-II	3HL	MWG010	7,5
<i>ym11</i>	BaMMV	4HL	MWG2159	0,0
<i>Rh</i>	<i>Rhynchosporium secalis</i>	3HL	cMWG680	0,0
<i>Pt</i>	<i>Pyrenophora teres</i>	3HL	MWG2138	0,4
<i>Ti</i>	<i>Typhula incarnata</i>	1HS	MWG983	1,5
<i>Mlhb</i>	<i>Erysiphe graminis</i>	2HS	cMWG682	6,8

IX. Wissenschaftliche Zusammenarbeit

Scientific Cooperation

Institut für Zierpflanzenzüchtung
Institute of Ornamental Plant Breeding
Ahrensburg

Partner im Inland/German partners

Dresden

Hochschule für Technik und Wirtschaft, Abt. Botanik/Ökologie
Prof. Dr. Drewes-Alvarez
Aufgabe: Entwicklung neuer Einsporkulturen von Rosen-Sternrußtau, Resistenztestungen an Rosen
Projekt: BAZ-6134

Erfurt-Kühnhausen

Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau, Großbeeren, Abt. Pflanzenvermehrung
Dr. A. Hohe, Dr. U. Drüge
Aufgabe: Erstellung von resistenten Genotypen von Cyclamen
Projekt: BAZ-6142

Glandorf

Fa. Heuger
Herr J. Heuger, Herr P. Oenings
Aufgabe: Evaluierung und Erschließung genetischer Ressourcen von Helleborus spec.
Projekt: BAZ-6152

Gütersloh

Fa. Noack's Rosen
Herr Noack
Aufgabe: Entwicklung resistenter Rosengenotypen, Austausch und Testung von Versuchsmaterial
Projekt: BAZ-6131; BAZ- 6136; BAZ-6134

Halle

Universität Halle
Prof. Dr. E. Weber
Aufgabe: Genetische und molekulare Charakterisierung der Resistenz gegen Sternrußtau bei Rosen
Projekt: BAZ-6131

Hamburg

Universität Hamburg, Institut für Angewandte Botanik
Prof. Dr. H. Lörz
Aufgabe: Erstellung und Testung einer BAC Genbank der Rose
Projekt: BAZ-6131

Hannover

Universität Hannover, Institut für Zierpflanzenbau, Baumschule und Pflanzenzüchtung
Prof. Dr. Spethmann
Aufgabe: Erschließung neuer Resistenzquellen gegen rosenpathogene Pilze
Projekt: BAZ-6134

Köln

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung
Dr. Ch. Gebhardt
Aufgabe: Erstellung und Testung einer BAC-Genbank aus Rosen
Projekt: BAZ-6114
Dr. G. Jach

Aufgabe: Induktion von Resistenzen gegenüber pilzlichen Schaderregern in Rosen durch Transformation
Projekt: BAZ-6136

Lüneburg

Prof. M. Otto
Aufgabe: Evaluierung und Erschließung genetischer Ressourcen von *Dahlia spec.*
Projekt: BAZ-6129

München

Technische Universität; Lehrstuhl für Zierpflanzenbau
Prof. Dr. G. Forkmann
Aufgabe: Untersuchungen zur Blütenfarbe bei Rosen
Projekt: BAZ-6114

Sangerhausen

Europarosarium
H. Brumme
Aufgabe: Evaluierung von Rosenkollektionen und Erschließung neuer Resistenzquellen in Rosenwildarten, Austausch und Testung von Versuchsmaterial
Projekt: BAZ-6134

Sparrieshoop

Firma W. Kordes
W. Kordes, P. Proll, A. Chaanin
Aufgabe: Entwicklung resistenter Rosengenotypen, Austausch und Testung von Versuchsmaterial
Projekt: BAZ-6131, BAZ-6136, BAZ-6134

Uetersen

Firma Rosen Tantau
C. Evers, K. Loeffler, Frau A. Wiegand
Aufgabe: Entwicklung resistenter Rosengenotypen, Austausch und Testung von Versuchsmaterial
Projekt: BAZ-6131, BAZ-6134, BAZ-6136

Partner im Ausland/Foreign partners

Frankreich/France

GEVES, Sophia Antipolis,
Dr. Gandelin
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm
Projekt: BAZ-6134
INRA, Station de Botanique et Pathologie Végétale, Antibes
Dr. Aloisi
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm
Projekt: BAZ-6134
Service des espaces verts, Paris, Bois de Bologne
Mr. Mando
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm
Projekt: BAZ-6134

Großbritannien/Great Britain

University of East London, Dept. of Life Science, London
Prof. Dr. Andy Roberts
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm
Projekt: BAZ-6134
University of East London, Dept. of Life Science, London
Prof. Dr. Andy Roberts
Aufgabe: Austausch von Pflanzen- und Pathogenmaterial
Projekt: BAZ-6114

Israel/Israel

The Hebrew University of Jerusalem, Jerusalem
Prof. D. Zamir
Aufgabe: Charakterisierung und Isolierung von wirtschaftlich wichtigen Genen aus Rosen
Projekt: BAZ-6114

Italien/Italy

IMOF, Portici
Dr. Amelie Barone
Aufgabe: Untersuchungen zum Blütenduft und zur Blütenfarbe bei Rosen
Projekt: BAZ-6114

Niederlande/The Netherlands

Agricultural University, Wageningen
Prof. Dr. Piet Stam
Aufgabe: Genetische Untersuchungen wichtiger Merkmale bei Rosen
Projekt: BAZ-6114

CPRO-DLO, Department of Cell Biology, Wageningen
L. Dubois, S. Derks, Dr. Florack, Dr. de Jong, Dr. van Holsteijn
Aufgabe: Expression antimikrobiell wirkender Gene in Rosen
Projekt: BAZ-6134

CPRO-DLO Wageningen, Wageningen
Dr. de Jong
Aufgabe: Genetische Untersuchungen wichtiger Merkmale bei Rosen
Projekt: BAZ-6114

CPRO-DLO Wageningen, Wageningen
Dr. Ben Vosman
Aufgabe: Untersuchung von Mikrosatelliten im Rosengenom
Projekt: BAZ-6114

Spanien/Spain

ETSIAM, Genetica Departamento, Cordoba
Prof. Cubero
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm
Projekt: BAZ-6134

USA

Texas A & M University, College Station
Prof. Dr. Dave Byrne
Aufgabe: Genetische Untersuchungen wichtiger Merkmale bei Rosen
Projekt: BAZ-6114

Clemson University, Clemson
Dr. Srijana Rajapakse
Aufgabe: Erstellung einer Chromosomenkarte der Rose
Projekt: BAZ-6114

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik
Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics
Aschersleben

Partner im Inland/German partners

Bad Schönborn

HYBRO GmbH & Co. KG, Saatzucht Langenbrücken
Dr. H. Wortmann
Aufgabe: Untersuchungen zur Epidemiologie des *Soil-borne cereal mosaic virus* (SBCMV) an Roggen und Entwicklung von Infektions- und Selektionsmethoden
Projekt: BAZ-2173

Bergen-Wohlde

Lochow-Petkus GmbH

Dr. P. Wilde

Aufgabe: Untersuchungen zur Epidemiologie des *Soil-borne cereal mosaic virus* (SBCMV) an Roggen und Entwicklung von Infektions- und Selektionsmethoden

Projekt: BAZ-2173

Böhnshausen

Nordsaat Saatzucht GmbH, Saatzucht Langenstein

Dr. L. Kuntze

Aufgabe: Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Bewertung der Virusresistenz bzw. -toleranz bei Getreidearten

Projekt: BAZ-2169

Braunschweig

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit

Dr. D.-E. Lesemann

Aufgabe: Diagnose von Viren an Gramineen

Projekt: BAZ-2154

Freising

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Dr. G. Zimmermann

Aufgabe: Untersuchungen zur quantitativen Resistenz des Weizens gegen *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel) Schroeter

Projekt: BAZ-2144

Gatersleben

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

Dr. U. Conrad, Dr. J. Kumlehn

Aufgabe: Herstellung von Gerste mit verbesserter Resistenz gegen BaYDV

Projekt: BAZ-2163 (BMBF FKZ 0301604)

Dr. A. Graner, M. Grau

Aufgabe: Evaluierung genetischer Ressourcen auf Resistenz gegen bodenbürtige Viren und ihren pilzlichen Vektor *Polymyxa graminis*

Projekt: BAZ-2144, 2168, 2170, 2173, 2174, 2190

Grabau

Pflanzenzucht SaKa GbR

Dr. J. Wahle

Aufgabe: Evaluierung von Triticale auf Resistenz gegen bodenbürtige Viren

Projekt: BAZ-2174

Groß Lüsewitz

BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen

Dr. M. Herrmann

Aufgabe: Evaluierung von Triticale auf Resistenz gegen bodenbürtige Viren

Projekt: BAZ-2174

Dr. S. Roux

Aufgabe: Untersuchungen zur Epidemiologie des *Soil-borne cereal mosaic virus* (SBCMV) an Roggen und Entwicklung von Infektions- und Selektionsmethoden

Projekt: BAZ-2173

Hadmersleben

Saatzucht Hadmersleben GmbH

Dr. T. Hammann

Aufgabe: Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Bewertung der Virusresistenz bzw. -toleranz bei Getreidearten

Projekt: BAZ-2169

Moosburg

Saatzucht Hans Schweiger & Co. OHG

Dr. H. Kempf

Aufgabe: Untersuchungen zur quantitativen Resistenz des Weizens gegen *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel) Schroeter

Projekt: BAZ-2144

Aufgabe: Evaluierung von Weizen auf Resistenz gegen bodenbürtige Viren

Projekt: BAZ-2169

Oberlimpurg

Pflanzenzucht Oberlimpurg

Dr. P. Franck

Aufgabe: Evaluierung von Weizen auf Resistenz gegen bodenbürtige Viren

Projekt: BAZ-2169

Rastatt

Südwestdeutsche Saatzeit

Dr. P. Römer

Aufgabe: Entwicklung von Winterdurum mit verbesserter Teigqualität und Resistenz gegen pilzliche und viröse Krankheitserreger

Projekt: BAZ-2169

Sölingen

Fr. Strube Saatzeit KG

Dr. A. Spanakakis

Aufgabe: Evaluierung von Weizen auf Resistenz gegen bodenbürtige Viren

Projekt: BAZ-2169

Aufgabe: Untersuchungen zur quantitativen Resistenz des Weizens gegen *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel) Schroeter

Projekt: BAZ-2144

Stuttgart

Landessaatzeitanstalt Stuttgart

Dr. T. Miedaner

Aufgabe: Serologischer Nachweis von *Fusarium* in Getreideproben

Projekt: BAZ-2177, 2178

Uffenheim

Saatzeit Streng GmbH & Co. KG, Aspachhof

P. Greif

Aufgabe: Genetische Analyse der *Polymyxa* - Resistenz in *Hordeum*-Formen

Projekt: BAZ- 2190

Partner im Ausland/Foreign partners

Bulgarien/Bulgaria

Bulgarian Academy of Sciences, Institute of Genetics, Sofia

Frau Dr. J. Georgieva

Aufgabe: Licht- und transmissionselektronenmikroskopische Arbeiten zum Nachweis biologischer Substanzen in Pflanzenzellen

Projekt: BAZ-2329

Frau Dr. R. Rodeva

Aufgabe: Diagnose pilzlicher Krankheiten an Kümmel (*Carum carvi*), Fenchel (*Foeniculum vulgare*) und Dill (*Anethum graveolens*) sowie Erfassung von Anfälligkeitsunterschieden unter natürlichen Befallsbedingungen

Projekt: BAZ-2155

China

Institute of Biotechnology, Zhejiang University, Huajiachi, Hangzhou
Prof. Xueping Zhou
Aufgabe: Herstellung von Konstrukten zur Resistenzinduktion gegen TuMV bei *Brassica*
Projekt: BAZ-2150

Großbritannien/Great Britain

Rothamsted Research, Harpenden, Hertfordshire
Dr. K. Kanyuka
Aufgabe: Molekulargenetische Charakterisierung von Bymoviren
Projekt: BAZ-2167

Neuseeland/New Zealand

Institute for Crop & Food Research, Christchurch
Dr. R. Pickering
Aufgabe: Untersuchungen zur Resistenz von Getreidekulturen gegen den pilzlichen Virusvektor *Polymyxa graminis* und zum Auftreten von Biotypen des Vektors
Projekt: BAZ-2170

Polen/Poland

Polish Academy for Agriculture, Research Center for Phytopathology, Lublin
Frau Prof. Dr. Z. Machowicz-Stefaniak
Aufgabe: Diagnose pilzlicher Krankheiten an Kümmel (*Carum carvi*) sowie Erfassung von Anfälligkeitsunterschieden unter natürlichen Befallsbedingungen
Projekt: BAZ-2155
Institute of Plant Protection, Poznan
Frau Dr. M. Jezewska
Aufgabe: Untersuchungen zu pilzübertragbaren Viren in Roggen und Weizen
Projekt: BAZ-2172, 2173

Russland/Russia

All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg
Frau Dr. T. Gagkaeva
Aufgabe: Evaluierung genetischer Winterweizen-Ressourcen auf Resistenz gegen *Fusarium* spp. und *Septoria* spp.
Projekt: BAZ-2144
Shemyakin Institute for Bioorganic Chemistry, Moskau
Frau Dr. E. Sukhacheva
Aufgabe: Erzeugung monoklonaler Antikörper gegen virale Nichtstrukturproteine
Projekt: BAZ-2163

Tschechische Republik/Czech Republic

Institute for Plant Molecular Biology, Ceske Budejovice
Dr. J. Matousek
Aufgabe: Transgene Kartoffelpflanzen mit Virusresistenz
Projekt: BAZ-2142

Ukraine

Department of Virology, State University Kiev
Prof. V. Polishuk
Aufgabe: Vorkommen und Verbreitung bodenbürtiger Getreideviren und ihres Vektors
Projekt: BAZ-2167, 2169

USA

USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Lincoln
Dr. D. C. Stenger
Aufgabe: Charakterisierung von Gramineenviren
Projekt: BAZ-2154

Institut für Epidemiologie und Resistenz
Institute of Epidemiology and Resistance
Aschersleben

Partner im Inland/German partners

Bonn

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information

S. Harrer

Aufgabe: Entwicklung eines nationalen Evaluierungsprogramms pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide (EVA II)

Projekt: BAZ-2308 (gefördert durch BMVEL)

GFP

Dr. M. Frauen

Aufgabe: Entwicklung von ertragreichen Winterrapslinien mit stabiler Resistenz gegen das Wasserrübenvergilbungsvirus (Turnip yellows luteovirus, TuYV) für die Gewinnung von nachwachsenden Rohstoffen

Projekt: BAZ-2310, FKZ 22006600

S. Lütke Entrup

Aufgabe: Entwicklung eines nationalen Evaluierungsprogramms pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide (EVA II)

Projekt: BAZ-2308 (gefördert durch BMVEL)

UFOP

J. Gronow

Aufgabe: Virusbefallssituation und Befallsminderung bei Winterraps

Projekt: BAZ-2310, UFOP 9690

Universität, Institut für Pflanzenbau

Prof. Dr. J. Léon

Aufgabe: Development of new DNA marker systems and utilization of genetic resources for barley

Projekt: BAZ-2357, BMBF (GABI), FKZ: 0312278B

Dr. K. Pillen

Aufgabe: Development of new DNA marker systems and utilization of genetic resources for barley

Projekt: BAZ-2357, BMBF (GABI), FKZ: 0312278B

Bad Schwartau

Pflanzenzucht Dr. h.c. Carstens

Dr. E. Knopf

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Braunschweig

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Dr. U. Heimbach

Aufgabe: Virusbefallssituation und Befallsminderung bei Winterraps

Projekt: BAZ-2310, UFOP 9690

Dr. K. Flath (Außenstelle Kleinmachnow), Prof. Dr. G. Bartels

Aufgabe: Prüfung von Gerste und Weizen auf Braunrostresistenz für das Bundessortenamt

Projekt: BAZ-2303, BAZ-2319

Dr. E. Sachs (Außenstelle Kleinmachnow)

Aufgabe: Charakterisierung von Pilzisolaten des Getreides

Projekt: BAZ-2304

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit

Dr. W. Huth

Aufgabe: Resistenz/Toleranz von Gerste gegen Viren

Projekt: BAZ-2301

Zentrale EDV-Gruppe (Außenstelle Kleinmachnow)

Dr. E. Moll

Aufgabe: Prüfung von Gerste und Weizen auf Braunrostresistenz für das Bundessortenamt

Projekt: BAZ-2303, BAZ-2319

Böhhshausen

Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH, Saatzucht Langenstein

Dr. E. Laubach, Dr. O. Unger, Dr. L. Kuntze

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

Dr. L. Kuntze

Aufgabe: Toleranz von Getreide gegen das Weizenverzwergungsvirus

Projekt: BAZ-2349 (gefördert durch BMBF)

Darmstadt

BBA, Institut für biologischen Pflanzenschutz

Prof. Dr. W. Zeller, Dr. P. Laux

Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen

Projekt: BAZ-2323

Dresden

Elsner pac Jungpflanzen

M. Kadolsky

Aufgabe: Resistenz von *Pelargonium* gegen *Xanthomonas*

Projekt: BAZ-2328 (gefördert durch Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Projekt 2310)

Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft

Dr. W. Wiedemann

Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen

Projekt: BAZ-2323

Freising-Weihenstephan

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

Dr. G. Poschenrieder

Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen

Projekt: BAZ-2323

EpiLogic Ltd & Lehrstuhl für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Fa. EpiLogic GmbH, Agrarbiologische Forschung

Dr. F. G. Felsenstein

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

Gatersleben

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung; Genbank

Dr. A. Börner

Aufgabe: Selektion von Weizen auf Resistenz gegen Blattdürre

Projekt: BAZ-2336

Prof. Dr. A. Graner

Aufgabe: Development of Single nucleotide polymorphism (SNP-Markers) for barley

Projekt: BAZ-2357, BMBF (GABI), FKZ: 0312278B

Aufgabe: Molekulargenetische Feinkartierung multipler Resistenzen der Gerste gegen den Gelbmosaikvirus-Komplex (BaYMV/BaMMV)

Projekt: DFG, FKZ: OR 72/2-3

Prof. Dr. A. Graner, M. Grau

Aufgabe: Resistenz/Toleranz von Gerste und Weizen gegen Pilze, Viren und Aphiden

Projekt: BAZ-2301, BAZ-2302, BAZ-2304, BAZ-2305, BAZ-2311, BAZ-2336, BAZ-2349, BAZ-2350

Gießen

Justus-Liebig-Universität, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung I

Prof. Dr. Dr. h. c. W. Friedt

Aufgabe: Development of Single nucleotide polymorphism (SNP-Markers) for barley

Projekt: BAZ-2357, BMBF (GABI), FKZ: 0312278B

Aufgabe: Identifizierung und Kartierung von resistenzassoziierten ESTs gegen bedeutende Pathogene der Gerste

Projekt: BAZ-2356, DFG, FKZ: FOR 343/2-1

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Aufgabe: Verbesserte Nutzung genetischer Ressourcen in der Resistenzzüchtung gegen bodenbürtige Viren der Gerste und des Weizens mittels molekularer Marker

Projekt: BAZ-2354, VIRRES (EU)

Aufgabe: Evaluierung südafrikanischer Sorghum Landsorten und Erstellung von Genotypen für 'low-input'-Bedingungen

Projekt: DFG, FKZ: Fr 6832/9-1

Aufgabe: Untersuchungen zur Vererbung des (-)-alpha-Bisabolgehaltes bei der Kamille und

Entwicklung PCR-gestützter Marker als Basis für die Selektion einer Kamillesorte mit hohem Gehalt an Bisabolol und guten agronomischen Eigenschaften

Projekt: FNR 99NR031

Justus-Liebig-Universität Institut für Phytophathologie und angewandte Zoologie

Prof. Dr. K.-H. Kogel

Aufgabe: Identifizierung und Kartierung von resistenzassoziierten ESTs gegen bedeutende Pathogene der Gerste

Projekt: BAZ-2356, DFG, FKZ: FOR 343/2-1

Justus-Liebig-Universität, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung II

Prof. Dr. W. Köhler

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB299 (DFG)

Gudow

Nordsaat Saatzeit, Getreidezuchtstation Gudow

Dr. E. Laubach

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Hadmersleben

Saatzeit Hadmersleben GmbH

Dr. K. Richter, Dr. F. Heinrichs

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

Dr. J. Koch

Aufgabe: Erstellung von Basismaterial bei Winterraps mit Resistenz gegenüber dem Wasserrübenvergilbungsvirus

Projekt: BAZ-2310

Dr. T. Hammann

Aufgabe: Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Bewertung der Virustoleranz gegenüber dem zikadenübertragbaren Weizenverzwergungsvirus (WDV) in Gerste, Weizen und Triticale

Projekt: BAZ-2349

Dr. F. Heinrichs

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Hannover

Bundessortenamt

Dr. J. Steinberger, Dipl.-Ing. agr. D. Rentel

Aufgabe: Prüfung von Gerste und Weizen auf Rostresistenz im Rahmen der Wertprüfung

Projekt: BAZ-2303, BAZ-2319

Herzogenaurach

Saatzucht Josef Breun GdB

J. Breun

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Irlbach

Dr. J. Ackermann & Co., Saatzeit

Dr. V. Lein

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

Jena

Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Pharmazie

Dr. M. Ramm

Aufgabe: Resistenzinduktion bei Tomate gegen *Clavibacter*, Herstellung der EPS

Projekt: BAZ-2329

Käbschütztal

Deutsche Saatveredlung (DSV), Saatzeit Leutewitz

Dr. J. Vaupel

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Kiel

Christian-Albrechts-Universität Kiel, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Dr. F. Dreyer

Aufgabe: Einsatz biotechnologischer Verfahren in Pflanzenzüchtungsbetrieben Schleswig-Holsteins am Beispiel der markergestützten Selektion virusresistenter Rapslinien

Projekt: BAZ-2310, Land Schleswig-Holstein

Dossenheim

Max Planck Institut für Zellbiologie

Prof. Dr. K. Geider

Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen

Projekt: BAZ-2323

Lemgo

Secobra Saatzeit GmbH

Dipl.-Ing. agr. H. Blümel

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Leopoldshöhe

Saaten-Union Resistenzlabor GmbH

Dr. J. Weyen

Aufgabe: Development of new DNA marker systems and utilization of genetic resources for barley

Projekt: BAZ-2357, BMBF (GABI), FKZ: 0312278B

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

W. v. Borries-Eckendorf GmbH

Dr. A. Jacobi

Aufgabe: Verbesserte Nutzung genetischer Ressourcen in der Resistenzzüchtung gegen bodenbürtige Viren der Gerste und des Weizens mittel molekularer Marker

Projekt: BAZ-2354, VIRRES (EU)

Lippstadt

Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH (DSV), Zuchtstation Leutewitz

Dr. J. Vaupel

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenz/Toleranz von Gerste gegen Pilze und Viren

Projekt: BAZ-2301, BAZ-2302, BAZ-2304

Marne

Marner GZG Saaten AG

Dr. H. Löptien, Dr. U. Miersch

Aufgabe: Resistenz von Kopfkohl gegen *Xanthomonas*

Projekt: BAZ-2329 (gefördert durch GZG über GFP, Projekt-Nr.: 9670)

Moosburg

Saatzucht Hans Schweiger & Co. OHG

Dr. H. Kempf

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

München

Technische Universität; Institut für Landwirtschaftlichen und Gärtnerischen Pflanzenbau, Lehrstuhl für Obstbau

Prof. Dr. D. Treutter

Aufgabe: Resistenzinduktion in Pelargonie gegen *Xanthomonas*

Projekt: BAZ-2328

Niedertraubling

Saatzucht Bauer GmbH & Co KG

Dr. L. Ramgraber

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Northeim

Lochow-Petkus GmbH, Zuchtstation Wetze

Dr. J. Großer

Aufgabe: Resistenz/Toleranz von Gerste gegen Viren

Projekt: BAZ-2301

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Peine Rosenthal

Limagrain Nickerson

Dr. R. Hemker

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Schwäbisch Hall

Pflanzenzucht Oberlimpurg

A. Bund

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Stuttgart

Landesanstalt für Pflanzenschutz

Dr. E. Moltmann

Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen

Projekt: BAZ-2323

Universität Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt

Dr. C. I. Kling

Aufgabe: Resistenzprüfung von *T. monococcum*, *T. dicoccon* und *T. spelta*

Projekt: BAZ-2306

Uffenheim

Saatzuchtgesellschaft Streng's Erben GmbH & Co. KG, Aspachhof

P. Greif

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenz-/Toleranzselektion von Gerste gegen Pilze und Viren

Projekt: BAZ-2301, BAZ-2302, BAZ-2304

Dr. S. Streng

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Waldenburg

Saatzucht Dr. Heege GbRmbH

Aufgabe: Schätzung von Ertragsfunktionen ausgewählter Kulturarten in Abhängigkeit von Genotyp und Standortfaktoren

Projekt: BAZ-2355, SFB 299 (DFG)

Weidenbach

Landwirtschaftliche Lehranstalten Triesdorf

Dr. H. Geißendörfer

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen

Projekte: BAZ-2302, BAZ-2305, BAZ-2336

Partner im Ausland/Foreign partners

Bulgarien/Bulgaria

Institute of Plant Protection, Konstinbrod

Dr. Nonka Bakardjieva

Aufgabe: Resistenz von Gerste und Weizen gegenüber Gerstengelverzweigungs-Virus

Projekt: BAZ-2301, bilaterale Kooperation

Dänemark/Denmark

Planteforaedling, Pajbjergfonden

Dr. H. Jaiser

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

Dr. A. Schiemann

Aufgabe: Verbesserte Nutzung genetischer Ressourcen in der Resistenzzüchtung gegen bodenbürtige Viren der Gerste und des Weizens mittels molekularer Marker

Projekt: BAZ-2354, VIRRES (EU)

Finnland/Finland

Boreal Plant Breeding Ltd.

Dr. Marja Jalli

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste

Projekt: BAZ-2302; EU-Project COST 817

Frankreich/France

Biotechnology Laboratory Florimond Desprez
Dr. P. Devaux
Aufgabe: Verbesserte Nutzung genetischer Ressourcen in der Resistenzzüchtung gegen bodenbürtige Viren der Gerste und des Weizens mittels molekularer Marker
Projekt: BAZ-2354, VIRRES (EU)

Großbritannien/Great Britain

Rothamsted Experimental Station
Dr. R. Harrington
Aufgabe: Europäische Blattlausflug-Datenbank
Projekt: BAZ-2319
Scottish Crop Research Institute
Dr. R. Waugh
Aufgabe: Kartierung von Gelbmosaikvirus-Resistenzgenen

Italien/Italy

Universita degli Studi di Modena e Reggio Emilia
Prof. Dr. N. Peccioni
Aufgabe: Evaluierung von Gersten auf Gelbmosaikvirus-Resistenz

Japan

University Okayama
Prof. Dr. T. Konishi
Aufgabe: Untersuchungen von Gerste-Herkünften mit unterschiedlichen *rym*-Genen auf BaYMV- und BaMMV-Resistenz in Japan und Deutschland

Neuseeland/New Zealand

Institute for Crop & Food Research, Christchurch
Dr. R. Pickering
Aufgabe: Resistenz von Gerste gegen Pilze und Viren
Projekt: BAZ-2301, BAZ-2302, BAZ-2304; Kooperationsvereinbarung 95.01
Institute for Crop & Food Research, Christchurch
Dr. D. Teulon
Aufgabe: Differenzierung von *R. padi*-Genotypen mittels molekularer Marker
Projekt: BAZ-2334; Kooperationsvereinbarung 99.03

Niederlande/The Netherlands

Agricultural University Wageningen, Dept. of Phytopathology, Wageningen
Dr. R. Niks
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste
Projekt: BAZ-2302
Aufgabe: Kartierung BYDV-Toleranz

Polen/Poland

Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznan
Prof. Dr. J. Chelkowski
Aufgabe: Etablierung und Nutzung von Markern für Braunrostresistenz in Weizen

Russland/Russia

All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg
Dr. O. Afanassenko, Dr. L. Michailowa, Dr. N. Mironenko
Aufgabe: Resistenz der Gerste gegen Netzfleckenkrankheit und des Weizens gegen Blattdürre
Projekt: BAZ-2304, BAZ-2335, BAZ-2336; Kooperationsvereinbarung 87/96
Dr. E. Gulyaeva
Aufgabe: Virulenzanalysen bei *P. triticina*
Projekt: BAZ-2305, Kooperationsvereinbarung 141
Centre of "Bioengineering" of Russian Academy of Sciences, Moskau
Dr. A. Ignatov
Aufgabe: Rassenanalyse bei *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*
Projekt: BAZ-2329, Kooperationsvereinbarung 02/03

N. I. Vavilov All Union Institute of Plant Industry (VIR), Dept. of Genetics, St. Petersburg Pushkin
Dr. E. Radchenko
Aufgabe: Genetische Analyse des Benzoxazinoidgehaltes des Weizens als Grundlage für
Blatlausresistenz in Weizen (DIMBOA-Genetik)
Projekt: BAZ-2331; Kooperationsvereinbarung 143/03

Spanien/Spain

Centre UdL-IRTA, Lleida
Prof. Dr. José Luis Molina-Cano
Aufgabe: Evaluierung und Genotypisierung der spanischen Gerste Core Kollektion
Estación Experimental de Aula Dei, Zaragoza
Dr. Ernesto Igartua
Aufgabe: Evaluierung und Genotypisierung

Südafrika/South Africa

Agricultural Research Council, Grain Crops Institute
Dr. W. Wenzel
Aufgabe: Evaluierung südafrikanischer *Sorghum* Landsorten und Erstellung von Genotypen für 'low-input'-Bedingungen
Projekt: DFG, FKZ: Fr 6832/9-1

Tschechische Republik/Czech Republic

Research Institute for Crop Production, Prag
Ing. J. Vacke, Ing. J. Sip
Aufgabe: Resistenz von Getreide gegen Viren
Projekt: BAZ-2301; Kooperationsvereinbarung 10
Research Institute for Crop Production, Prag
Dr. P. Bartos, J. Sarova
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2336

Ungarn/Hungary

Cereal Research non-profit Company, Szeged
Prof. Dr. A. Mesterhazy, Dr. M. Csösz
Aufgabe: Virulenz von *Pyrenophora tritice-repentis* und Resistenzselektion bei Weizen
Projekt: BAZ-2336; Kooperationsvereinbarung 10

Genbank
Gene Bank
Braunschweig

Partner im Inland/German partners

Bonn

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI), Informationszentrum für biologische Vielfalt (IBV)
Dr. F. Begemann und Dr. S. Harrer
Aufgabe: Daten- und Informationsaustausch
Projekt: BAZ-8001, BAZ-8002

Gatersleben

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Gatersleben
Dr. A. Graner
Aufgabe: Aufbau einer bundeszentralen Ex-situ-Genbank
Projekt: BAZ-8010

Rauisch-Holzhausen

Justus-Liebig-Universität Giessen, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Dr. W. Lühs
Aufgabe: Vermehrung und Charakterisierung pflanzengenetischer Ressourcen von *Brassica napus*
Projekt: BAZ-8006

Partner im Ausland/Foreign partners

Frankreich/France

Florimond Desprez, Capelle-en-Pévèle
Dr. B. Desprez
Aufgabe: Koordinierung der ECP/GR Arbeitsgruppe *Beta*
Projekt: BAZ-8001

INRA, Clermont-Ferrand
Dr. J. Koenig
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 106
Projekt: BAZ-8008

Griechenland/Greece

Agricultural University of Athens, Votanikos
Dr. A. Katsiotis
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 106
Projekt: BAZ-8008

Großbritannien/Great Britain

IACR-Broom's Barn, Bury St. Edmunds
Dr. E. Ober
Aufgabe: Koordinierung der ECP/GR Arbeitsgruppe *Beta*
Projekt: BAZ-8001

Horticulture Research International, Wellesbourne, Warwick
Dr. D. Astley
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 105
Projekt: BAZ-1152

University of Birmingham, Birmingham
Dr. B. V. Ford-Lloyd
Aufgabe: Optimierung der internationalen *Beta* Core Collection
Forschungsprojekt: BAZ-8001

Institute of Grassland and Environmental Research, Aberystwyth
Dr. M. Leggett
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 106
Projekt: BAZ-8008

Italien/Italy

International Plant Genetic Resources Institute, Maccarese
Mr. L. Maggioni
Aufgabe: Koordinierung der ECP/GR Arbeitsgruppe *Beta*
Projekt: BAZ-8001

Kanada/Canada

Saskatoon Research Centre, Saskatoon
Dr. A. Diederichsen
Aufgabe: Development of an International *Avena* Database (IADB)
Projekt: BAZ-8008

Niederlande/The Netherlands

Plant Research International - Centre for Genetic Resources the Netherlands, Wageningen
Dr. B. Visser
Aufgabe: Deutsch-niederländische Zusammenarbeit bei pflanzengenetischen Ressourcen
Projekt: BAZ-8003

Plant Research International - Centre for Genetic Resources the Netherlands, Wageningen
Ir. L. van Soest, Ir. I. Boukema
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 109/112
Projekt: BAZ-8006

Russland/Russia

N. I. Vavilov All Union Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg, Pushkin
Dr. I. Loskutov
Aufgabe: Weiterentwicklung der Europäischen *Avena* Datenbank (EADB)
Projekt: BAZ-8008

Schweden/Sweden

Nordic Gene Bank, Alnarp
Dr. G. Poulsen
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 109/112
Projekt: BAZ-8006

Türkei/Turkey

Aegean Agricultural Research Institute, Izmir, Menemen
Dr. A. Tan
Aufgabe: Optimierung der internationalen *Beta* Core Collection
Projekt: BAZ-8001

USA

USDA/ARS, Crop Research Lab, Fort Collins
Dr. L. Panella
Aufgabe: Optimierung der internationalen *Beta* Core Collection
Projekt: BAZ-8001

Institut für Obstzüchtung

Institute of Fruit Breeding

Dresden

Partner im Inland/German partners**Ahrweiler**

Lehr- und Versuchsanstalt
Herr Baab, Herr Balmer
Aufgabe: Prüfung von Apfel- und Kirschenklonen auf Sorteneigenschaften
Projekt: BAZ-4139, BAZ-4102, BAZ-4121

Auweiler

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau
L. Linnemannstöns
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel und Erdbeere
Projekt: BAZ-4139, BAZ-4136

Berlin

Humboldt-Universität, Institut für Baumschule und Vermehrung
Prof. Dr. Jesch
Aufgabe: Prüfung von Sorten-/Wildartenhybriden für Zierzwecke
Projekt: BAZ-4139, BAZ-4138
Aufgabe: Prüfung einer DH-Linie von Apfel für Zierzwecke
Projekt: BAZ-4124
Humboldt-Universität, Institut für Gartenbauwissenschaften
Prof. Dr. F. Pohlheim, Dr. J. Pinker
Aufgabe: Vererbung, In-vitro-Kultur bei Erdbeere
Projekt: BAZ-4136

Bonn

Landwirtschaftskammer Rheinland, Pflanzenschutzdienst
R. Jung
Aufgabe: Verticillium-Resistenztestungen bei Erdbeere
Projekt: BAZ-4136

Dossenheim

BBA, Institut für Pflanzenschutz im Obstbau
Prof. Dr. Geider
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel
Projekt: BAZ-4142

Dresden

Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich Gartenbau- und Landespflege
Dr. W.-D. Wackwitz, Dr. C. Wilcke, Dr. M. Handschack
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel
Projekt: BAZ-4101
Aufgabe: Leistungsprüfung an DH-Linien von Apfel
Projekt: BAZ-4124
G. Großmann
Aufgabe: Sortenprüfungen bei Kirsche
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121
Dr. G. Krieghoff
Aufgabe: Sortenprüfung bei Erdbeere
Projekt: BAZ-4136
Dr. Handschack
Aufgabe: Untersuchung zum vertikalen Gentransfer bei Apfel
Projekt: BAZ-4107
Aufgabe: Ex-situ-Erhaltung und Evaluierung obstgenetischer Ressourcen
Projekt: BAZ-4138
Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich Integrierter Pflanzenschutz
Dr. C. Gebhart, Dr. W. Wiedemann
Aufgabe: Virustestung bei Apfel
Projekt: BAZ-4139, BAZ-4138
Dr. W. Wiedemann
Aufgabe: Virustestung bei Kirsche
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121
S. Schumann
Aufgabe: Diagnose und Isolation pilzlicher Pathogene bei Erdbeere
Projekt: BAZ-4136
Hochschule für Technik und Wirtschaft, FB Landbau/Landespflege
Prof. Dr. Drewes-Alvarez, Prof. Dr. P. Scheewe
Aufgabe: Charakterisierung von Erdbeersorten und Wildarten im Hinblick auf morphologische Merkmale
Projekt: BAZ-4138/2
Technische Universität, Klinik und Poliklinik für Kinderheilkunde, Klinische Forschung
PD Prof. Dr. Rösen-Wolf
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel
Projekt: BAZ-4142

Erfurt

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau
M. Möhler
Aufgabe: Prüfung von Kirschklonen
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121
Aufgabe: Leistungsprüfung von Apfel-Zuchtstämmen
Projekt: BAZ-4139

Geisenheim

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Obstbau
Prof. Dr. H. Jacob
Aufgabe: Resistenzprüfung auf Triebssucht bei Apfel
Projekt: BAZ-4139
Dr. E. Krüger
Aufgabe: Sortenprüfung bei Erdbeere
Projekt: BAZ-4136

Großhansdorf

BFA für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung
Dr. M. Fladung
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel
Projekt: BAZ-4105

Hannover

Bundessortenamt
Dr. E. Schulte
Aufgabe: Sortenschutzprüfungen bei Apfel, Kirsche und Erdbeere
Projekt: BAZ-4139, BAZ-4102, BAZ-4136
Aufgabe: Ex-situ-Erhaltung und Evaluierung obstgenetischer Ressourcen
Projekt: BAZ-4138

Jork

Lehr- und Versuchsanstalt
Dr. Stehr
Aufgabe: Prüfung von Apfel- und Kirschklonen auf Sorteneigenschaften
Projekt: BAZ-4139, BAZ-4102, BAZ-4121

Köln

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung
Dr. H. Sommer
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel
Projekt: BAZ-4105

Magdeburg

Landespflanzenschutzamt Sachsen-Anhalt
Dr. D. Beyme
Aufgabe: Virusfreier Reiserschnittgarten bei Apfel
Projekt: BAZ-4139

Mainz

Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum (DLR), Rheinhessen - Nahe - Hunsrück
Herr Albert, Herr Thomas
Aufgabe: *Monilia*-Resistenz Kirschen
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

Müncheberg

Landesanstalt für Gartenbau, Abteilung Obstbau
Herr Schwärzel
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel
Projekt: BAZ-4139
Aufgabe: Prüfung von Kirschklonen
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

München

Technische Universität, Institut für Landwirtschaftlichen und Gärtnerischen Pflanzenbau
Dr. D. Treutter
Aufgabe: Schorfresistenz bei Apfel
Projekt: BAZ-4139
Technische Universität, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Lehrstuhl für Zierpflanzenbau
Prof. Dr. Forkmann, Dr. Th. Fischer
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel
Projekt: BAZ-4142

Neustadt/W.

Landes-Lehr- und -Forschungsanstalt
W. Ollig, Herr Metzlauff
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel und Erdbeere
Projekt: BAZ-4139, BAZ-4136

Oberkirch

Obstmarkt Mittelbaden e. G.
Frau Früh
Aufgabe: *Monilia*-Resistenz Kirschen, S-Allele Süßkirschen
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

Oppenheim

Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau
Herr Köhler, Herr Hilsendegen
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel und Kirsche
Projekt: BAZ-4139, BAZ-4102, BAZ-4121

Osnabrück

Fachhochschule
Prof. Dr. W. Dierend
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel
Projekt: BAZ-4139

Quedlinburg

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau und Technik
Dr. E. Roth
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel
Projekt: BAZ-4139

Rostock

Universität Rostock, Lehr- und Versuchsanstalt für Obst- und Gemüsebau
Dr. F. Höhne
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel
Projekt: BAZ-4139

Stuttgart

Universität Hohenheim
Dr. W. Hartmann, Versuchsstation Bavendorf - Dr. U. Mayr, Dr. J. Streiff
Aufgabe: Sortenprüfungen, Lagereignung bei Apfel
Projekt: BAZ-4139

Veitshöchheim

Bayerische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau
Herr Siegler
Aufgabe: Prüfung von Sauerkirschklonen
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel
Projekt: BAZ-4139

Weinsberg

Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau
Dr. Hill, Dr. Rueß, Herr Möller
Aufgabe: Sortenprüfung Sauerkirschen, *Monilia*-Resistenz Kirschen
Projekt: BAZ-4102
Dr. Gerlach
Aufgabe: Sortenprüfung Erdbeere
Projekt: BAZ-4136
Beratungsdienst Ökologischer Obstbau
Frau Künstler
Aufgabe: Krankheitsresistenz Kirschen, Sortenprüfung Sauerkirschen
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

Würzburg

Universität Würzburg, Lehrstuhl für Pharmazeutische Biologie
Prof. Dr. Th. Roitzsch
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel
Projekt: BAZ-4105

Partner im Ausland/Foreign partners

Belgien/Belgium

CRA, Gembloux

Ing. M. Lateur

Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften

Projekt BAZ-4139

Aufgabe: HIDRAS

Projekt: BAZ-4134, EU-Projekt QLK5-CT-202-01492

China

Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling

Prof. Dr. Yang

Aufgabe: SMADIA

Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

Lai-Yang Agricultural College, Lai-Yang

Dr. Li

Aufgabe: SMADIA

Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

Dänemark/Denmark

Danish Institute of Agricultural Sciences, Dept. of Horticulture Aarslev

Herr Pedersen

Aufgabe: Sortenprüfung Süßkirschen

Projekt: BAZ-4121

Frankreich/France

INRA, Institut für Obst- und Zierpflanzenzüchtung, Angers

Dr. Y. Lespinasse, Dr. E. Chevreau

Aufgabe: Untersuchung von Wirt-Pathogen-Interaktionen beim Apfel, Apfelgenomkartierung

Projekt: BAZ-4139

Aufgabe: Haploidenerzeugung beim Apfel

Projekt: BAZ-4124

Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften

Projekt: BAZ-4139

Dr. Y. Lespinasse, F. Laurens, Ch.-E. Durel

Aufgabe: HiDRAS

Projekt: BAZ-4139, EU-Projekt QLK5-CT-2002-01492

Dr. B. Denoyes-Rothan

Aufgabe: *Colletotrichum*-Resistenz bei Erdbeere

Projekt: BAZ-4136

INRA, Station für Obst- und Rebenforschung, Villenave d'Ornon

Herr Claverie

Aufgabe: Sortenprüfung Süß- und Sauerkirschen

Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

INRA, Institut für Phytopathologie und Phytobakteriologie, Angers

Dr. J. Paulin, Dr. L. Parisi

Aufgabe: Virulenzanalyse und Resistenzprüfung bei Kernobst

Projekt: BAZ-4139

CIREF, Prignonrieux

Aufgabe: Austausch Zuchtmaterial Erdbeere

Projekt: BAZ-4136

Finnland/Finland

University of Joensuu

Prof. Dr. T. Sopanen

Aufgabe: Austausch von Genkonstrukten

Projekt: BAZ-4105

Großbritannien/Great Britain

HRI East Malling,

Dr. G. Seymour

Aufgabe: HiDRAS

Projekt: BAZ-4139, EU-Projekt QLK5-CT-2002-01492

Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften

Projekt: BAZ-4139

Dr. K. Tobutt, T. Sonneveld, K. Russell

Aufgabe: S-Allele bei Süßkirschen, Resistenzzüchtung bei Kirschen

Projekt: BAZ-4121, ARC-Projekt D/02/29199

Dr. Xu

Aufgabe: SMADIA

Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

Indien/India

University of Horticulture and Forestry, Mashobra

Dr. Thakur

Aufgabe: SMADIA

Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

Italien/Italy

Universität Bologna, Bologna

Dr. S. Tartarini, Prof. S. Sansavini

Aufgabe: HiDRAS

Projekt: BAZ-4139, EU-Projekt QLK5-CT-2002-01492

Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften

Projekt: BAZ-4139

Land- und Forstwirtschaftliches Versuchszentrum Laimburg

Dr. W. Guerra

Aufgabe: HiDRAS

Projekt: BAZ-4134, EU-Projekt QLK5-CT-2002-01492

Universität Mailand

Dr. L. Gianfranceschi

Aufgabe: HiDRAS

Projekt: BAZ-4134, EU-Projekt QLK5-CT-2002-01492

Niederlande/The Netherlands

PRI Wageningen, Wageningen

Dr. E. van de Weg

Aufgabe: HiDRAS

Projekt: BAZ-4134, QLK5-CT-2002-01492

Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften

Projekt: BAZ-4139

FPO-PFW Proefstation voor de Fruitteelt Wilhelminadorp, Wilhelminadorp

Dr. H. Kemp

Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften

Projekt: BAZ-4139

Aufgabe: Prüfung von DH-Linien

Projekt: BAZ-4124

Norwegen

Norwegian Crop Research Institute, Ullensvang Research Centre

D. Roen

Aufgabe: Prüfung von DH-Linien

Projekt: BAZ-4124

Polen/Poland

Research Institute of Pomology and Floriculture, Skierniewice
Prof. Dr. Zurawicz
Aufgabe: Testung von Zuchtklonen bei Erdbeere auf *Verticillium*-Resistenz
Austausch von *Verticillium*-Isolaten
Projekt: BAZ-4136
Aufgabe: HiDRAS
Projekt: BAZ-4134, QLK5-CT-2002-01492

Universität Warschau
Prof. Tomala
Aufgabe: HiDRAS
Projekt: BAZ-4134, QLK5-CT-2002-01492

Schweiz/Switzerland

Eidgenössische Forschungsanstalt für Obst-, Wein- und Gartenbau Wädenswil, Wädenswil
Dr. M. Kellerhals
Aufgabe: HiDRAS
Projekt: BAZ-4134, EU-Projekt QLK5-CT-2002-01492
Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften
Projekt: BAZ-4139

Eidgenössische Technische Hochschule Zürich, Zürich
Dr. C. Gessler
Aufgabe: HiDRAS
Projekt: BAZ-4134, EU-Projekt QLK5-CT-2002-01492
Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften
Projekt: BAZ-4139

Spanien/Spain

Centro de Investigacion Forestal, Madrid
Dr. M. A. Bueno
Aufgabe: Haploidenerzeugung beim Apfel
Projekt: BAZ- 4124, Kooperationsvereinbarung 18/99

Tschechische Republik/Czech Republic

Research Institute for Fruit Breeding, Holovousy
Dr. J. Blazek, Dr. J. Blazkova
Aufgabe: Züchtung neuer Sorten bei Kern- und Steinobst
Projekt: BAZ-4139, BAZ-4121, Kooperationsvereinbarung 4/96, 5/96
Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften
Projekt: BAZ-4139

Ungarn/Hungary

Research Institute for Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest
Dr. J. Apostol, G. Bujdosó, Z. Bekefi
Aufgabe: Resistenzzüchtung bei Sauerkirschen gegen *Blumeriella jaapii* und *Monilinia laxa* -
Pilzkrankheiten
Projekt: BAZ-4102, Kooperationsvereinbarung 3/00

Hungarian Academy of Sciences, Budapest
Dr. L. Kiss
Aufgabe: SMADIA
Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

USA

Cornell University, Geneva NY

Prof. Dr. H. S. Aldwinckle, Prof. Dr. S. K. Brown, Prof. Dr. Forsline

Aufgabe: Züchtung von schorf- und feuerbrandresistenten Apfelsorten

Projekt: BAZ-4139

Prof. Dr. H. S. Aldwinckle

Aufgabe: *Agrobacterium*-vermittelter Gentransfer bei Obst

Projekt: BAZ-4142

Prof. Dr. Forsline

Aufgabe: Ex-situ-Erhaltung und Evaluierung obstgenetischer Ressourcen

Projekt: BAZ-4138

U. S. Department of Agriculture, Corvallis

Dr. B. Reed

Aufgabe: Ex-situ-Erhaltung und Evaluierung obstgenetischer Ressourcen

Projekt: BAZ-4138

Aufgabe: Etablierung einer In-vitro-Genbank bei Erdbeere

Projekt; BAZ-4138/1

National Clonal Germplasm Repository, Corvallis

Dr. B. Reed, C. Finn

Aufgabe: Austausch von Sorten und Zuchtmaterial bei Erdbeere

Projekt: BAZ-4136

Michigan State University, Dept. Horticulture, Lansing

Prof. Dr. A. Iezzoni

Aufgabe: Resistenzzüchtung bei Sauerkirschen

Projekt: BAZ-4102

University of California, Berkeley

Dr. Cho

Aufgabe: Austausch von Genkonstrukten

Projekt: BAZ-4105

The Salk Institute for Biological Studies, La Jolla

Prof. Dr. Weigel

Aufgabe: Austausch von Genkonstrukten

Projekt: BAZ-4105

Institut für landwirtschaftliche Kulturen

Institute of Agricultural Crops

Groß Lüsewitz

Partner im Inland/German partners

Aschersleben

Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben

Dr. A. Habekuß

Aufgabe: Prüfung der Gelbverzwergungsresistenz von interspezifischen *Hordeum-vulgare-H. bulbosum*-Hybriden und deren Nachkommen

Projekt: BAZ-3149

Augsburg

ASG Analytik-Service Gesellschaft mbH

Dr. T. Wilharm

Aufgabe: Untersuchungen zur Eignung von myristinsäurehaltigem Rapsöl für die Erzeugung von Biodiesel

Projekt: BAZ-3121

Bad Schönborn

HYBRO Saatzucht GmbH & Co. KG

Dr. H. Wortmann

Aufgabe: Bereitstellung von Kartierungspopulationen für die SSR-Entwicklung bei Roggen

Projekt: BAZ-3136, GABI-12289B

Bergen-Wohlde

Lochow-Petkus GmbH

Dr. P. Wilde

Aufgabe: Bereitstellung von Kartierungspopulationen für die SSR-Kartierung bei Roggen

Projekt: BAZ-3136, GABI-12289B

Dr. B. Schinkel

Aufgabe: Prüfung relevanter Merkmale von Genbankherkünften und spaltenden Populationen bei Triticale

Projekt: BAZ-3119, BAZ-3148

Bonn

Union zur Förderung von Öl- und Proteinpflanzen e. V. (UFOP)

Prof. Dr. Dr. h. c. G. Röbbelen

Aufgabe: Evaluierung transgener Rapsölqualitäten auf Verarbeitungs- und nutritive Eigenschaften

Projekt: BAZ-3121

Braunschweig

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit

Dr. F. Niepold

Aufgabe: Bereitstellung definierter *Phytophthora*-Pathotypen, Prüfung von Kartoffelklone auf Resistenz der Knollen gegenüber *Erwinia*

Projekt: BAZ-3114, BAZ-3130, BAZ-3143

Dr. U. Heimbach

Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegenüber Virose

Projekt: BAZ-3128

FAL, Institut für Tierernährung

Prof. Dr. G. Flachowsky

Aufgabe: Ernährungsphysiologische Bewertung von myristin- und palmitinsäurereicher Rapssaai im Tierfütterungsversuch

Projekt: BAZ-3162

Freising/Weihenstephan

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung (IPZ)

Dr. G. Schweizer

Aufgabe: Genotypisierung einer Kartierungspopulation nach Inokulation mit *Rhynchosporium secalis*

Gatersleben

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Malchow

E. Willner

Aufgabe: Evaluierung und Nutzung von Ökotypen der Genbank

Projekt: BAZ-3110, BAZ-3132

Dr. F. Matzk

Aufgabe: Vererbungsanalyse der Kronenrostresistenz bei Gräserbastarden

Projekt: BAZ-3110

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Genbank Außenstelle Nord, Groß Lüsewitz

Dr. K. Schüler

Aufgabe: Prüfung und Nutzung von Material der Kartoffel-Genbank

Projekt: BAZ-3114, BAZ-3130

Gießen

Justus-Liebig-Universität
Prof. Dr. Dr. h. c. W. Friedt, Dr. W. Lühs, M. K. Zarhloul, Dr. R. Snowdon
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch, Datenbank-Management
Projekt: BAZ-3121

Grabau

Pflanzenzucht SAKA G.b.R.
Dr. G. Wahle
Aufgabe: Prüfung relevanter Merkmale von Genbankherkünften und spaltenden Populationen bei
Triticale
Projekt: BAZ-3119, BAZ-3148

Granskewitz

Nordsaat Saat-zucht GmbH
Dr. St. Beuch
Aufgabe: Prüfung der agronomischen Leistungsfähigkeit von Haferzuchtstämmen
Projekt: BAZ-3160

Halle

Martin- Luther- Universität Halle-Wittenberg; Agrarwissenschaftliche Fakultät; Institut für Pflanzenzüchtung und
Pflanzenschutz
Prof. Dr. W. E. Weber
Aufgabe: AB-QTL-Analyse und Leistungsprüfung im InnoRegioVerbundprojekt C28
Projekt: BAZ-3160
B. Klocke
Aufgabe: Prüfung von Braunrostresistenzen mit Einzelpustelisolaten
Projekt: BAZ-3122

Hamburg

SASOL Germany GmbH
Dr. T. Groß
Aufgabe: Untersuchungen zur technischen Verwendbarkeit von myristisäurehaltigem Rapsöl
Projekt: BAZ-3121

Hannover

Universität Hannover, Institut für Zierpflanzenbau, Baumschule und Pflanzenzüchtung
Prof. em. Dr. Dr. h. c. G. Wricke
Aufgabe: Untersuchungen zur Selbstinkompatibilität bei Roggen
Projekt: BAZ-3111, BAZ-3116

Kleinmachnow

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz im Gartenbau
Dr. H. Stachewicz
Aufgabe: Prüfung von Zuchtmaterial auf Krebsresistenz
Projekt: BAZ-3130, BAZ-3114
Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland
Dr. K. Flath
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch im Bereich Braunrost bei Roggen
Aufgabe: Mehltaresistenztests bei Gerste
Projekt: BAZ-3122, BAZ-3140, BAZ-3134

Köln

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung
Dr. Ch. Gebhardt
Aufgabe: QTL-Marker für *Phytophthora*- Resistenz, chromosomenspezifische Marker für
Virusresistenz bei der Kartoffel
Projekt: BAZ-3114, BAZ-3128

Langenstein

Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH, Saatzucht Langenstein

Dr. R. Schachschneider

Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegen Rostkrankheiten von Genbankherkünften bei Triticale

Projekt: BAZ-3119

Leuna

Leuna-Tenside GmbH

Dr. K. Mateev

Aufgabe: Untersuchungen zur Gewinnung von Myristinsäure aus Öl von transgenem Raps

Projekt: BAZ-3121

M. Koch

Aufgabe: Durchführung von Markeranalysen an *H.-bulbosum*-Introgressionslinien

Projekt:BAZ-3151, BAZ-3161

Leutewitz

Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH (DSV)

Dr. J. Vaupel

Aufgabe: Feldprüfung von resistenten *H.-bulbosum*-Introgressionslinien

Projekt: BAZ-3151, BAZ-3161

M. Koch

Aufgabe: Durchführung von Markeranalysen an *H.-bulbosum*-Introgressionslinien

Projekt:BAZ-3151, BAZ-3161

Malchow/Poel

Norddeutsche Pflanzenzucht, Hans-Georg Lembke KG

Dr. W. Paulmann

Aufgabe: Prüfung transgener Rapspflanzen mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten

Projekt: BAZ-3123

W. Luesink

Aufgabe: Untersuchungen zur Umweltvarianz der Kronenrostresistenz

Projekt: BAZ-3106

Dr. M. Frauen, I. Gaue, Dr. G. Leckband

Aufgabe: Bonitur der männlichen Sterilität bei *Lolium perenne*

Projekt: BAZ-3138

Mannheim

Fuchs Petrolub AG

A. Kessler

Aufgabe: Untersuchungen zur technischen Verwendbarkeit von myristinsäurehaltigem Rapsöl

Projekt: BAZ-3121

München

GSF - Forschungszentrum für Umwelt und Gesundheit, Institut für Bioinformatik

Dr. S. Rudd

Aufgabe: Bioinformatische Prozessierung von Roggen-ESTs

Projekt: GABI - 12289B

Neu Darchau

Getreidezüchtungsforschung Darzau Hof

Dr. K.-J. Müller

Aufgabe: Prüfung von Hafersorten auf Flugbrandresistenz

Projekt: BAZ-3157

Niedertraubling

Saatzucht Bauer GmbH

Dr. U. Stephan

Aufgabe: Prüfung der Resistenz und agronomischen Leistungsfähigkeit von Haferzuchtstämmen

Projekt: BAZ-3118

Dr. L. Ramgraber

Aufgabe: Feldprüfung von resistenten *H.-bulbosum*-Introgressionslinien

Projekt: BAZ-3151, BAZ-3161

Rostock

Institut für Bodenkunde

PD Dr. I. Broer, Dr. K. Neumann, K. Struzyna

Aufgabe: Bereitstellung von Genkonstrukten zur Erzeugung markerfreier Pflanzen

Projekt: BAZ-3150

Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern, Institut für Pflanzenbau

Dr. M. Klaus, Dr. Th. Troegel

Aufgabe: Bereitstellung von Crambe-Genotypen für die somatische Hybridisierung

Projekt: BAZ-3132

Sagerheide

BTL Bio-Test Labor

Dr. Th. Thieme, M. Heinze

Aufgabe: Virusübertragung durch Blattläuse

Projekt: BAZ-3128

Stuttgart-Hohenheim

Universität Hohenheim; Landessaatzuchtanstalt

Prof. Dr. H. H. Geiger, Dr. Th. Miedaner

Aufgabe: Rekurrente Selektionsprogramme zur Verbesserung der Perennierungsfähigkeit bei Roggen

Projekt: BAZ-3129

Dr. E. Thiemt

Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegen Ähren-Fusarium von Genbankherkünften bei Triticale und

Beobachtungsanbau von Triticalehybriden

Projekt: BAZ-3119, BAZ-3148

Partner im Ausland/Foreign partners

China

Northwest Agricultural University, Yangling, Shaanxi

Dr. Cheng Zhihui

Aufgabe: Nutzung von biotechnologischen Methoden für die Züchtung von vegetativ vermehrten Kulturarten

Projekt: BAZ-3128, Bilaterale Kooperationsvereinbarung 18

Northwest Agricultural University, Yangling, Shaanxi

Dr. Zhensheng Kang, Dr. Lili Huang

Aufgabe: Untersuchungen zum Infektionsverhalten von relevanten Pathogenen (*Phytophthora infestans*, Virosen) bei der Kartoffel

Projekt: BAZ-3128, Bilaterale Kooperationsvereinbarung 2

Finnland/Finland

Boreal Plant Breeding, Jokioinen

Dr. E. A. J. Nissilä

Aufgabe: Entwicklung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen

Projekt: BAZ-3136

MTT Agrifood Research Finland, Plant Protection Research, Crops and Biotechnology, Jokioinen

Dr. V.-M. Rokka, J. Laurila

Aufgabe: Antherenkultur bei ausgewählten Genotypen der Kartoffel, Glykoalkaloidbestimmung bei somatischen Kartoffelhybriden

Projekt: BAZ-3128

Frankreich/France

Florimond Desprez, Amélioration des Plantes, Capelle-en-Pévèle

Ph. Lonnet

Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments

Projekt: BAZ-3147

Institut National de la Recherche Agronomique, Clermont-Ferrand-Cedex

A. Bouguennec und L. Jestin

Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments

Projekt: BAZ-3147

Großbritannien/Great Britain

John Innes Centre, Norwich

Prof. J. W. Snape

Aufgabe: Vergleich von Kartierungsdaten in einer *H. bulbosum*-Kartierungspopulation

Projekt: BAZ-3115, BAZ-3134

Kanada/Canada

Agriculture and Agri-Food Canada, Potato Research Centre, Fredericton

Dr. G. Tai

Aufgabe: Erstellung und Austausch von Basismaterial mit Produktqualität und hohem Stärkegehalt in Form von 24-chromosomigen Kartoffeln

Projekt: BAZ-3130, Kooperationsvereinbarung 11/93

Neuseeland/New Zealand

Crop & Food Research, Christchurch

Dr. R. Pickering

Aufgabe: Charakterisierung von Virusresistenzgenen gegenüber dem Gelbmosaikviruskomplex mit Hilfe von molekularen Markern

Projekt: BAZ-3115

Dr. R. Pickering

Aufgabe: Charakterisierung von Resistenzgenen gegen Zwergrost, Mehltau und Gelbverzwergungsvirus mit Hilfe molekularer Marker

Projekt: BAZ-3134

Niederlande/The Netherlands

Svalöf Weibull B.V. Postbus 235, Emmeloord

L. W. Suijs

Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments

Projekt: BAZ-3147

Polen/Poland

Danko Hodowla Roslin, Choryn

L. Brykczynska und Z. Banaszak

Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments

Projekt: BAZ-3147

Institute of Plant Breeding and Seed Production, Lublin

W. Kociuba

Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments

Projekt: BAZ-3147

Plant Breeding "Danko", Warka

Prof. T. Wolski

Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments

Projekt: BAZ-3147

Portugal

Estação Nacional de Melhoramento de Plantas, Elvas Codex
M. Benvindo
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-
Selektionsexperiments
Projekt: BAZ-3147

Rumänien/Romania

Babes Bolyai University, Cluj-Napoca
Dr. L. Rakosy-Tican, C. Aurori
Aufgabe: Verbesserung der Krankheitsresistenz bei der Kartoffel durch biotechnologische Methoden
(Transformation, somatische Hybridisierung)
Projekt: BAZ-3128, Bilaterale Kooperationsvereinbarung
Research Institute for Cereal and Industrial Crops, Fundulea
G. Ittu
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-
Selektionsexperiments
Projekt: BAZ-3147

Russland/Russia

N. I. Vavilov All Union Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg
Dr. O. V. Solodukhina
Aufgabe: Genetische Analyse von Braunrostresistenz bei Roggen
Projekt: BAZ-3122, BAZ-3140
Dr. T. Gavrilenko
Aufgabe: Zytogenetische Analysen an somatischen Hybriden der Kartoffel
O. Antonova
Aufgabe: Charakterisierung von interspezifischen somatischen Hybriden der Kartoffel
Projekt: BAZ-3128, Bilaterale Kooperationsvereinbarung 131
St. Petersburg State University, Dept. of Genetics, St. Petersburg
Dr. A. V. Voylovokov
Aufgabe: Genetische Analyse gametenselektierender Faktoren bei Roggen
Projekt: BAZ-3111, BAZ-3137

Schweiz/Switzerland

Swiss Federal Research Station for Plant Production (RAC) Nyon
D. Fossati
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-
Selektionsexperiments
Projekt: BAZ-3147

Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials
Groß Lüsewitz

Partner im Inland/German partners**Bad Schartau**

Pflanzenzucht Dr. h. c. Carsten
E. Eger, Dr. Knopf, Dr. Koch
Aufgabe: Analyse des Rohstoffes, der Stärkeisolation und -charakteristik, der
Verarbeitungseigenschaften und der Auswuchs- und Fusariumresistenz von waxy-Weizen
BAZ-3347

Berlin

Dr. Scholvien GmbH & Co, Essenzenfabrik Berlin

Dr. C. Christiansen

Aufgabe: Untersuchung zur Farbstoffderivation aus Kulturkartoffelstämmen (*Solanum tuberosum* Genpool) und Prüfung der wirtschaftlichen Nutzbarmachung darin enthaltener Farbpigmente

Projekt: BAZ-3342/1

Bönnshausen

Nordsaat Zuchtstation Gudow-Segrahn

Dr. E. Laubach

Aufgabe: Frostresistenz und Winterhärte von in vitro selektierten Wintergerstenlinien

Projekt: BAZ-3337

Eberswalde

Landesanstalt für Großschutzgebiete Eberswalde

R. Vögel

Aufgabe: Untersuchung zur Farbstoffderivation aus Kulturkartoffelstämmen (*Solanum tuberosum* Genpool) und Prüfung der wirtschaftlichen Nutzbarmachung darin enthaltener Farbpigmente

Projekt: BAZ-3342/1

Braunschweig

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft, Institut für Agrarökologie

Prof. H. J. Weigel

Aufgabe: Einfluss von abiotischem Stress und Klimaveränderungen auf die Qualitätseigenschaften landwirtschaftlicher Produkte

Projekt: BAZ-3356

Ebstorf

Bioplant GmbH

Dr. C. Zanke

Aufgabe: Untersuchung des Einflusses des genetischen Hintergrunds auf die durch eine *Erwinia* Pektatlyase induzierte Resistenz in transgenen Kartoffeln unterschiedlicher Sorten

Projekt: BAZ-3339

Gatersleben

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Genbank, Außenstellen Nord, Groß Lüsewitz

Dr. K. Schüler

Untersuchung zur Farbstoffderivation aus Kulturkartoffelstämmen (*Solanum tuberosum* Genpool) und Prüfung der wirtschaftlichen Nutzbarmachung darin enthaltener Farbpigmente

Projekt: BAZ-3342/1

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

Dr. H. Knüpfper

Aufgabe: Morphologische und genetische Evaluierung des Getreides

Projekt: BAZ-3341

Göttingen

Georg-August-Universität, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Dr. W. Link

Aufgabe: Selektion von Ackerbohnen-Inzuchtlinien mit differenzierter Prolinakkumulation unter osmotischem Stress und Untersuchung der Linien auf Unterschiede in der Trockentoleranz/Kältetoleranz

Projekt: BAZ-3344

Groß Lüsewitz

NORIKA GmbH Groß Lüsewitz

Dr. H. Junghans

Aufgabe: Untersuchung zur Farbstoffderivation aus Kulturkartoffelstämmen (*Solanum tuberosum* Genpool) und Prüfung der wirtschaftlichen Nutzbarmachung darin enthaltener Farbpigmente

Projekt: BAZ-3342/1

Gülzow

Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern

Dr. H. Gruber

Aufgabe: Evaluierung genetischer Ressourcen, Landsorten und aktueller Sorten zur Erstellung von Arbeitssortimenten (Getreide, Kartoffeln, Leguminosen) mit Bedeutung für den ökologischen Landbau unter besonderer Berücksichtigung der Qualität

Projekt: BAZ-3345

Halle

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz

Prof. W. E. Weber

Aufgabe: Entwicklung eines Industrieroggens bei besonderer Berücksichtigung der Hellkörnigkeit (FKZ 3087/A/0029B)

Projekt: BAZ-3341/1

Kassel

Universität Kassel, FG Angewandte Nutztierethologie und Artgemäße Tierhaltung

Prof. Dr. D. W. Fölsch

Aufgabe: Gekeimte Samen als Futtermittel - Analytik

Projekt: BAZ-3346/1

Lenzen

Elbländische Pflanzgarten GmbH Lenzen

Herr Jakobs

Aufgabe: Untersuchung zur Farbstoffderivation aus Kulturkartoffelstämmen (*Solanum tuberosum* Genpool) und Prüfung der wirtschaftlichen Nutzbarmachung darin enthaltener Farbpigmente

Projekt: BAZ-3342/1

Leopoldshöhe

W. von Borries-Eckendorf GmbH & Co., Pflanzenzuchtabteilung

Dr. A. Jacobi

Aufgabe: Selektion von Triticale hinsichtlich der Nutzung zur Stärkegewinnung - Bereitstellung von NIT-Kalibrationen bei Triticale

Projekt: BAZ-3357

Markranstädt

Ceresan GmbH

Dr. R. Schirmer

Aufgabe: Einzelsamencharakteristik - züchtungsrelevante Analyse von Inhaltsstoffen, Farbe, Härte und Image an Getreidekörnern

Projekt: BAZ-3341

Tübingen

OWISAN Biotechnische Entwicklungen und Vertrieb OHG

Dr. M. K. Otto, Dr. W. Wiesner

Aufgabe: Gekeimte Samen als Futtermittel - Analytik

Projekt: BAZ-3346/1

Partner im Ausland/Foreign partners

Indien/India

CCS Haryana Agricultural University, Department of Plant Breeding, Hisar

Prof. Dr. R. K. Behl

Aufgabe: Charakterisierung der Produktqualität von Weizengenotypen mittels Proteinen und molekularen Markern

Projekt: BAZ-3347

Russland/Russia

N. I. Vavilov All Union-Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg

Dr. Y. Chesnokov

Aufgabe: Morphologische und genetische Evaluierung des Getreides

Projekt: BAZ-3341, Kooperationsvereinbarung 62

N. I. Vavilov All Union-Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg

Dr. N. Krynychna

Aufgabe: Evaluierung genetischer Ressourcen bei Getreide hinsichtlich der Entwicklung des

Wurzelsystems unter dem Aspekt eines schnellen und effektiven Jugendwachstums - besonders für den ökologischen Landbau

Projekt: BAZ-3350, Kooperationsvereinbarung 62

Institut für gartenbauliche Kulturen

Institute of Horticultural Crops

Quedlinburg

Partner im Inland/German partners

Aschersleben

Majoranwerk Aschersleben GmbH

J. Overkamp

Aufgabe: Betreuung und Auswertung der Demonstrationsexperimente mit Fenchel in der Agrargenossenschaft Hedersleben, Erarbeitung einer technologischen Musterkarte für den Anbau von kleinfrüchtigem Fenchel als NAN der BAZ

Projekt: Kultusministerium ST: FKZ 3271A/0020Lv

J. Overkamp

Aufgabe: Bearbeitung von Teilaufgaben im InnoRegio-Projekt „Carvacrolhaltige

Bohnenkrautextrakte (*Satureja hortensis*) für Naturstoffprodukte mit antimikrobieller und antioxidativer Wirkung für Pharmazie, Lebensmittelindustrie und Kosmetik“ als Forschungsverbundpartner

Projekt: BMBF; FKZ 03i0612

Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzen Saaten GmbH

Karin Späth

Aufgabe: Bearbeitung von Teilaufgaben im InnoRegio-Projekt „Carvacrolhaltige

Bohnenkrautextrakte (*Satureja hortensis*) für Naturstoffprodukte mit antimikrobieller und antioxidativer Wirkung für Pharmazie, Lebensmittelindustrie und Kosmetik“ als Forschungsverbundpartner

Projekt: BMBF; FKZ 03i0612

Dr. Junghanns GmbH

Dr. W. Junghanns

Aufgabe: Bearbeitung von Teilaufgaben im InnoRegio-Projekt “Rohstoffoptimierung für die

Herstellung von Thymianfluidextrakt und Thymi herba unter Berücksichtigung der Bedingungen im traditionellen Anbaugebiet des Harzvorlandes“ als Forschungsverbundpartner

Projekt: BMBF; FKZ 03i0611

Bernburg

Lehr- und Versuchsanstalt für Acker- und Pflanzenbau Sachsen-Anhalt

Frau I. Reichardt

Aufgabe: Kleinparzellenversuch zur Standraumoptimierung von Arzneifenchel als NAN der BAZ

Projekt: Kultusministerium ST: FKZ 3271/A/0020Lv

Bonn

Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e.V.

Dr. E. Kroth

Aufgabe: Inhaltsstoffanalysen an Johanniskraut-Proben im Forschungsverbund mit der BAZ

Projekt: FNR: FKZ 00NR026

Elsdorf

Außenstelle des Instituts für Nematologie und Wirbeltierkunde der BBA
Dr. J. Schlang
Aufgabe: Populationsdynamik von *Heterodera schachtii*
Projekt: BAZ-1143

Erfurt

N. L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH
Dr. W. D. Blüthner
Aufgabe: Experimentalkreuzungen mit Johanniskraut im Forschungsverbund mit der BAZ
Bereitstellung von Linien und Sporensuspension für den Resistenztest durch die BAZ
Projekt: FNR: FKZ 00NR026

Gatersleben

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung
Dr. A. Börner
Aufgabe: Bereitstellung von Saatgutproben, Bereitstellung von Bestäubungsinsekten
Projekt: BAZ 1159, BAZ-1160
Dr. F. Matzk
Aufgabe: Bestimmung des Reproduktionstypes von Johanniskraut als NAN der BAZ
Projekt: FNR: FKZ 00NR026
Dr. A. Börner
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105
Projekt: BAZ-1152
Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Gatersleben
E. Willner, Dr. Knüpper
Aufgabe: Materialbereitstellung für *Alternaria*-Resistenzevaluierungen
Projekt: BAZ-1142

Halle

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Agrarökologisches Institut e.V.
Dr. G. Müller
Aufgabe: Einarbeitung in molekular-cytogenetische Methoden der "Genomischen-in-situ-Hybridisierung" zum Nachweis von Fremdintrogressionen
Projekt: Europäischer Sozialfond Fördermaßnahme

Hedersleben

Agrargenossenschaft Hedersleben e.G.
L. Trautmann
Aufgabe: Durchführung des Demonstrationsexperimentes mit Arzneifenchel als NAN der BAZ
Projekt: Kultusministerium ST: FKZ 3271A/0020LV
Projekt: BAZ-1147

Lundsgaard

P. H. Petersen Saatzucht Lundsgaard
M. Schlathölter
Aufgabe: Nematodenresistenzprüfung
Projekt: BAZ-1143

Malchow

Genbank IPK Außenstelle Malchow
Frau E. Willner
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-1142

Marne

Marner GZG Saaten AG
Dr. H. Löptien
Aufgabe: TuMV-Resistenz in Kohl
Projekt: BAZ-1156

Stuttgart

Institut für Lebensmitteltechnologie
Fachgebiet Allgemeine Lebensmitteltechnologie und Lebensmittelmikrobiologie
Universität Hohenheim
Prof. Dr. W. P. Hammes, Sara Burghardt
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-1152

Partner im Ausland/Foreign partners

Chile

Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Concepción-Chile,
Dr. Carlos Marcello Baeza Perry
Aufgabe: Molekulare Zytogenetik (Karyotypanalyse) bei *Allium* und *Alstroemeria*
Projekt: BAZ-1167

China

Yunnan Academy of Agricultural Sciences, The Biotechnology Research Institute, Kunming
Prof. Li Chengyun
Aufgabe: Molekularbiologie von Resistenz bei Gemüse
Projekt: BAZ-1143

Frankreich/France

Institut National d'Horticulture, Angers
Dr. M. Briard
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105
Projekt: BAZ-1152

Griechenland/Greece

Agricultural Research Centre of Makedonia and Thraki, Greek Gene Bank, Thessaloniki
Dr. S. Samaras
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105
Projekt: BAZ-1152

Großbritannien/Great Britain

Horticulture Research International, Wellesbourne
C. Jenner
Aufgabe: Austausch und Pathotypisierung von TuMV-Virusisolaten
Projekt: BAZ-1156
Dr. D. Astley, Dr. B. Smith, Dr. A. Pinnegar
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105
Projekt: BAZ-1152
Scottish Agricultural Science Agency, Edinburgh
Dr. J. Davey, Dr. N. Green
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105
Projekt: BAZ-1152

Italien/Italy

Dipartimento di Agronomia Università di Bologna, Bologna
Dr. L. F. D'Antuono
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105
Projekt: BAZ-1152

Kanada/Canada

Agriculture and Agrifood, Ottawa
Dr. S. Warwick
Aufgabe: Molekulare Charakterisierung interspezifischer Introgression bei verschiedenen Brassicaceae / Molecular characterization of hybrids
Projekt: Kooperationsvereinbarung 8/99

Polen/Poland

Plant Genetic Resources Lab., Research Institute of Vegetable Crops, Skierniewice
Dr. T. Kotlinska
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105
Projekt: BAZ-1152

Russland/Russia

Allrussisches Institut für Phytopathologie, Golitsino
Dr. V. Djavakhia, Dr. Tatjana Voinova
Aufgabe: Isolierung und Nutzung bakterieller Resistenzgene zum Gentransfer in verschiedene Brassicaceae
Projekt: BAZ-1140; Kooperationsvereinbarung 103

Schweden/Sweden

Nordic Gene Bank, Alnarp
Dr. G. Poulsen, K. Wedelstack-Blath
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105
Projekt: BAZ-1152

Institut für Pflanzenanalytik Institute of Plant Analysis Quedlinburg

Partner im Inland/German partners**Alt-Mölln**

Deutsche Spargelzuchtstation GbR
A. Rosen
Aufgabe: Variabilität der sensorischen Qualität von Spargelsorten
Projekt: BAZ-1230

Artern

Pharmaplant GmbH
Dr. A. Plescher
Aufgabe: Isolierung und analytische Charakterisierung von Gewürzölen mit pharm. Bedeutung
Projekt: Rephyna
Dr. A. Plescher
Aufgabe: Analytische Charakterisierung von Arznei- und Gewürzpflanzen

Aschersleben

Majoranwerk Ascherleben GmbH
J. Overcamp
Aufgabe: Vorbereitung eines künftiges Forschungsprojektes zur Variabilität von Enantiomeren in ätherischen Ölen von Arznei- und Gewürzpflanzen
Projekt: BAZ-1229

Berlin

DIN Deutsches Institut für Normung e.V., Normenausschuß "Lebensmittel und landwirtschaftliche Produkte"
Dr. Siewek
Aufgabe: Normung analytischer Methoden im Gewürzbereich

Bernburg

Fachhochschule Anhalt; Fachbereich Landwirtschaft, Ökotoxikologie, Landespflege
Prof. Dr. D. Hanrieder, Prof. Dr. I. Schellenberg, Dr. M. Hirschfelder
Aufgabe: Entwicklung von Schnellmethoden für die Aromaanalytik bei Erdbeeren, Aromaanalytik bei Kartoffeln, Variabilität bei Kamille
Projekt: BAZ-1217, BAZ-1219, BAZ-1213

Bonn

Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Institut für Pharmazeutische Biologie

PD Dr. M. Keusgen

Aufgabe: Analytische Charakterisierung von *Allium*- Genotypen (Bearbeitung eines gemeinsamen Drittmittel-Projektes)

Projekt: BAZ-1243

Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Institut für Lebensmittelwissenschaft und Lebensmittelchemie

Prof. Dr. Hans Buening-Pfaue

Aufgabe: Projektvorbereitung: "Verbesserung des Gesundheitswertes von

Brassicaceen-Gemüse durch Züchtung sowie durch Optimierung der Lebensmittelverarbeitung

Braunschweig

Technische Universität, Institut für Lebensmittelchemie

Prof. Dr. P. Winterhalter

Aufgabe: Übernahme von Lehrveranstaltungen

Calbe

Agrargenossenschaft Calbe

R. Tischler

Aufgabe: Bearbeitung eines gemeinsamen Drittmittelprojektes, Bereitstellung von Untersuchungsmaterial

Projekt: BAZ-1243

Ditfurt

Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau, Abteilung 3, Zentrum für Gartenbau und Technik, Ditfurt

Dr. E. Roth

Aufgabe: Stellung von Versuchsmaterial (Äpfel) und Informationen

Projekt: BAZ-1223

Essen

Universität Essen

Prof. Dr. B. Schrader

Aufgabe: Raman-Untersuchungen an pflanzlichem Material

Projekt: BAZ-1250

Gatersleben

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Gatersleben

Dr. Börner, Dr. J. Keller

Aufgabe: Variabilität von Inhaltsstoffen in Petersilie, Sellerie und Möhre, Basilikum, Fenchel, Zwiebel

Projekt: BAZ-1216, Bearbeitung eines gemeinsamen Drittmittelprojektes (BAZ-1243 *Allium*)

Geisenheim

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Weinanalytik und Getränkeforschung

Prof. Dr. A. Dietrich

Aufgabe: Aromaanalytik bei resistenten Apfelsorten

Projekt: BAZ-1225

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Gemüsebau

Prof. Dr. P.-J. Paschold

Aufgabe: Informations- und Materialaustausch zum Thema Spargel

Projekt: BAZ-1230, BML 115-0762-A3-12/18

Prof. Dr. P.-J. Paschold, Frau H. Herrmann, Frau Artelt

Groß Schierstedt

Dr. Junghanns GmbH

Dr. W. Junghanns

Aufgabe: Bereitstellung von Untersuchungsmaterial, Vorbereitung von Projektanträgen

Projekt: BAZ-1226

Großbeeren

Institut für Gemüse und Zierpflanzenbau
Dr. M. Schreiner, Dr. A. Krumbin
Aufgabe: Entwicklung von Schnellmethoden für die Qualitätsanalyse bei Obst und Gemüse
Projekt: BAZ-1219

Hamburg

Fa. Kaders GmbH
D. Protzen
Aufgabe: Analytik wertgebender Inhaltsstoffe in Arznei- und Gewürzpflanzen mittels NIRS
Projekt: BAZ-1216, BAZ-1220

Hannover

Bundessortenamt
H. Heine
Aufgabe: Begutachtung von Mustern aus Wert- und Registerprüfungen für Arznei- und Gewürzpflanzen
Landwirtschaftskammer Hannover
F. Uwihs
Johannsenstr. 10,
D-30159 Hannover, Germany
Aufgabe: Variabilität der sensorischen Qualität von Spargelgenotypen als Reaktion auf Kulturmethode und Nacherntebehandlung
Projekt: BAZ-1249

Heidelberg

Universität Heidelberg, Institut für pharmazeutische Biologie
Prof. Reichling
Aufgabe: Absprachen bzgl. Zusammenarbeit für ein BAZ-Forschungsprojekt zur Variabilität von Enantiomeren in ätherischen Ölen von Arznei- und Gewürzpflanzen
Projekt: BAZ-1229

Holzminden

Symrise GmbH & Co KG
Dr. F. J. Hammerschmidt, Dr. G. Krammer, G. Lösing, Dr. Schmaus
Aufgabe: Aromaanalytik bei Kartoffeln, Analytische Charakterisierung von Allium-Genotypen, IR/Raman-Analytik, Ätherische Öle
Projekte: BAZ-1213, BAZ-1250

Hoyerhagen

Vereinigung der Spargelanbauer Niedersachsen e. V.
D. Paul
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch zum Thema "Spargel"
Projekt: BAZ-1230

Jena

Analytic Jena AG
M. Rohe, K. Franz
Aufgabe: Untersuchungen zur antioxidativen Kapazität von Teedrogen
Friedrich-Schiller-Universität Jena
J. Popp, P. Rösch, M. Strehle
Aufgabe: Spektroskopische Charakterisierung von Medizinal- und Gewürzpflanzen
Projekt: BAZ-1250

Magdeburg

REPHYNA e. V., LUS GmbH
Dr. L. Lücke, Dr. H. Herzberg, Dr. H. Grahlert
Aufgabe: Vorbereitung und Bearbeitung gemeinsamer Drittmittel-Projekte
Projekte: BAZ-1241, BAZ-1243

Marne

Marner GZG Saaten AG
Dr. A. Löptien
Aufgabe: Zusammenarbeit zu Untersuchungen des Glucosinolatgehaltes verschiedener *Brassica-Oleracea*-Sorten

Möringen

Saatzucht Möringen
Dr. J. Gottwald
Aufgabe: Variabilität der sensorischen Qualität von Spargelsorten
Projekt: BAZ-1230

Müllheim

Fa. Analyt-MTC
Dr. H. Roberg
Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe, Chemometrie
Projekt: BAZ-1222, BAZ-1228

Neumarkt

Fa. Bionorica Arzneimittel
Dr. G. Abel
Aufgabe: SPME-Analytik bei Drogen, Pflanzenextrakten und Phytopharmaka
Projekt: BAZ-1236 (AiF-Drittmittelprojekt)

Nöbdenitz

Agrargenossenschaft
U. Quaas
Aufgabe: Untersuchungen zur Variabilität bei Kamille

Orthofen

Fa. Kistler & Co GmbH
S. Kistler
Aufgabe: Analytische Charakterisierung von neuen Kamillesorten
Projekt: BAZ-1227

Osnabrück

FH Osnabrück
Prof. Ch. Wonneberger
Aufgabe: Variabilität der sensorischen Qualität von Spargelgenotypen als Reaktion auf Kulturmethoden und Nacherntebehandlung
Projekt: BAZ-1249

Sinzig

Forschungsvereinigung der Arzneimittel-Hersteller e. V. (FAH)
Dr. E. Kroth
Aufgabe: Etablierung einer breiten Anwendung der Festphasen-Gasschromatographie-Mikroextraktion (SPME-GC) im pharmazeutischen Bereich
Projekt: BAZ-1236

Vestenbergsreuth

Fa. Martin Bauer GmbH & Co KG
Dr. H.-J. Hannig
Aufgabe: Entwicklung von NIRS-Methoden zur Charakterisierung diverser Heil- und Gewürzpflanzen
Phytolab GmbH
Dr. L. Kabelitz, Dr. K. Reif
Aufgabe: Analytik von Medizinal- und Gewürzpflanzen

Wernigerode

Fa. Pharma Wernigerode

Dr. H. Burckardt

Aufgabe: Analyse unterschiedlicher Alkaloide in Sorten- und Linienmaterial von *Papaver somniferum* L.

Projekt: BAZ-1232

Dr. H. Burckardt

Aufgabe: SPME-Analytik bei Drogen, Pflanzenextrakten und Phytopharmaka

Projekt: BAZ-1236 (AiF-Drittmittelprojekt)

Partner im Ausland/Foreign partners

Dänemark/Denmark

Royal Veterinary and Agricultural University Copenhagen

Dr. Leif Poll

Aufgabe: Einfluss der Anbaubedingungen auf das Erdbeeraroma

Projekt: BAZ-1237

Israel/Israel

The Volcani Centre, Institute for Technology and Storage of Agricultural Products, Department of Postharvest Science of Fresh Produce, Bet Dagan

Dr. E. Fallik, Prof. Dr. U. Ravid

Aufgabe: Schnelle Bestimmung flüchtiger Indikatorsubstanzen für geschmackliche Qualität und Befall durch Schaderreger

Projekt: Bilaterale Kooperation, Erarbeitung eines gemeinsamen Projektantrages (GiF)

Niederlande/The Netherlands

ABZ AARD beien nit ZaaD B. V., Bovenkarspel

Dr. Ge' Bentvelsen

Aufgabe: Erdbeerflavour

Projekt: BAZ-1237

Schweden/Sweden

The Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Plant Breeding Research, Alnarp

Frau Dr. G. Engqvist

Aufgabe: Bestimmung des Glucosinolatgehaltes/GSL-Verbindungsmusters in Kopfkohl/Blumenkohl im Hinblick auf ihr Resistenzverhalten gegen *Phoma* (in Zusammenarbeit mit der Züchterfirma Svalöf Weibull)

Südafrika/South Africa

ARC-Fruit, Vine and Wine Research Institute, Stellenbosch

Frau Dr. E. Joubert, Frau Dr. M. Manley

Aufgabe: Bestimmung von polyphenolischen Inhaltsstoffen in Teedrogen, Bestimmung von Wertkomponenten in Teufelskralle-Wurzeln

Projekt: BAZ-1227, BAZ-1231

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof
Siebeldingen

Partner im Inland/German partners

Aachen

Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule

Prof. Dr. M. Frentzen, Dr. D. Weier

Aufgabe: Informations- und Materialaustausch

Projekt: BAZ-5141

Bonn

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information/Institut für Biologische Vielfalt (ZADI/IBV)
Dr. F. Begemann, S. Harrer
Aufgabe: Aufbereitung des Vitis International Variety Katalogs für die Internet-Nutzung
Projekt: BAZ-5106

Braunschweig

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit
Dr. J. Schiemann
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5140

Ebersberg

MWG Biotech
Dr. Brand
Aufgabe: DNA-Sequenzierung
Projekt: BAZ-5115

Ebstorf

Bioplant Biotechnologisches Forschungslabor GmbH
Dr. E. Tacke
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5140

Einbeck

Planta Angewandte Pflanzengenetik und Biotechnologie GmbH
Dr. J. Kraus
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5140

Freiburg

Staatliches Weinbauinstitut
Dr. Jörger, Dr. H. H. Kassemeyer
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen
Projekt: BAZ-5101

Freising-Weihenstephan

Bayerische Landesanstalt für Bodenkultur und Pflanzenbau
Dr. M. Reichmann
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5140

Gatersleben

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung
PD Dr. H. Puchta
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5140
SunGene GmbH & CoKGaA
Prof. U. Sonnewald, PD Dr. K. Herbers
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5140

Geisenheim

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Rebenzüchtung und Rebenveredlung
Prof. Dr. E. H. Rühl, Prof. Dr. M.-B. Schroeder
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen
Projekt: BAZ-5101

Gießen

Justus-Liebig-Universität, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Prof. Dr. Dr. h. c. W. Friedt, Dr. W. Lühs
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5138
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5141

Hamburg

Universität Hamburg, Institut für angewandte Botanik
Prof. Dr. E. Heinz
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5141

Hassloch

Bundessortenamt
Dr. R. Becher
Aufgabe: Harmonisierung der Rebenmerkmalslisten von OIV, UPOV und IPGRI
Projekt: BAZ-5126

Hohenlieth

Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG
Dr. G. Leckband
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5141

Karlsruhe

Universität Karlsruhe, Institut für Lebensmittelchemie
Prof. Dr. Dr. A. Rapp
Aufgabe: Austausch von Daten zu Aromaprofilen
Projekt: BAZ-5123

Köln

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung
Prof. Dr. H. H. Steinbiß
Aufgabe: Optimierung von Co-Transformationsvektoren
Projekt: BAZ-5140

Lippstadt

Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH
Dipl.-Ing. H. Busch, Dr. Oertel
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5141

Oppenheim

ECOVIN Bundesverband
C. Bernhard, U. Gebert
Aufgabe: Informationstausch
Projekt: BAZ-5146

Oppenheim/Alzey

Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum (DLR) Rheinhessen-Nahe-Hunsrück
Fachbereich Rebenzüchtung
Dr. W. Hofäcker, H. Schlamp
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen
Projekt: BAZ-5101
Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum (DLR) Rheinhessen-Nahe-Hunsrück
Beratung Ökologischer Weinbau
B. Fader
Aufgabe: Informationsaustausch
Projekt BAZ-5146

Schmallenberg

Fraunhofer-Institut für Umweltchemie und Ökotoxikologie, Abteilung Molekulare Biotechnologie
Dr. W. Frank
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch
Projekt: BAZ-5140

Rostock

Universität Rostock, Fachbereich Biowissenschaften/Zellphysiologie
Prof. Dr. I. Broer, Dr. K. Neumann
Aufgabe: Optimierung von Co-Transformationsvektoren
Projekt: BAZ-5140

Weinsberg

Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau
Dr. B. Hill
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen
Projekt: BAZ-5101

Würzburg

Bayrische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau
Ltd. LD K. Wahl
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen
Projekt: BAZ-5101

Partner im Ausland/Foreign partners**Südafrika/South Africa**

University of Stellenbosch, Stellenbosch
Johann Burger
Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten
Projekt: BAZ-5115

Australien/Australia

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Division of Horticulture, Adelaide
Dr. M. R. Thomas
Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten
Projekt: BAZ-5115

Bulgarien/Bulgaria

Institute of Viticulture and Enology, Pleven
Prof. P. Abracheva
Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe
Projekt: BAZ-5126

Chile/Chile

University Técnica Federico Santa Maria, Valparaiso
Hugo Pena-Cortés
Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten
Projekt: BAZ-5115

Frankreich/France

UFR Viticulture, ENSA.M, Montpellier
Thierry Lacombe
Aufgabe: Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe, Harmonisierung der Rebenmerkmalslisten von OIV, UPOV und IPGRI
Projekt: BAZ-5126

URGV, INRA, Evry

Dr. A.-F. Adam-Blondon

Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten

Projekt: BAZ-5115

Aufgabe: Physikalische Kartierung und molekulare Analyse züchterisch relevanter Regionen des Rebgenoms

Projekt: BAZ-5133

UMR SPO, INRA, Montpellier

Dr. C. Romieu

Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten

Projekt: BAZ-5115

Laboratoire de Génétique et d'Amélioration des Plantes, INRA, Colmar

Dr. D. Merdinoglu

Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten

Projekt: BAZ-5115

Laboratoire de Génétique et d'Amélioration des Plantes, INRA, Colmar

Dr. S. Wiedemann-Merdinoglu

Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten

Projekt: BAZ-5115

UMR CNRS, Université de Poitiers, Bâtiment Botanique, Poitiers

Prof. Serge Delrot

Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten

Projekt: BAZ-5115

Griechenland/Greece

National Agricultural Research Foundation, Agricultural Research Center of Makedonia and Thraki Greek Gene Bank, Thermi of Thessaloniki

Dr. A. Mattheou

Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe

Projekt: BAZ-5126

Italien/Italy

Università degli Studi di Udine, Dipartimento di Produzione Vegetale e Technologie Agrarie, Udine

Dr. G. di Gaspero/Dr. R. Testolin

Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten

Projekt: BAZ-5115

Istituto Agrario di San Michele all' Adige, San Michele all' Adige

Dr. R. Velasco, Dr. S. Grandi

Aufgabe: DNA-Sequenzierung

Projekt: BAZ-5115

Istituto Sperimentale per la Viticoltura

Susegana

Dr. A. Costacurta

Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe, Harmonisierung der Rebenmerkmalslisten von OIV, UPOV und IPGRI

Projekt: BAZ-5126

Centro Miglioramento Genetico e Biologia delle Vite

Grugliasco (To)

Dr. A. Schneider

Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe, Harmonisierung der Rebenmerkmalslisten von OIV, UPOV und IPGRI

Projekt: BAZ-5126

Kroatien/Croatia

University of Zagreb, Faculty of Agriculture, Zagreb

Prof. Dr. Edi Maletic, Dr. I. Pejic

Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe

Projekt: BAZ-5126

Moldawien/Moldavia

National Institute for Grape and Wine, Kishinev
Dr. N. Ciutac
Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe
Projekt: BAZ-5126

Österreich/Austria

Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau, Klosterneuburg
Dr. H. Kaserer
Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe
Projekt: BAZ-5126

Portugal

Estação Vitivinícola Nacional, Dois Porto
Dr. J. Eiras Dias
Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe
Projekt: BAZ-5126

Schweiz/Switzerland

Station Fédérale de Recherches en Production Végétale de Changins, Pully
Dr. D. Maigre
Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe, Harmonisierung der Rebenmerkmalslisten von OIV, UPOV und IPGRI
Projekt: BAZ-5126

Laboratoire de biochimie, Université de Neuchâtel, Neuchâtel
Dr. J.-M. Neuhaus
Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten
Projekt: BAZ-5115

Slowenien/Slovenia

Biotehniska fakulteta, Ljubljana
Dr. Zora Korosec-Koruza
Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe
Projekt: BAZ-5126

Spanien/Spain

Departamento de Biología Vegetal, Universidad Politécnica de Madrid, E.T.S., Madrid
Prof. J. Ortiz
Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe
Projekt: BAZ-5126

CNB-CSIC, Dpto. de Genética Molecular de Plantas, Campus de la UAM, Madrid
Dr. J. M. Zapata
Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten
Projekt: BAZ-5115

Tschechische Republik/Czech Republic

Research Station for Viticulture, Karlstein
Dr. Olga Mercedes Jandurova
Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe
Projekt: BAZ-5126

Ungarn/Hungary

FM Zsölézeti és Borászati Kutató, Intézet allomása, Pécs
Dr. Pal Kozma
Aufgabe: ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe
Projekt: BAZ-5126

USA

Department of Viticulture and Enology, University of California, Davis

Prof. Dr. C. P. Meredith

Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten

Projekt: BAZ-5115

Department of Horticultural Sciences, Cornell University, Geneva, N.Y.

Prof. Dr. B. J. Reisch

Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten

Projekt: BAZ-5115

University of California, Davis

Douglas Cook

Aufgabe: Austausch von Material für genetische Kartierungsarbeiten

Projekt: BAZ 5115

X. Veröffentlichungen

Publications

Wissenschaftliche Beiträge

Scientific Publications

Institut für Zierpflanzenzüchtung
Institute of Ornamental Plant Breeding
Ahrensburg

- DEBENER, T.; DOHM, A.; MATTIESCH, L.: The use of diploid self incompatible rose genotypes as a tool for gene flow analyses in roses. *Plant Breed.* **122**, 2003, 285-287
- DEBENER, T.: Inheritance of characters. In: Roberts, A. V.; Debener, T.; Gudin, S. (Eds): *Encyclopedia of rose science*, Elsevier, Oxford, UK, 2003, Vol. I, 286-292
- KAUFMANN, H.; MATTIESCH, L.; LÖRZ, H.; DEBENER, T.: Construction of a BAC library of *Rosa rugosa* Thunb. and assembly of a contig spanning *Rdr1*, a gene conferring resistance to blackspot. *Mol. Genet. Genomics* **268**, 2003, 666-674
- LINDE, M.; DEBENER, T.: Isolation and identification of eight races of powdery mildew of roses (*Podosphaera pan-nosa*) (Wallr.: Fr.) de Bary and the genetic analysis of the resistance gene *Rpp1*. *Theor. Appl. Genet.* **107**, 2003, 256-262
- LINDE, M.; SHISHKOFF, N.: Powdery mildew. In: Roberts, A. V.; Debener, T.; Gudin, S. (Eds): *Encyclopedia of rose science*, Elsevier, Oxford, UK, 2003, Vol. I, 159-165
- PREIL, W.: Micropropagation of ornamental plants. In: Laimer, M.; Rucker, W. (Eds): *Plant tissue culture 100 years since Gottlieb Haberlandt*, Springer, Wien, 2003, 115-133
- ROBERTS, A. V.; SCHUM, A.: Micropropagation. In: Roberts, A. V.; Debener, T.; Gudin, S. (Eds): *Encyclopedia of rose science*, Elsevier, Oxford, UK, 2003, Vol. I, 57-66
- SCHUM, A.: Mutation breeding in ornamentals: An efficient breeding method? *Acta Hort.* **612**, 2003, 47-60
- SCHUM, A.; DOHM, A.: In vitro regeneration techniques. In: Roberts, A. V.; Debener, T.; Gudin, S. (Eds): *Encyclopedia of rose science*, Elsevier, Oxford, UK, 2003, Vol. I, 76-90

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik
Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics
Aschersleben

- FOMITCHEVA, V. W.; SCHUBERT, J.; HABEKUß, A.; RABENSTEIN, F.: Immunodetection of RNA-dependent RNA-polymerase of Barley yellow dwarf virus. *Phytomedizin, Mitt. Deut. Phytomed. Gesell.* **33** (2), 2003, 32-33
- KASTIRR, U.; KÜHNE, T.: Resistenzforschung und Resistenzzüchtung im Pflanzenschutz und Umweltschutz. Tagungsband 7. Thüringer Agrarökologie-Kolloquium "Pflanzenschutz und Umweltschutz", 15.05.2003, Jena, 18-21
- KASTIRR, U.; KÜHNE, T.: Untersuchungen zur Epidemiologie des Soil-borne cereal mosaic virus (SBCMV). *Phytopharmazie, Mitt. Deut. Phytomed. Ges.* **33** (2), 2003, S. 30
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, T.: First results on screening of rye, wheat and triticale material for resistance to soil-borne cereal mosaic virus. *Agroekol. Zurnal, Spezialnii Vipusk*, 2002, 22-27

- KÜHNE, T.; PROESELER, G.: RNA1 determines the ability of *Barley yellow mosaic virus 2* to overcome the *rym4* resistance gene in barley. Proc. 5th Symp. IWGPVFFV, Zürich, 22.-25.07.2002, 80-83
- KÜHNE, T.; SHI, N.; PROESELER, G.; ADAMS, M. J.; KANYUKA, K.: The ability of a bymovirus to overcome the *rym4*-mediated resistance in barley correlates with a codon change in the VPg coding region on RNA1. J. Gen. Virol. **84** (10), 2003, 2853-2859
- MACHOWICZ-STEFANIAK, Z.; GABLER, J.; ZALEWSKA, E.: Patogeny zagrazajace uprawie roslin zielarskich. Folia Horticulturae 2003, Suppl. 1, 565-567
- RABENSTEIN, F.; SUKHACHEVA, E.; HABEKUß, A.; FOMITCHEVA, V.; SCHUBERT, J.: Charakterisierung von monoklonalen Antikörpern gegen das Isolat ASL-1 des *Barley yellow dwarf virus* - PAV. Phytomedizin, Mitt. Deut. Phytomed. Ges. **33** (2), 2003, 31-32
- RODEVA, R.; GABLER, J.: Fungal diseases of dill and reaction of Bulgarian and German cultivars in 2001 and 2002. Proc. Scientific Papers Int. Scientific Conference "50 Years University of Forestry". Session Plant Protection, Sofia, 01.-02.04.2003, 227-230
- SCHUBERT, J.; HABEKUß, A.; RABENSTEIN, F.: Investigation of differences between wheat and barley forms of *Wheat dwarf virus* and their distribution in host plants. Plant Protect. Sci. **38**, Special Iss. 1, 2002, 43-48
- SCHUBERT, J.; RABENSTEIN, F.; GIPPERT, R.; GNEIST, A.; SUKHACHEVA, E.: Zum Auftreten von Stämmen des *Potato virus Y* in Sachsen-Anhalt. Phytomedizin, Mitt. Deut. Phytomed. Ges. **33** (2), 2003, 30-31
- SPAAR, D.; FUCHS, E.; RABENSTEIN, F.: Viruserkrankungen an Futtergräser- und Getreide in Deutschland- epidemiologische und ökonomische Bedeutung und Bekämpfungsmaßnahmen (Russisch). Agroekol. Zurnal, Spezialnii Vipusk, 2002, 15-21
- SPAAR, D.; PROESELER, G.; KASTIRR, U.: Bodenbürtige Viren am Getreide in Europa - Verbreitung, Epidemiologie und ihre Bekämpfung. Ivestija TSCHA, Ausgabe 4, 2002, 171-179

Institut für Epidemiologie und Resistenz Institute of Epidemiology and Resistance Aschersleben

- CSÖSZ, M.; KOPAHNKE, D.; NAGYHASKA, E.; PUSZTAI, I.; MESTERHÁZY, Á.: Resistance of winter wheat cultivars against necrotrophic leaf pathogens, 2001-2003 Szeged, Hungary and 2003 Aschersleben, Germany. 3rd Int. Plant Protection Symposium at Debrecen University, 15.-16.10.2003, Debrecen, Ungarn, Proc., 166-170
- FOMITCHEVA, V. W.; SCHUBERT, J.; HABEKUß, A.: Immunodetection of RNA-dependent RNA-polymerase of Barley yellow dwarf virus. Phytomedizin, Mitt. Deut. Phytomed. Gesell. **33** (2), 2003, 32-33
- FRIEDT, W.; GEHRINGER, A.; BÄTZEL, R.; MÜLLER, M.; ORDON, F.; LÜHS, W.: Development of winter oilseed rape hybrids suited for sustainable oilcrop production. Proc. 11th Int. Rapeseed Congress, 06.-10.07.2003, Kopenhagen, Dänemark, 350-353
- FRIEDT, W.; LÜHS, W.; MÜLLER, M.; ORDON, F.: Utility of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) cultivars and new breeding lines for low-input cropping systems. Pflanzenbauwissenschaften - German J. Agron. **7** (2), 2003, 49-55
- FRIEDT, W.; SCHEURER, K. S.; HUTH, W.; HABEKUß, A.; ORDON, F.: Genetic analyses of BYDV-tolerance in barley (*Hordeum vulgare* L.). Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. - J. Plant Dis. Prot. **110** (3), 2003, 278-286
- FRIEDT, W.; WERNER, K.; PELLIO, B.; WEISKORN, C.; KRÄMER, M.; ORDON, F.: Strategies of breeding for durable disease resistance in cereals. Prog. Bot. **64**, 2003, 138-167
- GRANER, A.; BJORNSTAD, A.; KONISHI, T.; ORDON, F.: Molecular diversity of the barley genome. In: Bothmer, R. v.; Hintum, T. v.; Knüpfner, H.; Sato, K. (Eds.): Diversity in barley (*Hordeum vulgare*), Elsevier, Amsterdam, NL, 2003, 121-141

- GRIESBACH, E.; LÖPTIEN, H.; MIERSCH, U.: Resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Pammel) Dowson in cabbage *Brassica oleracea* L. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. - J. Plant Dis. Prot. **110** (5), 2003, 461-475
- HABEKUß, A.; SCHLIEPHAKE, E.; MATTHES, P.; HARTLEB, H.; MEHNER, S.; GRÜNTZIG, M.; FUCHS, E.: Zum Auftreten des Gerstengelverzweigungsvirus und seiner Vektoren in Sachsen-Anhalt, Bericht über die 53. Tagung 2002 der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs BAL Gumpenstein, 26.-28.11.2002, 111-114
- HANKE, V.; RICHTER, K.; GEIDER, K.: Gentechnische Züchtung feuerbrandresistenter Apfelsorten und -unterlagen. Phytomedizin, Mitt. Deut. Phytomed. Gesell. **33** (1), 2003, S. 53
- KÜHNE, T.; SHI, N.; PROESELER, G.; ADAMS, M. J.; KANYUKA, K.: The ability of a bymovirus to overcome the *rym4*-mediated resistance in barley correlates with a codon change in the VPg coding region on RNA1. J. Gen. Virol. **84** (10), 2003, 2853-2859
- MEHNER, S.; MANURUNG, B.; GRÜNTZIG, M.; HABEKUß, A.; WITSACK, W.; FUCHS, E.: Investigations into the ecology of the Wheat dwarf virus (WDV) in Saxony-Anhalt, Germany. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. - J. Plant Dis. Prot. **110** (4), 2003, 313-323
- MIKHAILOVA, L. A.; KOKORINA, N. M.; KOPAHNKE, D.: Genetics of tan spot (*Pyrenophora tritici-repentis*) resistance in spring wheat lines 181-5, Vicam "S70", 292. Ber. Russ. Akad. Landwirtschaftswiss., Wiss.-theoret. J. **1**, 2003, 22
- MIKHAILOVA, L.; MIRONENKO, N.; KOPAHNKE, D.; KOKORINA, N.; TIMOPHEEVA, E.: Genetic approaches to study the interactions in the wheat - *Pyrenophora tritici-repentis* pathosystem. J. Russian Phytopathological Society **3**, 2002, 1-6
- NEUHAUS, G.; WERNER, K.; WEYEN, J.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: First results on SNP-scanning in fragments linked to resistance genes against the barley yellow mosaic virus complex. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. - J. Plant Dis. Prot. **110** (3), 2003, 296-303
- ORDON, F.: Resistenzzüchtung - Grundlage für eine sichere und ökologisch verträgliche Pflanzenproduktion. Landbau-forschung Völknerode, Statusseminar Welternährung, Sonderheft 258, 2003, 55-56
- ORDON, F.; FRIEDT, W.; SCHEURER, K.; PELLIO, B.; WERNER, K.; NEUHAUS, G.; HUTH, W.; HABEKUß, A.; GRANER, A.: Molecular markers in breeding for virus resistance in barley. XII Conference Workshop on "Microscopic Fungi - Host Resistance Genes, Genetics and Molecular Research", 04.-05.04.2003, Poznan, Polen, 26-37
- ORDON, F.; WERNER, K.; PELLIO, B.; SCHIEMANN, A.; FRIEDT, W.; GRANER, A.: Molecular breeding for resistance to soil-borne viruses (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2) of barley (*Hordeum vulgare* L.). Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. - J. Plant Dis. Prot. **110** (3), 2003, 287-295
- PAETSCH, C.; GRAICHEN, K.; FRAUEN, M.; HAUSKA, D.; HEMKER, R.; KOCH, J.; STIEWE, G.: Infestation of winter oilseed rape by Turnip yellows luteovirus and its relevance to yield. Proc. of 11th Int. Rapeseed Congress 1, 2003, 61-63
- PAETSCH, C.; GRAICHEN, K.; FRAUEN, M.; HAUSKA, D.; HEMKER, R.; KOCH, J.; STIEWE, G.: Turnip yellows luteovirus resistance in winter oilseed rape. Proc. of 11th Int. Rapeseed Congress 1, 2003, 58-60
- PAETSCH, C.; GRAICHEN, K.; FRAUEN, M.; HAUSKA, D.; HEMKER, R.; KOCH, J.; STIEWE, G.: Wasserrübenvergilbungsvirus (Turnip yellows luteovirus) - Ertragsverluste und Resistenz. Proc. 9th Int. Conference for Renewable Resources and Plant Biotechnology, 2003, 98-101
- PEROVIC, D.; STEIN, N.; DRESCHER, A.; KOPAHNKE, D.; GRANER, A.: Isolierung des *rph16* Zwergrost-Resistenzlocus und Erzeugung funktionaler Gen- und Signalketten-Mutanten. Vortr. Pflanzenzüchtg. **61**, 2003, 62-67
- RABENSTEIN, F.; SUKHACHEVA, E.; HABEKUß, A.; FOMITCHEVA, V.; SCHUBERT, J.: Charakterisierung von monoklonalen Antikörpern gegen das Isolat ASL-1 des *Barley yellow dwarf virus* - PAV. Phytomedizin, Mitt. Deut. Phytomed. Gesell. **33** (2), 2003, 31-32
- RUGE, B.; LINZ, A.; PICKERING, R.; PROESELER, G.; GREIF, P.; WEHLING, P.: Mapping of Rym14HB, a gene introgressed from *Hordeum bulbosum* and conferring resistance to BaMMV and BaYMV in barley. Theor. Appl. Genet. **107** (6), 2003, 965-971

- SCHLIEPHAKE, E.; KECKE, S.; MARX, G.: Erfassung von Evaluierungsdaten zur Krankheitsresistenz genetischer Ressourcen. Bericht über die 53. Tagung 2002 der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs BAL Gumpenstein, 26.-28.11.2002, 55-57
- SCHLIEPHAKE, E.; THIEME, T.: Blattläuse als Einwanderer in Deutschland. ForschungsReport 2/2003, 15-18
- SCHUBERT, J.; HABEKUß, A.; RABENSTEIN, F.: Investigation of differences between wheat and barley forms of *Wheat dwarf virus* and their distribution in host plants. *Plant Protect. Sci.* **38**, Special Iss. 1, 2002, 43-48
- STEIN, N.; PEROVIC, D.; PELLIO, B.; SCHIEMANN, A.; STRENG, S.; GRANER, A.; ORDON, F.: Molekulargenetische Feinkartierung multipler Resistenzen der Gerste gegen den Gelbmosaikvirus-Komplex (BaYMV/BaMMV). *Votr. Pflanzenzüchtg.* **61**, 2003, 44-54
- THIELE, A.; SCHUMANN, E.; PEIL, A.; WEBER, E. W.; LIND, V.: Halmbruch bei Weizen - Neue Resistenzquellen erweitern die resistenzgenetische Basis. ForschungsReport 1/2003, 20-23
- UPTMOOR, R.; WENZEL, W.; FRIEDT, W.; DONALDSON, G.; AYISI, K.; ORDON, F.: Comparative analysis on the genetic relatedness of Sorghum bicolor accessions from Southern Africa by RAPDs, AFLPs and SSRs. *Theor. Appl. Genet.* **106** (7), 2003, 1316-1325
- WEIBULL, J.; WALTHER, U.; SATO, K.; HABEKUß, A.; KOPAHNKE, D.; PROESELER, G.: Diversity in resistance to biotic stresses. In: Bothmer, R. v.; Hintum, T. v.; Knüpffer, H.; Sato, K. (Eds.): *Diversity in barley (Hordeum vulgare)*, Elsevier, Amsterdam, NL, 2003, 143-178
- WERNER, K.; FRIEDT, W.; LAUBACH, E.; WAUGH, R.; ORDON, F.: Dissection of resistance to soil-borne yellow-mosaic-inducing viruses of barley (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2) in a complex breeders cross by means of SSRs and simultaneous mapping of BaYMV/BaYMV-2 resistance of var. *Theor. Appl. Genet.* **106** (8), 2003, 1425-1432
- WERNER, K.; RÖNICKE, S.; LE GOUIS, J.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Mapping of a new BaMMV-resistance gene derived from the variety 'Taihoku A&apos'. *Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. - J. Plant Dis. Prot.* **110** (3), 2003, 304-311

Genbank Gene Bank Braunschweig

- CZEMBOR, J. H.; FRESE, L.: Powdery mildew resistance in selections from barley landraces collected in Turkey. *Die Bodenkultur* **54** (1), 2003, 35-40
- GERMEIER, C. U.; FRESE, L.; BÜCKEN, S.: Concepts and data models for treatment of duplicate groups and sharing of responsibility in genetic resources information systems. *Genet. Resour. Crop Evolution* **50**, 2003, 693-705
- PANELLA, L.; FRESE, L.: Beta germplasm and evaluation data in the databases. Congress Proc. of the 1st joint IIRB - ASSBT Congress, 27.02.-01.03.2003, San Antonio, Texas, USA, 233-241

Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

- FLACHOWSKY, H.; GRAFE, C.; JÜHLKE, S.; HANKE, V.: Molekulare Untersuchungen zum allergenen Potential des Pillnitzer Apfelsortimentes. *BDGL-Schriftenreihe* 21, 2003, 115
- HANKE, V.: Feuerbrand - die neue Katastrophe in den Versuchsanlagen der BAZ. *Obstbau* **28**, 2003, 562-564
- HANKE, V.; GEIDER, K.; RICHTER, K.: Transgenic apple plants expressing viral EPS-depolymerase: evaluation of resistance to the phytopathogenic bacterium *Erwinia amylovora*. In: Vasil, I. K. (Ed.): *Plant biotechnology 2002 and beyond*, 2003, 153-157

- HANKE, V.; HÖFER, M.: Obstgenetische Ressourcen - nur Grundlage für die Obstzüchtung? *Obstbau* **28**, 2003, 430-431
- HANKE, V.; OLBRIGHT, K.: Neubeginn auf dem Gebiet der Erdbeerzüchtung an der BAZ. *Obstbau* **28**, 2003, 222-223
- HÖFER, M.: *In vitro* androgenesis in apple. In: Maluszynski, M.; Kasha, K. J.; Forster, B. P.; Szarejko, I. (Eds.): Doubled haploid production in crop plants - a manual, Kluwer Academic Publ., 2003, 287-292
- HÖFER, M.; GRAFE, C.: Induction of doubled haploids in sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Euphytica* **130** (2), 2003, 191-197
- JAMES, C. M.; LESEMANN, S.; DOWN, G. J.: Modified AFLP analysis method for species with small genomes. *Plant Mol. Biol. Rep.* **21**, 2003, 1-5
- PEIL, A.; FLACHOWSKY, H.; SCHUMANN, E.; WEBER, W. E.: Sex-linked AFLP markers indicate a pseudoautosomal region in hemp (*Cannabis sativa* L.). *Theor. Appl. Genet.* **107**, 2003, 102-109
- SCHUSTER, M.: Untersuchungen zur Resistenz gegenüber dem Erreger der Sprühfleckenkrankheit, *Blumeriella jaapii*, bei Kirschen. Tagungsband, 28. Bundessteinobstseminar 2002, 03.-05.12.2002, Bad Neuenahr-Ahrweiler, 51-55
- SCHUSTER, M.: Arbeitstreffen zur Monilia-Spitzendürre. *Obstbau* **28** (9), 2003, 469-470
- SCHUSTER, M.; FISCHER, M.; TOBUTT, K.: Untersuchungen zur Resistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz, *Blumeriella paapii* (Rehm) Arx, bei Kirschen. BDGL-Schriftenreihe **21**, 2003, 80
- SCHUSTER, M.; KÜNSTLER, B.: 1. Arbeitstreffen Monilia-Spitzendürre bei Kirschen in Dresden-Pillnitz. *Öko-Obstbau* 2003, 2, 16-18
- SCHÜLER, S.; TUSCH, A.; SCHUSTER, M.; ZIEGENHAGEN, B.: Characterization of microsatellites in wild and sweet cherry (*Prunus avium* L.) - markers for individual identification and reproductive processes. *Genome* **46**, 2003, 95-102

Institut für landwirtschaftliche Kulturen

Institute of Agricultural Crops

Groß Lüsewitz

- ACKERMANN, D.; BRUSCH, A.; SONNTAG, K.; SELLNER, M.: Die In-vitro-Vermehrung von Rohstoffpflanzen mit der temporären Immersionstechnik. Int. Conf. of Science Agricultural Technique and Technologies on Light, AGENDA-21, Lithuanian University of Agriculture, Kaunas, Litauen, 2003, 46-49
- ANTONOVA, O. Y.; KOSTINA, L. I.; GAVRILENKO, T.; SCHÜLER, K.; THIEME, R.: Proof of long-term stored potato germplasm by use of molecular markers. In: Knüpfper, H.; Ochsmann, J. (Eds.): Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources. Schriften zu Genetischen Ressourcen **22**, 2003, 192-197
- DARSOW, U.: Bewertung der Kraut- und Braunfäuleresistenz bei Kartoffeln und Vorschläge für methodische Veränderungen in der Wertprüfung von Sorten. In: Steinberger, J. (Ed.): Sortenwertprüfung für den ökologischen Landbau. Bundessortenamt Hannover, 2003, 55-63
- GAVRILENKO, T.; THIEME, R.; HEIMBACH, U.; THIEME, T.: Fertile somatic hybrids of *Solanum tuberosum* (+) dihaploid *Solanum tuberosum* and their backcrossing progenies: relationships of genome dosage with tuber development and resistance to potato virus Y. *Euphytica* **131** (3), 2003, 323-332
- HACKAUF, B.; MAKAROVA, N.; WEHLING, P.: Isolierung und molekulare Charakterisierung von Selbstfertilitäts- und Pseudokompatibilitätsgenen beim Roggen. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* **61**, 2003, 100-110
- HACKAUF, B.; WEHLING, P.: Development of microsatellite markers in rye: map construction. *Plant Breed. Seed Science* **48** (2/2), 2003, 143-151
- LELLBACH, H.: Beurteilung der Kronenrostresistenz von Deutschen und Welschen Weidelgrassorten. Tagungsband, 44. Fachtagung des DLG-Aussch. Gräser, Klee und Zwischenfrüchte, 02.-03.12.2003, Fulda, 117-122

- RUDLOFF, E.; WEHLING, P.: Neuartiges Rapsöl mit Hilfe der Gentechnik - Ergebnisse eines mehrjährigen Freisetzungsvorganges. Proc., NAROSSA, 9. Int. Kongress für nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, Magdeburg 2003, [CD-ROM]
- RUGE, B.; LINZ, A.; PICKERING, R.; PROESELER, G.; GREIF, P.; WEHLING, P.: Mapping of *Rym14^{Hb}*, a gene introgressed from *Hordeum bulbosum* and conferring resistance to BaMMV and BaYMV in barley. Theor. Appl. Genet. **107** (6), 2003, 965-971
- SCHOLZ, M.; RUGE, B.; HACKAUF, B. Identification of novel interspecific hybrids between *Hordeum vulgare* and *Hordeum bulbosum*. In: Knüpffer, H.; Ochsmann, J. (Eds.): Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources. Schriften zu Genetischen Ressourcen **22**, 2003, 321-326
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.; GROENEVELD, I.; WEIER, D.; FRENTZEN M.; LEHMANN, L.; ZARHLOUL, K.; LÜHS, W.: Development of rapeseed plants with optimised oilseed quality. Proc. 11th Int. Rapeseed Congr., 06.-10.07.2003, Kopenhagen, Dänemark, Vol. 1, 232-234
- SONNTAG, K.; SPIEKERMANN, P.; HEINZ, E.; ZARHLOUL, M.; LÜHS, W.; ZURBORG, A.; LECKBAND, G.: Entwicklung neuartiger Öle von Raps für den Non-Food-Bereich unter Einbeziehung transgener Ansätze. Proc., NAROSSA, 9. Int. Kongress für nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, Magdeburg 2003, [CD-ROM]
- WANG, Y. P.; SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.: Development of rapeseed with high erucic-acid content by symmetric hybridization between *Brassica napus* and *Crambe abyssinica*. Theor. Appl. Genet. **106** (7), 2003, 1147-1155
- WEHLING, P.; LINZ, A.; HACKAUF, B.; ROUX, S. R.; RUGE, B.; KLOCKE, B.: Leaf-rust resistance in rye (*Secale cereale* L.). 1. Genetic analysis and mapping of resistance genes *Pr1* and *Pr2*. Theor. Appl. Genet. **107** (3), 2003, 432-438

Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials Groß Lüsewitz

- FLAMME, W.; JANSEN, G.; JUGERT, M.: Gewicht, Durchmesser und Härte von Weizen-, Roggen- und Triticalekörnern aktueller Sorten. XXXVII. Vortragsstagung der DGQ "Qualität und Pflanzenzüchtung", 04.-05.03.2002, Hannover, 55-60
- JANSEN, G.; FLAMME, W.: Getreide- und Stärkeanalytik mit züchtungsrelevanten rheologischen Methoden. XXXVII. Vortragsstagung der DGQ "Qualität und Pflanzenzüchtung", 04.-05.03.2002, Hannover, 327-330
- JÜRGENS, H.-U.; FLAMME, W.; JANSEN, G.: Content, composition and characteristics of pentosans (arabinoxylans) in rye grain. XXXVII. Vortragsstagung der DGQ "Qualität und Pflanzenzüchtung", 04.-05.03.2002, Hannover, 81-86
- SEDDIG, S.; SCHMIDT, R.; FLAMME, W.: Bestimmung der Aktivität stärkeabbauender Enzyme im Getreide. XXXVII. Vortragsstagung der DGQ "Qualität und Pflanzenzüchtung", 04.-05.03.2002, Hannover, 67-74
- VÖGEL, R.; JANSEN, G.; SCHÜLER, K.; JACOBS, R.; JUNGHANS, H.; CHRISTIANSEN, C.: Genpoolscreening und Prüfung zur Anbau- und Verwertungseignung farbstoffhaltiger Herkünfte von *Solanum tuberosum* (Kulturkartoffel). Nachwachsende Rohstoffe für die Chemie : 8. Symposium 2003, 26.-27.03.2003, Tübingen, Schriftenreihe "Nachwachsende Rohstoffe", Band 22, 542-545
- WEGENER, C.: Transgenic resistance against *Erwinia soft rot* - A four-year field experiment (1997-2000). Beitr. Züchtungsforsch. **8** (3), 2002, 61-63

Institut für gartenbauliche Kulturen
Institute of Horticultural Crops
Quedlinburg

- KROMINA, K. A.; SHUMILINA, D. V.; ROGOSHIN, I. A.; VOINOVA, T. M.; SCHOLZE, P.; RICHTER, K.; KRÄMER, R.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; DJAVAKHIA, V. G: Transgenic tobacco and rape plants with MF2 gene from *Bacillus thuringiensis*, which induces resistance of plants against phytopathogens (russ.). Modern systems of plant protection using biotechnological and gene engineering approaches, Golitsino, Moscow region, 2003, 201-203
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RABENSTEIN, F.; KECKE, S.; SCHWARZ, S.: *Turnip mosaic virus* in Weißkohl. Gemüse **39** (3), 2003, 9-11
- KRÄMER, R.; RYSCHKA, U.; MARTHE, F.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G: Charakterisierung von *Turnip mosaic virus* (TuMV)-Resistenz in somatischen *Raphanobrassica*-Hybriden. 4. Symposium Phytomedizin und Pflanzenschutz im Gartenbau, Beiträge, 22.-25.09.2003, Wien, Österreich, 111-112
- KRÄMER, R.; SCHOLZE, P.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G: Verbesserung der Krankheitsresistenz von Kohlgemüse: 1. *Turnip mosaic virus* (TuMV). Gesunde Pflanzen **55** (7), 2003, 193-198
- KRÄMER, R.; SCHUBERT, J.; EHRIG, F.: Comparison of *Turnip mosaic virus* isolates from Brassicaceae by biological, molecular and cytological methods. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. **110** (1), 2003, 92-93
- LI, L.; ZHENG, X.-Y.; KLOCKE, E.: Identification of hybrid purity of tomato (*Lycopersicon esculentum*) using RAPD markers. Guihaia **23** (2), 2003, 149-154
- LINKE, B.; NOTHNAGEL, T.; BÖRNER, T.: Flower development in carrot CMS plants: mitochondria affect the expression of MADS box genes homologous to GLOBOSA and DEFICIENS. Plant J. **34**, 2003, 27-37
- MARTHE, F.; SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.; PROLL, E.; HAMMER, K.: Evaluation of parsley (*Petroselinum crispum*) for resistance to the pathogens *Alternaria radicina*, *Erysiphe heraclei*, *Fusarium oxysporum*, and celery mosaic virus (CeMV). Plant Breed. **122** (1), 2003, 248-255
- MARTHE, F.; SCHÜTZE, W.; KRÜGER, H.; SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.; RYSCHKA, U.: Maca (*Lepidium meyenii*) - cultivation, resistance and composition of secondary metabolites under European conditions. In: Knüpffer, H.; Ochsmann, J. (Eds.): Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources. Schriften zu Genetischen Ressourcen **22**, 2003, 290-293
- MEWES, S.: Vortragstagung "Grundlagen der Thymianzüchtung" in Quedlinburg. Z. Arzn. Gew. Pfl. **8** (1), 2003, S. 44
- NOTHNAGEL, T.; FRESE, L.: Individual partner progress report, Technical progress report 2002 CEC Contract no: GenRes-CT99-105. In: Astley, D.: The future of European carrot : A program to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild species, HRI Wellesbourne, Warwick, 2002, 27-36
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.: Inheritance and mapping of a yellow leaf mutant of carrot (*Daucus carota*). Plant Breed. **122** (4), 2003, 339-342
- NOVAK, J.; GRAUSGRUBER, H.; PANK, F.; LANGBEHN, J.; BLÜTHNER, W.-D.; VENDER, C.; VAN NIEKERK, L.; JUNGHANNS, W.; FRANZ, CH.: Stability of hybrid combinations of marjoram (*Origanum majorana* L.). Flavour Frag. J. **18**, 2003, 401-406
- PANK, F.: Arznei- und Gewürzpflanzen im Visier der Züchtungsforschung. ForschungsReport 1/2003, 4-7
- PANK, F.: Chancen und Herausforderungen einer zeitgemäßen Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion. Z. Arzn. Gew. Pfl. **8** (3), 2003, S. 99
- PANK, F.: Der dritte Weltkongress für Arznei- und Gewürzpflanzen (WOCMAP III). Z. Arzn. Gew. Pfl. **8** (2), 2003, 90-93
- PANK, F.: 13. Bernburger Winterseminar 2003. Z. Arzn. Gew. Pfl. **8** (3), 2003, 139-140

- PANK, F.: Vortrags- und Diskussionstagung zum Thema: Grundlagen der Thymianzüchtung. GPZ-Berichte 2002, 20-21
- PANK, F.; KRÜGER, H.: Sources of variability of thyme populations (*Thymus vulgaris* L.) and conclusions for breeding. Z. Arzn. Gew. Pfl. **8** (3), 2003, 117-124
- PANK, F.; MATZK, F.; KÄSTNER, U.; BLÜTHNER, W. D.; FOLTYS DE GARCIA, E.; MEISTER, A.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.: Reproductive diversity and strategies for breeding in St. John's wort (*Hypericum perforatum* L.). Euphytica **134** (1), 2003, 77-84
- PANK, F.; TAUBENRAUCH, K.; PFEFFER, S.; KRÜGER, H.: Eigenschaften von Sorten und Herkünften des Fenchels (*Foeniculum vulgare* Mill. ssp. *vulgare*) im Vergleich. Z. Arzn. Gew. Pfl. **8** (2), 2003, 68-73
- RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; WARWICK, S.; SCHUMANN, G.: High frequency recovery of intergeneric fusion products of *Brassica oleracea* (+) *Lepidium meyenii* and their molecular characterization by RAPD and AFLP. Acta Hort. **625**, 2003, 145-151
- SCHOLZE, P.; JIAN, Y.: In-vitro-studies on the influence of temperature, some herbicides and chemicals on the vitality of resting spores of *Plasmodiophora brassicae* (clubroot). Beitr., 4. Symp. Phytomedizin und Pflanzenschutz im Gartenbau, Wien, 113-114
- SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.: Verbesserung der Krankheitsresistenz von Kohlgemüse: 2. Kohlhernie, *Alternaria*- und *Phoma*-Blattfleckenkrankheit. Gesunde Pflanzen **55** (7), 2003, 199-204
- SCHRADER, O.; AHNE, R.; FUCHS, J.: Karyotype analysis of *Daucus carota* L. using Giemsa C-Banding and FISH of 5S and 18S/25S rRNA specific genes. Caryologia **56** (2), 2003, 149-154
- SCHÜTZE, W.; MARTHE, F.: Indolglucosinolate - Stoffe mit antikanzeregner Wirkung. Übersicht über das Potential einiger z. Z. im Anbau befindlicher Sorten. Deutsche Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., XXXVII. Vortragstagung, Qualität und Pflanzenzüchtung, 04.-05.03.2002, Hannover, Deutschland, 141-147
- SCHUMANN, G.: DNA-Fingerprint und Sortenschutz. ZVG Gartenbau Report **29** (7/8), 2003, S. 13

Institut für Pflanzenanalytik

Institute of Plant Analysis

Quedlinburg

- DISTLER, D.; SCHULZ, H.: SPME-GC-Bestimmung flüchtiger Wertkomponenten in Medizinaldrogen und Phytopharmaka. Lebensmittelchemie **57**, 2003, 21-22
- HOBERG, E.; ULRICH, D.: Geschmacksverbesserung als Ziel in der Pflanzenzüchtung. XXXVII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Qualität und Pflanzenzüchtung, 04.-05.03.2002, Hannover, 289-296
- HOBERG, E.; ULRICH, D.: Geschmacksverbesserung durch Pflanzenzüchtung - Ein weiter Weg. Spargel & Erdbeer Profi 2003, Nr. 2, 12-13
- HOBERG, E.; ULRICH, D.; GOTTWALD, J.; ROSEN, A.: Environmental influences on the sensory quality of *Asparagus officinalis* L. Proc. Int. Conf. Quality in Chains, Acta Hort. **604**. 2003, 395-401
- HOBERG, E.; ULRICH, D.; SCHULZ, H.; TUVIA-ALKALI, S.; FALLIK, E.: Sensory and quality analysis of different melon cultivars after prolonged storage. Nahrung-Food **47** (5), 2003, 320-324
- KELLER, E. R. J.; SENULA, A.; SCHULZ, H.: Wild species as a source for introgression of interesting characters into crop plants - the case of *Allium*. In: Knüpfner, H.; Ochsmann, J. (Eds.): Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources. Schriften zu genetischen Ressourcen **22**, 2003, 274-278
- KRÜGER, H.: Gesundheitlich bedenkliche Inhaltsstoffe in Arznei- und Gewürzpflanzen. XXXVIII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Die Qualität von Obst und Gemüse. Vom Rohstoff zum Produkt, 13.-14.03.2003, Geisenheim, 5-6

- MARTHE, F.; SCHÜTZE, W.; KRÜGER, H.; SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.; RYSCHKA, U.: Maca (*Lepidium meyenii*) - cultivation, resistance and composition of secondary metabolites under European conditions. In: Knüpfner, H.; Ochsmann, J. (Eds.): Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources. Schriften zu genetischen Ressourcen **22**, 2003, 290-293
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.: Inheritance and mapping of a yellow leaf mutant of carrot (*Daucus carota*), Plant Breed. **122** (4), 2003, 339-342
- PANK, F.; TAUBENRAUCH, K.; PFEFFER, S.; KRÜGER, H.: Eigenschaften von Sorten und Herkünften des Fenchels (*Foeniculum vulgare* Mill.ssp. *vulgare*) im Vergleich. Z. Arzn. Gew. Pfl. **8** (2), 2003, 68-73
- PFEFFER, S.; KRÜGER, H.; SCHÜTZE, W.; SCHULZ, H.: Schnelle Erfassung von Qualitätsparametern in Kamillenblüten mit Hilfe der Nah-Infrarotspektroskopie. Drogenreport **15** (28), 2002, 29-32
- QUILITZSCH, R.: Möglichkeiten und Nutzen von spektrometrischen Methoden in der qualitätsorientierten Züchtung bei Obst und Gemüse. XXXVII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Qualität und Pflanzenzüchtung, 04.-05.03.2002, Hannover, 297-306
- QUILITZSCH, R.; HOBERG, E.: Fast determination of apple quality by spectroscopy in the near infrared. J. Appl. Bot. - Angew. Bot. **77** (5-6), 2003, 172-176
- QUILITZSCH, R.; HOBERG, E.: Schnelle Bestimmung der Apfelqualität mittels Spektrometrie im Nahen Infrarot (NIR). XXXVIII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Die Qualität von Obst und Gemüse: Vom Rohstoff zum Produkt, 13.-14.03.2003, Geisenheim, 41-42
- SCHULZ, H.: Odouriferous substances and pigments. In: Roberts, A. V.; Debener, T.; Gudin, S. (Eds.): Encyclopedia of rose science, Elsevier, Oxford, 2003, Vol. I, 231-240
- SCHULZ, H.: Utilization of plant genetic resources for valuable raw materials in foods, cosmetics and pharmaceutical products. In: Knüpfner, H.; Ochsmann, J. (Eds.): Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources. Schriften zu genetischen Ressourcen **22**, 2003, 182-191
- SCHULZ, H.; JOUBERT, E.; SCHÜTZE, W.: Quantification of quality parameters for reliable evaluation of green rooibos (*Aspalathus linearis*). Eur. Food Res. Technol. **216**, 2003, 539-543
- SCHULZ, H.; QUILITZSCH, R.: Anwendbarkeit der Diamant-ATR-IR-Technik bei der Qualitätsbewertung von Medizinal- und Gewürzdrogen. XXXVII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Qualität und Pflanzenzüchtung, 04.-05.03.2002, Hannover, 239-244
- SCHULZ, H.; QUILITZSCH, R.: Determination of active ingredients in vegetable drugs using diamond ATR-IR spectroscopy. GIT Laboratory J. Europe **7** (2), 2003, 86-88
- SCHULZ, H.; QUILITZSCH, R.; KRÜGER, H.: Rapid evaluation and quantitative analysis of thyme, origano and chamomile essential oils by ATR-IR and NIR spectroscopy. J. Mol. Struct. **661/662**, 2003, 299-306
- SCHULZ, H.; SCHRADER, B.; QUILITZSCH, R.; PFEFFER, S.; KRÜGER, H.: Rapid classification of basil chemotypes by various vibrational spectroscopy methods. J. Agric. Food Chem. **51** (9), 2003, 2475-2481
- SCHULZ, H.; STORSBERG, J.; SCHMITT, B.; KEUSGEN, M.: Bärlauch - Modekraut für die Haute Cuisine? Gemüse **6**, 2003, 14-15
- SCHULZ, I.; ULRICH, D.; FISCHER, C.: Rapid differentiation of new apple cultivars by headspace solid-phase microextraction in combination with chemometrical data processing. Nahrung - Food **47** (2), 2003, 136-139
- STEUER, B.; SCHULZ, H.: Near-infrared analysis of fennel (*Foeniculum vulgare* Miller) on different spectrometers - basic considerations for a reliable network. Phytochem. Analysis **14**, 2003, 285-289
- STORSBERG, J.; SCHULZ, H.; KELLER, E. R. J.: Chemotaxonomic classification of some *Allium* wild species on the basis of their volatile sulphur compounds. J. Appl. Bot. - Angew. Bot. **77** (5-6), 2003, 160-162
- STORSBERG, J.; SCHULZ, H.; KELLER, E. R. J.: Chemotaxonomische Klassifizierung von *Allium*-Wildtypen anhand der Profile ihrer flüchtigen Schwefelkomponenten. XXXVIII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Die Qualität von Obst und Gemüse: Vom Rohstoff zum Produkt, 13.-14.03.2003, Geisenheim, 73-74

ULRICH, D.; HOBERG, E.: Instrumentelle und sensorische Analyse der Aromastoffe von gekochtem Spargel (*Asparagus officinalis* L.). XXXVII. Vortragsstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Qualität und Pflanzenzüchtung, 04.-05.03.2002, Hannover, 331-334

ULRICH, D.; HOBERG, E.; NOTHNAGEL, T.; ROBERG, H.; BOULAROT, H.: Aroma-Monitoring mit Hilfe von Schnellmethoden in der Obst- und Gemüsezüchtung. XXXVII. Vortragsstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Qualität und Pflanzenzüchtung, 04.-05.03.2002, Hannover, 335-340

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof Siebeldingen

AGRAWAL, D.; EIBACH, R.; ZYPRIAN, E.: Genetische Diversität in *Vitis aestivalis* Nachkommen. Deutsches Weinbau-Jahrbuch **54**, 2003, 79-84

DETTWEILER, E.; EIBACH, R.: The two *Vitis* databases as tools for germplasm management: *Vitis* International Variety Catalogue and European *Vitis* Database. Proc. 8th IC on Grape, Acta Hort. **603**, 2003, 505-509

DRIESEL, A.; LOMMELE, A.; DRESCHER, B.; TÖPFER, R.; BELL, M.; CARTHARIUS, I.; CHEUTIN, N.; HUCK, J.-F.; KUBIAK, J.; REGNARD, P.; STEINMETZ, A.: Towards the transcriptome of grapevine (*Vitis vinifera* L.). Proc. 8th IC on Grape, Acta Hort. **603**, 2003, 239-249

DÜRING, H.: Perspektiven der Rebenzüchtung. Das Deutsche Weinmagazin **23**, 2003, 26-27

DÜRING, H.: Stomatal and mesophyll conductances control CO₂ transfer to chloroplasts in leaves of grapevine (*Vitis vinifera* L.). *Vitis* **42**, 2003, 65-68

EIBACH, R.; HASTRICH, H.; TÖPFER, R.: Inheritance of aroma compounds. Proc. 8th IC on Grape, Acta Hort. **603**, 2003, 337-344

EIBACH, R.; TÖPFER, R.: Prospettive del miglioramento genetico della vite. Vignevini Nr. 1/2, 2003, 54-58

EIBACH, R.; TÖPFER, R.: Success in resistance breeding: "Regent" and its steps into the market. Proc. 8th IC on Grape, Acta Hort. **603**, 2003, 687-691

FAES, G.; SALMASO, M.; SEGALA, C.; MOSER, C.; STEFANINI, M.; SALAKHUTDINOV, I.; ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R.; GRANDO, M. S.; VELASCO, R.: Genomics tools for marker assisted selection in grapevine. Proc. 8th IC on Grape, Acta Hort. **603**, 2003, 511-517

FISCHER, B.; SALAKHUTDINOV, I.; AKKURT, M.; KORTEKAMP, A.; EIBACH, R.; TÖPFER, R.; ZYPRIAN, E.: Molecular mapping of (Regent x Lemberger) and QTL-analysis of agronomic traits. Proc. 8th IC on Grape, Acta Hort. **603**, 2003, 69-71

HARST, M.; BORNHOFF, B.-A.: Was hat eine Leuchtquelle mit Reben zu tun? Der Deutsche Weinbau **14**, 2003, 14-15

HAUSMANN, L.; KÖGLMEIER, W.; DÜRING, H.; SALAKHUTDINOV, I.; ZYPRIAN, E.; KORN, B.; VELASCO, R.; TÖPFER, R.: High-density DNA arrays for grapevine research. Proc. 8th IC on Grape, Acta Hort. **603**, 2003, 135-138

HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Development of plasmid vectors (Binary vector pLHBA). GenBank Acc.-No. AY234326, 10.04.2003

HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Development of plasmid vectors (Binary vector pLHAB). GenBank Acc.-No. AY234325, 10.04.2003

HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Development of plasmid vectors (Binary vector pLH5000). GenBank Acc.-No. AY234327, 10.04.2003

HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Development of plasmid vectors (Binary vector pLH6000). GenBank Acc.-No. AY234328, 10.04.2003

- HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Development of plasmid vectors (Binary vector pLH6500). GenBank Acc.-No. AY234329, 10.04.2003
- HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Development of plasmid vectors (Binary vector pLH7000). GenBank Acc.-No. AY234330, 10.04.2003
- HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Development of plasmid vectors (Binary vector pLH7500). GenBank Acc.-No. AY234331, 10.04.2003
- HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: New binary vectors. ESF-Workshop: New science for increasing biosafety of GM plants, [CD-ROM]
- JUNG, A.; MAUL, E.: Historische Weinberge bei Heidelberg - Letzte Zeugnisse alter Bergsträßer Weinbautradition. Jahrbuch 2003, Jubiläumsausgabe: 100 Jahre Heidelberger Stadtteil 1903-2003, 29-33
- KORTEKAMP, A.; ZYPRIAN, E.: Characterization of *Plasmopara*-resistance in grapevine using *in vitro* plants. J. Plant Physiol. **160** (11), 2003, 1393-1400
- MAUL, E.: Alte Rebsorten früher und heute. Schweiz. Z. Obst- Weinbau **23**, 2003, 11-13
- SALAKHUTDINOV, I.; FISCHER, B.; AKKURT, M.; EIBACH, R.; TÖPFER, R.; ZYPRIAN, E.: Genetische Kartierung der Weinrebe. Perspektiven für Forschung und moderne Rebenzüchtung. Deutsches Weinbau-Jahrbuch **54**, 2003, 53-64
- THIS, P.; DETTWEILER, E.: EU-Project Genres CT96 No81: European Vitis database and results regarding the use of a common set of microsatellite markers. Proc. 8th IC on Grape, Acta Hort. **603**, 2003, 59-66
- TÖPFER, R.; FILSAK, E.; HAUSMANN, L.: Binary vector for agrobacterium-mediated plant transformation (Binary vector pRE1). GenBank Acc.-No. AY456904, 20.11.2003
- ZYPRIAN, E.; EIBACH, R.; TÖPFER, R.: Comparative molecular mapping in segregating population of grapevine. Proc. 8th IV on Grape, Acta Hort. **603**, 2003, 73-77
- ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R.: Kartierung des Rebgensoms zur Analyse der *Plasmopara*-Resistenz *Plv*. Vortr. Pflanzenzüchtg. **61**, 2003, 20-25

Vorträge/Poster Lectures/Posters

Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

- BLECHERT, O.; LINDE, M.; SCHULZ, D.; GUSICK, C.; DEBENER, T.: Development of strategies for breeding resistant roses. EUCARPIA 21st Int. Symposium Section Ornamentals, 25.-29.08.2003, Freising-Weihenstephan, Poster
- DEBENER, T.: Konventionelle und molekulare Strategien in der gartenbaulichen Pflanzenzüchtung am Beispiel der Rose. Universität Hannover, 20.01.2003, Vortrag
- DEBENER, T.: Untersuchungen zum vertikalen Gentransfer von Kulturosen in benachbarte Rosenbestände. Statusseminar BMBF, 01.04.2003, Hannover, Vortrag
- DEBENER, T.: Die Nutzung europäischer Wildrosen für die Rosenzüchtung. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 16.-17.07.2003, Rostock, Vortrag
- DEBENER, T.; LINDE, M.: Mapping and marker analyses in roses. INRA, 19.05.2003, Angers, Frankreich, Vortrag
- DEBENER, T.; LINDE, M.: Genetics and genomics of rose resistance genes. ENS, CNRS, 21.05.2003, Lyon, Frankreich, Vortrag

- EBBINGHAUS, R.: Züchterische Entwicklung von *Erica gracilis* Sorten. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 21.-22.09.2003, Rostock, Vortrag
- EBBINGHAUS, R.; GRUNEWALDT, J.: Entwicklung "kalktoleranter" Rhododendron-Veredlungsunterlagen. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 08.-22.05.2003, Rostock, Poster und Pflanzendemonstration
- EBBINGHAUS, R.; GRUNEWALDT, J.: Die züchterische Entwicklung von *Erica gracilis*. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 18.09.-12.10.2003, Rostock, Poster und Pflanzendemonstration
- HATTENDORF, A.; LINDE, M.; MATTIESCH, L.; DEBENER, T.: Genetic analysis of rose resistance genes and their localisation in the rose genome. EUCARPIA 21st Int. Symposium Section Ornamentals, 25.-29.08.2003, Freising-Weihenstephan, Poster
- LINDE, M.: Möglichkeiten der Resistenzzüchtung. Verein Gartenbauschule "Die Grünen Tage", 21.-23.01.03, Oeschberg/Schweiz, Vortrag
- LINDE, M.: Die Nutzung europäischer Wildrosen für die Rosenzüchtung. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 20.-21.07.2003, Rostock, Vortrag
- MERKT, B.; KRIEGER, S.; DUNEMANN, F.: Gene flow in rhododendron studied by microsatellite markers. ESF-Conference, 21.-24.01.2003, Amsterdam, Niederlande, Poster
- PREIL, W.: *In vitro* Vermehrung gartenbaulicher Kulturpflanzen in Europa - aktueller Stand und Trends. Wissenschaftliche Arbeitstagung der Deutschen Sektion des IAPTC+B "Pflanzenbiotechnologie im Spannungsfeld von Forschung, Anwendung und fundamentaler Ablehnung", 10.-12.09.2003, Geisenheim, Vortrag
- SCHUM, A.: Mutation breeding in ornamentals: An efficient breeding method? EUCARPIA 21st Int. Symposium Section Ornamentals, 25.-29.08.2003, Freising-Weihenstephan, Vortrag
- SCHUM, A.; FELTEN, R.; HOFMANN, K.; SCHNEIDEREIT, M.: Protoplastenkulturen zum Transfer von Resistenzen aus Wildarten in Kulturosen. 40. Jahrestagung der Deutschen Gartenbauwissenschaftlichen Gesellschaft, 26.02.-01.03.2003, Freising-Weihenstephan, Poster
- SCHUM, A.; FELTEN, R.; HOFMANN, K.; SCHNEIDEREIT, M.: Somatic hybridization for introgression of traits from wild species into cultivated roses. EUCARPIA 21st Int. Symposium Section Ornamentals, 25.-29.08.2003, Freising-Weihenstephan, Poster
- SCHUM, A.; FELTEN, R.; HOFMANN, K.; SCHNEIDEREIT, M.: Protoplastenkultur und somatische Hybridisierung von Rosen. Wissenschaftliche Arbeitstagung der Deutschen Sektion des IAPTC+B "Pflanzenbiotechnologie im Spannungsfeld von Forschung, Anwendung und fundamentaler Ablehnung", 10.-12.09.2003, Geisenheim, Poster

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik

Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics

Aschersleben

- BARCHEND, G.: Bakteriosen an Gemüse. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 17.-18.08.2003, Rostock, Vortrag
- BARCHEND, G.: Lagerfäule am Kopfkohl. Arbeitskreis Phytobakteriologie, Phytomedizinische Gesellschaft, 11.-12.09.2003, Dresden, Vortrag
- EHRIG, F.: Was macht unsere Pflanzen krank? Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 30.08. und 01.09.2003, Rostock, Vortrag
- FOMITCHEVA, V. W.; SCHUBERT, J.; HABEKUß, A.; RABENSTEIN, F.: Immunodetection of RNA-dependent RNA-polymerase of *Barley yellow dwarf virus*. DPG-Arbeitskreis Viruskrankheiten der Pflanzen, 27.-28.03.2003, Heidelberg, Vortrag
- GABLER, J.: Können Arzneipflanzen krank werden? Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 01.-02.09.2003, Rostock, Vortrag

- GABLER, J.: Aktuelles Krankheitsauftreten an *Origanum* spp. 4. Symp. Phytomedizin und Pflanzenschutz im Gartenbau, 21.-26.09.2003, Wien, Österreich und 08.-10.12.2003, Resistenztagung, Fulda, Poster
- GABLER, J.: Krankheitsauftreten an *Origanum* spp. Arbeitstreffen Arznei- u. Gewürzpflanzen mit antimikrobiellem u. antioxidativem Potential, 30.10.2003, BAZ Quedlinburg, Vortrag
- HABEKUß, A.; SOLOVJEVA, N.; FOMITCHEVA, V.; SCHLIEPHAKE, E.; SCHUBERT, J.: Epidemiologie und genetische Diversität des Gerstengelverzweigungsvirus. DPG-AG Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung in Getreide, Hülsenfrüchten und Raps, 08.-10.12.2003, Fulda, Vortrag
- KASTIRR, U.; BERESTETSKI, A.: Evaluation of turf grass (perennial ryegrass and red fescue) for resistance to red thread disease using artificial infection. 8th Int. Congress of Plant Pathology (ICPP 2003), 02.-08.02.2003, Christchurch, Neuseeland, Poster
- KASTIRR, U.; HABEKUß, A.: Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Bewertung der Virusresistenz bzw. -toleranz bei Getreidearten. Statusseminar InnoPlanta 2003, 16.12.2003, CCC Harzgerode, Vortrag
- KASTIRR, U.; KÜHNE, T.: Resistenzforschung und Resistenzzüchtung im Pflanzenschutz und Umweltschutz. 7. Thüringer Agrarökologie-Kolloquium "Pflanzenschutz und Umweltschutz", 15.05.2003, Friedrich-Schiller-Universität Jena, Vortrag
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, T.: Investigation of epidemiology of *Soil-borne cereal mosaic virus* in Saxony-Anhalt. 8th Int. Congress of Plant Pathology (ICPP 2003), 02.-08.02.2003, Christchurch, Neuseeland, Poster
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, T.: Epidemiologie des *Soil-borne cereal mosaic virus* im Roggen und Möglichkeiten der Selektion auf Resistenz. Statusseminar Roggen der GFP, 20.03.2003, Stuttgart-Hohenheim, Vortrag
- KÜHNE, T.: Getreideviren in Mitteldeutschland - lange im Blickpunkt, aktueller denn je. Ehrenkolloquium anlässlich der Verabschiedung von Prof. Fuchs, 24.02.2003, Martin-Luther-Universität Halle, Vortrag
- KÜHNE, T.: Erschließung neuer Resistenzquellen beim Weizen gegen die Viren SBCMV, SBWMV, WSSMV sowie BYDV und WDV zur Erweiterung der genetischen Variation und Nutzung in der Pflanzenzüchtung mit Hilfe molekularer Marker. GPZ/GFP-Sommertagung Getreide, 25.06.2003, Freising, Vortrag
- KÜHNE, T.: Moderne Strategien zur Verbesserung der Resistenz von Kulturpflanzen gegen Krankheiten und Schädlinge. Kolloquium 22.09.2003, Güterfelde, Vortrag
- KÜHNE, T.; SHI, N.; PROESELER, G.; ADAMS, M. J.; KANYUKA, K.: BaYMV pathogenicity towards the *rym4* barley genotypes correlates with changes in the VPg protein. XIth Int. Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, 18.-27.07.2003, All-Russian Research Institute for Agricultural Microbiology, St.-Petersburg, Russland, Poster
- MUENICH, K.; FOMITCHEVA, V. W.; VALKOV, V.; KUMLEHN, J.; SCHUBERT, J.; CONRAD, U.: Recombinant antibodies against *Barley yellow dwarf virus* polymerase - tools for improvement of virus resistance. DPG-Arbeitskreis Viruskrankheiten der Pflanzen, 27.-28.03.2003, Heidelberg, Vortrag
- RABENSTEIN, F.; BARCHEND, G.: Entwicklung praxis-relevanter serologischer Nachweismethoden für bakterielle Erkrankungen am Feldsalat (*Valerianella locusta* L.) Laterr. und für die Selektion von Resistenzquellen gegen den Erreger von Blattflecken (*Acidovorax valerianellae* sp. nov.). GFP Jahrestagung, 05.11.2003, Bonn, Vortrag
- RABENSTEIN, F.; SUKHACHEVA, E.; HABEKUß, A.; FOMITCHEVA, V.; SCHUBERT, J.: Charakterisierung von monoklonalen Antikörpern gegen das Isolat ASL-1 des *Barley yellow dwarf virus*-PAV. Jahrestagung der DPG, Arbeitskreis Viruskrankheiten der Pflanzen, 27.-28.03.2003, Heidelberg, Vortrag
- RÖMER, P.; KASTIRR, U.; HABEKUß, A.: Entwicklung von Winterdurum mit verbesserter Teigqualität und Resistenz gegen pilzliche und viröse Krankheitserreger. Statusseminar InnoPlanta 2003, 16.12.2003, CCC Harzgerode, Vortrag
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.; SUPP, P.: Stability of pathogen-derived *Potato virus Y* resistance in potato under field conditions and some aspects of their ecological impact. FRONTIS, Workshop, 01.-05.06.2003, Wageningen, Niederlande, Vortrag
- SCHUBERT, J.; RABENSTEIN, F.; GIPPERT, R.; GNEIST, A.; SUKHACHEVA, E.: Zum Auftreten von Stämmen des PVY in Sachsen-Anhalt. Arbeitskreis Virologie, 27.-28.03.2003, Heidelberg, Vortrag

- SCHUBERT, J.; RABENSTEIN, F.: Erste Ergebnisse zum Auftreten von Knollennekrosen an verschiedenen Kartoffelsorten nach mechanischer Inokulation im Freiland. GFP Jahrestagung, 05.11.2003, Bonn, Vortrag
- VALKOV, V.; MARTHE, C.; FOMITCHEVA, V.; HABEKUß, A.; SCHUBERT, J.; KUMLEHN, J.: Improvement of resistance toward *Barley yellow dwarf virus* by *Agrobacterium*-mediated transformation of barley. 7th Int. Congress of Plant Molecular Biology (ISPMB 2003), 23.-28.06.2003, Barcelona, Spanien, Poster

Institut für Epidemiologie und Resistenz Institute of Epidemiology and Resistance Aschersleben

- BAKARDJIEVA, N.; KRUSTEVA, H.; HABEKUß, A.; RABENSTEIN, F.: Detection of cereal virus and study of aphid population in Bulgaria. 3rd Balkan Conference of Microbiology, 04.-06.09.2003, Istanbul, Türkei, Poster
- CSÖSZ, L.; NAGYHASKA, E.; PUSZTAI, L.; KOPAHNKE, D.; MESTERHÁZY, A.: Őszi búza fajták nekrotróf és biotróf kórokozókkal szembeni ellenállósága és termésreakciója szegeden, 2002-BEN. 49th Plant Protection Days, 25.-26.02.2003, Budapest, Ungarn, Poster
- FISCHER, C.; RICHTER, K.: Fire blight resistant apple varieties by conventional breeding. Eucarpia Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Poster
- GRANER, A.; ORDON, F.: Molekulargenetische Feinkartierung multipler Resistenzen der Gerste gegen den Gelbmosaikvirus-Komplex (BaYMV/BaMMV). Abschlusskoll. DFG Schwerpunktprogramm "Genetische und molekulare Aufklärung von Prozessen der Merkmalsausprägung bei Nutzpflanzen", 15.-16.04.2003, Justus-Liebig-Universität Gießen, Vortrag
- HABEKUß, A.; FISCHER, C.: Bewertung der Resistenz von Apfel gegen *Tetranychus urticae* und *Panonychus ulmi*. 4. Milbenkundliches Kolloquium, 26.-28.09.2003, Universität Greifswald, Poster
- HABEKUß, A.; SCHUBERT, J.; GRÜNTZIG, M.; MEHNER, S.: Incidence of *Wheat dwarf virus* and its strains in Germany. 3rd Balkan Conference, 04.-06.09.2003, Istanbul, Türkei, Poster
- HABEKUß, A.; SOLOVJEVA, N.; FOMITCHEVA, V.; SCHLIEPHAKE, E.; SCHUBERT, J.: Epidemiologie und genetische Diversität des Gerstengelbverzwergungsvirus, GPZ-Tagung "Fortschritte in der Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung bei Kulturpflanzen", 08.-09.12.2003, Fulda, Vortrag
- HUMBROICH, K.; JAISER, H.; SCHIEMANN, A.; DEVAUX, P.; JACOBI, A.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Identification and mapping of genes against soil-borne viruses in barley and wheat. GPZ AG Molekulare Marker, 16.-17.09.2003, IPK Gatersleben, Poster
- KRÄMER, I.; HABEKUß, A.; ORDON, F.; PROESELER, G.: Inheritance and molecular analyses of resistance to the barley yellow mosaic virus complex in winter barley 'HHOR 422'. GPZ AG Molekulare Marker, 16.-17.09.2003, IPK Gatersleben, Poster
- KUSTERER, A.: Krankheiten und Schädlinge an Dill und anderen Gewürzpflanzen. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 13.-14.07.2003, Rostock, Vortrag
- KUSTERER, A.: Entwicklung eines nationalen Evaluierungsprogramms pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide (EVA II), GFP-Jahrestagung, 05.-06.11.2003, Bonn, Vortrag
- LIND, V.: Erschließung neuer Resistenzquellen gegen Erreger von Blattkrankheiten bei Weizen (*Septoria tritici*, *Drechslera tritici-repentis*, *Puccinia triticina*) zur Erweiterung der genetischen Variation und deren Nutzung in der Pflanzenzüchtung mit Hilfe diagnostischer genetischer Marker. GPZ/GFP- Abteilungssitzung Getreide, 25.06.2003, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Freising, Vortrag
- LIND, V.: Braunrostresistenz im deutschen Winterweizen-Sortiment und Analyse der Virulenz in der Erreger-Population. GPZ-Tagung "Fortschritte in der Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung bei Kulturpflanzen", 08.-09.12.2003, Fulda, Vortrag

- NEUHAUS, G.; WEYEN, J.; SCHONDELMAIER, J.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Detection of SNPs in STSs flanking resistance genes of barley and genotyping of winter barley of different origin. GPZ AG Molekulare Marker, 16.-17.09.2003, IPK Gatersleben, Poster
- NEUHAUS, G.; WEYEN, J.; SCHONDELMEIER, J.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: SNP-scanning of fragments linked to resistance genes against barley yellow mosaic virus disease. 3. GABI Statusseminar, 11.-12.02.2003, Gustav-Stresemann-Institut Bonn, Poster
- ORDON, F.: Identifikation von Resistenzquellen und molekulargenetische Analyse der Resistenz des Weizens gegenüber bodenbürtigen Pilzpathogenen (*Pseudocercospora herpotrichoides*, *Gaeumannomyces graminis*). GPZ/GFP-Abteilungssitzung Getreide, 25.06.2003, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Freising, Vortrag
- ORDON, F.; FRIEDT, W.; SCHEURER, K.; PELLIO, B.; WERNER, K.; NEUHAUS, G.; HUTH, W.; HABEKUß, A.; GRANER, A.: Molecular markers in breeding for virus resistance in barley. XII Conference Microscopic Fungi - Host Resistance Genes, Genetic and Molecular Research, 04.-05.04.2003, Poznan, Polen, Vortrag
- PAETSCH, C.; GRAICHEN, K.: Inheritance of turnip yellows luteovirus resistance in winter oilseed rape. 11th Int. Rapeseed Congress, 06.-10.07.2003, Kopenhagen, Dänemark, Poster
- PAETSCH, C.; GRAICHEN, K.: Infestation of winter oilseed rape by turnip yellows luteovirus and its relevance for yield. 11th Int. Rapeseed Congress, 06.-10.07.2003, Kopenhagen, Dänemark, Vortrag
- RICHTER, K.: Die Adernschwärze des Kohls und Möglichkeiten ihrer Bekämpfung. 6. Pflanzenschutztagung der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft, 30.01.2003, Schönbach und Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 01.08.2003, Rostock, Vortrag
- RICHTER, K.: Der Feuerbrand des Kernobstes und Möglichkeiten seiner Bekämpfung. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 31.07.2003, Rostock, Vortrag
- RICHTER, K.: Erarbeitung einer Resistenzprüfmethode für die Bakterielle Pelargonienwelke bei Sämlingen. Tagung Arbeitskreis Phyto bakteriologie der DPG, 11.-12.09.2003, Dresden, Vortrag
- RICHTER, K.: Aktueller Stand der Feuerbrandforschung und Aufgaben der BAZ im Rahmen der Feuerbrandbekämpfung. Klausurtagung des amtlichen Pflanzenschutzdienstes Sachsen-Anhalt, 17.12.2003, Quedlinburg, Vortrag
- RICHTER, K.; FISCHER, CH.: Stability of fire blight resistance. EUCARPIA, Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Poster
- SCHLIEPHAKE, E.; BARBAGALLO, S.; BASKY, Z.; BELL, N.; COCEANO, P.-G.; COCU, N.; DENHOLM, C.; DERRON, J.; HARRINGTON, R.; HULLÉ, M.; KATIS, N.; KNIGHT, J.; LUKÁŠOVA, H.; MARRKULA, I.; MAURICE, D.; MOHAR, J.; PICKUP, J.; ROLOT, J.-L.; ROUNSEVELL, M.; RUSZKOWSKA, M.; SECOFER-NANDEZ, M.-V.; SIGVALD, R.; TSITSIPIS, J.; ULBER, B.; VERRIER, P.: Nutzung der EXAMINE-Datenbank zum Monitoring invasiver Aphidenarten in Europa. Symposium: Invasive gebietsfremde Arten, 20.-21.05.2003, BBA Braunschweig, Poster
- SCHLIEPHAKE, E.; HABEKUß, A.: Blattläuse und Viren. Internationale Grüne Woche, 17.-26.01.2003, Berlin, Poster u. Vortrag
- SCHLIEPHAKE, E.; LEISTNER, H.-U.; ORDON, F.: First results on the estimation of genetic relatedness of *Rhopalosiphum pa di* derived from different geographic origin by AFLPs. GPZ AG Molekulare Marker, 16.-17.09.2003, IPK Gatersleben, Poster
- SCHLIEPHAKE, E.; THIEME, T.: Gebietsfremde Aphiden - Arten in Deutschland. Symposium "Bedrohung der biologischen Vielfalt durch invasive gebietsfremde Arten", 20.-21.05.2003, BBA Braunschweig, Poster
- THIEME, T.; SCHLIEPHAKE, E.: Einwanderung von Aphiden-Taxa unterhalb des Artniveaus - reicht es, die Art zu kennen? Symposium "Bedrohung der biologischen Vielfalt durch invasive gebietsfremde Arten", 20.-21.05.2003, BBA Braunschweig, Poster
- WAGNER, C.; MARQUARD, R. A.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Identification of RAPD and AFLP markers linked to the (-)-alpha-bisabolol and chamazulene loci in tetraploid camomile (*Chamomilla recutita* (L.) Rausch.). GPZ AG Molekulare Marker, 16.-17.09.2003, IPK Gatersleben, Poster

Genbank

Gene Bank

Braunschweig

- FRESE, L.: In-situ- und On-farm-Management in Deutschland: Stand der Umsetzung des nationalen Fachprogramms für pflanzengenetische Ressourcen. Tagung der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung, AG Genetische Ressourcen, 20.-21.11.2003, Göttingen, Vortrag
- GERMEIER, C. U.: Computer assisted search for duplicates in a medium size cereal central crop database - the case of *Avena* (EADB). ECP/GR Cereals Network meeting, 03.-05.07.2003, Jerewan, Armenien, Vortrag
- GERMEIER, C. U.: Progresses made in European *Avena* Database (EADB). *Avena* Working Group Meeting within ECP/GR Cereals Network meeting, 03.-05.07.2003, Jerewan, Armenien, Vortrag
- GERMEIER, C. U.: Update of the *Avena* core collections - Landraces. *Avena* Working Group Meeting within ECP/GR Cereals Network meeting, 03.-05.07.2003, Jerewan, Armenien, Vortrag

Institut für Obstzüchtung

Institute of Fruit Breeding

Dresden

- BOUDICHEVSKAJA, A.; FLACHOWSKY, H.; FISCHER, C.; HANKE, V.; DUNEMANN, F.: Development of molecular markers for Vr-scab resistance factor from R12740-7A apple. Workshop University of Bologna, 28.-31.05.2003, Bologna, Italien, Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, 11. Molecular Markers Symposium of the GPZ, 16.-17.09.2003, Gatersleben, Poster
- DUNEMANN, F.: Funktionelle Genomanalyse von Komponenten der Ertragsbildung bei Apfelbäumen. Workshop über Projektideen für GABI 2, Institut für Forstgenetik der Universität Göttingen, 27.-28.02.2003, Göttingen, Vortrag
- DUNEMANN, F.: Molekulare Marker für Schorf- und Mehlauresistenz bei Apfel - aktueller Stand und neue Entwicklungen. Treffen der AG "Obst und Gehölze" der GPZ, 09.-10.09.2003, Siebeldingen, Vortrag
- DUNEMANN, F., LESEMANN, S.: Determining population variation of apple powdery mildew at the molecular level. Projektmeeting, EU-INCO-Projekt ICA-CT-2001-10001, 28.-30.04. 2003, Shimla, Indien, Vortrag
- DUNEMANN, F.; URBANIETZ, A.; GARDINER, S.; BASSETT, H.; LEGG, W.; RUSHOLME, R.; BUS, V.; RANATUNGA, C.: Marker assisted selection for PI-1 powdery mildew resistance in apple - old markers for a new resistance gene? Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.; BIRK, T.; HANKE, V.: Preliminary results to establish an alternative selection system for apple transformation. Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.; GRAFE, C.; JÜHLKE, S.; HANKE, V.: Molekulare Untersuchungen zum allergenen Potential des Pillnitzer Apfelsortimentes. 40. Gartenbauwissenschaftliche Tagung, 26.02.-01.03.2003, Weihenstephan, Poster
- FLACHOWSKY, H.; HANKE, V.: Etablierung männlicher Sterilität und Parthenokarpie transgener Kulturapfelsorten zur Verhinderung eines vertikalen Gentransfers auf Wild- und Kulturapfel. BMBF-Statusseminar "Sicherheitsforschung und Monitoring", 31.03.-01.04.2003, Hannover, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.; HANKE, V.: Etablierung von Methoden zur Agrobacterium-vermittelten Transformation bei Apfel. Workshop "Pflanzentransformation - Wo stehen wir heute?", Justus-Liebig-Universität Giessen, 17.-18.07.2003, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.; HANKE, V.: Etablierung alternativer Selektionsmarker zur Transformation von Apfel, *Malus domestica* Borkh. Vortragstagung "Pflanzenbiotechnologie im Spannungsfeld der Forschung, Anwendung und fundamentaler Ablehnung", Geisenheim, 10.-12.09.2003, Vortrag

- FLACHOWSKY, H.; HANKE, V.: Etablierung männlicher Sterilität und Parthenokarpie bei Apfel - Stand der Bearbeitung. Verbundtreffen "Transgene Gehölze", 27.-28.11.2003, Großhansdorf, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.; REIM, S.; HANKE, V.: Transgenes Obst - Analyse, Stand und Forschungsziele. Statusseminar des Senats der Bundesforschungsanstalten, "Welternährung - Beiträge zur globalen Ernährungssicherung", Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL), 20.11.2003, Braunschweig, Vortrag
- HANKE, V.: Aus der Arbeit des Instituts für Obstzüchtung der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Arbeitstagung der Bundesarbeitsgemeinschaft Gartenbau u. Landespflege, 04.-06.05.2003, Dresden-Pillnitz und Beratung ARC Seibersdorf, 04.11.2003, Wien, Österreich, Vortrag
- HANKE, V.: Feuerbrand bei Apfel - eine Gefahr für den Obstbau und eine Herausforderung für den Züchter. Kolloquium Universität Halle, 21.05.2003, Halle, Vortrag
- HANKE, V.: Feuerbrandresistente Unterlagen für Apfel. Tagung AK Obstbauliche Leistungsprüfung, 03.-04.06.2003, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- HANKE, V.: The long and tortuous path from the leaf piece to the genetically engineered apple tree. Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetic, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Poster
- HANKE, V.: Freisetzung von gentechnisch veränderten Apfelgehölzen. AG "Obst und Gehölze" der GPZ, 09.-10.09.2003, Siebeldingen, Vortrag
- HANKE, V.: Feuerbrandtoleranz transgener Apfelgehölze. AK Phytobakteriologie der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft, 11.-12.09.2003, Dresden, Vortrag
- HANKE, V.: Grüne Gentechnik - Chancen und Risiken. Seminar des Sächsischen Staatsministeriums für Umwelt und Landwirtschaft, 01.10.2003, Reinhardtsgrimma, Vortrag
- HANKE, V.: Obstzüchtung im Licht des 21. Jahrhunderts. Treffen der Antisobrischen Gesellschaft Dresden, 10.12.2003, Dresden, Vortrag
- HÖFER, M.: Alte Obstsorten - heute genutzt? Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 09.-10.09.2003, Rostock, Vortrag
- HÖFER, M.; GRAFE, C.; BOUDICHEVSKAJA, N.; GOMEZ, A.; BUENO, M. A.: Comprehensive evaluation of DH-material in apple. Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetic, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Poster
- HÖFER, M.; GRAFE, C.; BÜTTNER, R.: Grüne Liga Osterzgebirge: *In-situ*- und *Ex-situ*-Erhaltung genetischer Ressourcen bei Obst am Beispiel des Wildapfels, *Malus sylvestris*. Gesellschaft für Pflanzenzüchtung, AG Genet. Ressourcen, 20.-21.11.2003, Göttingen, Vortrag
- HÖFER, M.; PEIL, A.: Zur Anfälligkeit von Apfel- und Birnensorten gegenüber Feuerbrand nach natürlicher Infektion. AK Phytobakteriologie der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft, 11.-12.09.2003, Dresden, Vortrag
- LESEMANN, F.; DUNEMANN, F.: Charakterisierung der genetischen Variation des Apfelmehltaus, *Podosphaera leucotricha*. Tagung des AK Mykologie und Wirt-Parasit-Beziehungen der DPG, 20.-21.03.2003, Aachen, Poster
- LESEMANN, S.; DUNEMANN, F.: Determining population variation of apple powdery mildew at the molecular level. Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich und 11. Molecular Markers Symposium of the GPZ, 16.-17.09.2003, Gatersleben, Poster
- OLBRICHT, K.: Zum Arbeitsstand Erdbeerzüchtung. Arbeitstreffen Fachkommission Beerenobst im Arbeitskreis Züchtung, 17.06.2003, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- OLBRICHT, K.: Zur Züchtung von Erdbeeren. Kolloquium Humboldt-Universität Berlin, 23.06.2003, Berlin-Dahlem, Vortrag
- OLBRICHT, K.: Wie entsteht eine neue Erdbeersorte? 1. Lange Nacht der Wissenschaften in Dresden, 27.06.2003, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- OLBRICHT, K.: *Verticillium*-Resistenz am Institut für Obstzüchtung in Dresden-Pillnitz. Bundesarbeitstagung für Fachberater im Beerenobst, 16.-17.12.2003, Grünberg, Vortrag

- PEIL, A.: Apfelzüchtung in Dresden-Pillnitz. Tagung Fachkommission Kernobst, 12.11.2003, Jork, Vortrag
- PEIL, A.; FISCHER, C.; HANKE, V.: Six new apple cultivars from Dresden-Pillnitz. Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Poster
- PEIL, A.; FISCHER, C.; HANKE, V.: Züchtung von Apfelsorten für eine nachhaltige und umweltgerechte Apfelproduktion. Statusseminar des Senats der Bundesforschungsanstalten, "Welternährung - Beiträge zur globalen Ernährungssicherung", Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL), 20.11.2003, Braunschweig, Vortrag
- PEIL, A.; HANKE, V.; FISCHER, C.: Sechs neue Apfelsorten aus Dresden-Pillnitz. Treffen der AG "Obst und Gehölze" der GPZ, 09.-10.09.2003, Siebeldingen, Vortrag
- PEIL, A.; HANKE, V.; FISCHER, C.: Sechs neue Apfelsorten aus Dresden-Pillnitz. Schlossverwaltung Pillnitz, 22.-28.08.2003, Poster
- REIM, S.; HANKE, V.: Stability of transgenes and their expression in transgenic apple plants (*Malus x domestica* Borkh.). Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Vortrag
- REIM, S.; HANKE, V.: Stabilität der Integration und Expression von Fremdgenen bei Apfelgehölzen. Treffen der AG "Obst und Gehölze" der GPZ, 09.-10.09.2003, Siebeldingen, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Kirschenzüchtung im Institut für Obstzüchtung Dresden-Pillnitz der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen. Internationale Grüne Woche 2003, 16.-26.01.2003, Berlin, Poster
- SCHUSTER, M.: Beitrag der Züchtung zur Monilia-Problematik. 1. Arbeitstreffen Monilia-Spitzendürre, 20.-21.05.2003, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Notwendige Untersuchungen zur Krankheitsresistenz bei Kirschen. Tagung AK Obstbauliche Leistungsprüfung, 03.-04.06.2003, Köln-Auweiler, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Züchtung neuer Süß- und Sauerkirschen für den Erwerbsobstbau. Tagung FK Steinobstzüchtung, 16.-17.06.2003, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Untersuchungen zur S-Allelbestimmung bei Süßkirschen. Tagung FK Steinobstzüchtung, 16.-17.06.2003, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Süß- und Sauerkirschenzüchtung. 1. Lange Nacht der Wissenschaften in Dresden, 27.06.2003, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz und Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 14. u. 15.09.2003, Rostock, Vortrag
- SCHUSTER, M.; FISCHER, M.; TOBUTT, K.: Untersuchungen zur Resistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz, *Blumeriella jaapii* (Rehm) Arx, bei Kirschen. 40. Gartenbauwissenschaftliche Tagung, 26.02.-01.03.2003, Weihenstephan, Poster
- SCHUSTER, M.; TOBUTT, K. R.: Screening of cherries for resistance to leaf spot, *Blumeriella jaapii*. Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Poster
- SCHUSTER, M.; WOLFRAM, B.: Results of sour cherry breeding in Dresden-Pillnitz. Eucarpia-Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 01.-05.09.2003, Angers, Frankreich, Poster

Institut für landwirtschaftliche Kulturen

Institute of Agricultural Crops

Groß Lüsewitz

- BRINGEZU, T.; HACKAUF, B.; LINZ, B.; LINZ, A.; RUGE, B.; ROUX, S. R.; WEHLING, P.: Research Area 1: Structural and functional comparison of disease resistance genes in rye and other plants. GABI - 2. Statusseminar, 11.-12.02.2003, Bonn, Poster
- DARSOW, U.: Late-blight research at the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants. EUCABLIGHT, 1st Meeting of Management and Technical Group, 31.03.-02.04.2003, SCRI Dundee, Großbritannien, Vortrag

- DARSOW, U.: Assessment of foliage-blight resistance and maturity. EUCABLIGHT, 1st Regional Meeting of the Central-Europe Group, 08.-11.06.2003, IHAR Mlochow, Polen, Vortrag
- DARSOW, U.: Assessment of tuber-blight resistance and standards for it. EUCABLIGHT, 1st Regional Meeting of the Central-Europe Group, 08.-11.06.2003, IHAR Mlochow, Polen, Vortrag
- DARSOW, U.: Late-blight research at IAC, Groß Lüsewitz. EUCABLIGHT, 1st Regional Meeting of the Central-Europe Group, 08.-11.06.2003, IHAR Mlochow, Polen, Vortrag
- DARSOW, U.: Combining relative blight resistance, starch content and second earliness of potato. EAPR-EUCARPIA joint section meeting "Breeding and adaptation of potatoes", 26.-30.07.2003, Oulu, Finland, Vortrag
- DARSOW, U.: Experiences of 50 years pre-breeding of potato for late-blight resistance. Keszthely, Georgikon Faculty of Agriculture of University of Veszprem, 22.08.2003, Veszprem, Ungarn Vortrag
- DARSOW, U.: Beitrag der *Phytophthora*-Resistenzzüchtung bei der Kartoffel zur globalen Ernährungssicherung. Statusseminar Welternährung, 20.11.2003, FAL Braunschweig, Vortrag
- DARSOW, U.; NIEPOLD, F.: EUCABLIGHT - ein EU-Projekt zur Harmonisierung der *Phytophthora*-Resistenzprüfungen. GPZ, Arbeitsgemeinschaft für Kartoffelzüchtung und Pflanzguterzeugung, 19.11.2003, Göttingen, Vortrag
- HACKAUF, B.; KRAUSE, L.; WEHLING, P.: The rice genome - platform for the targeted development of gene-specific markers in rye. Plant and Animal Genome XI. Conference, 11.-15.01.2003, San Diego, Kalifornien, USA, Poster
- HACKAUF, B.; RUDD, S.; WEHLING, P.: Development and mapping of SSR markers. GABI - 2. Statusseminar in Bonn, 11.-12.02.2003, Bonn, Poster
- HERRMANN, M.: Ergebnisse über quantitativ-genetische Parameter der Auswuchsfestigkeit von Triticale. GPZ-Tagung AG Saatgut und Sortenwesen, 25.03.2003, Stuttgart - Hohenheim, Vortrag
- HERRMANN, M.: Selektion auf Auswuchsfestigkeit (AWF) bei Triticale. Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 30.04.2003, Halle, Saale, Vortrag
- IVANOVA, T.; ANTONOVA, O. Y.; ROGOZINA, E. V. ; THIEME, R.; GAVRILENKO, T. A.: Transfer of viral resistance from wild species to potato *Solanum tuberosum* through somatic hybridization. XIth Int. Congr. on Molecular Plant-Microbe Interactions, 18.-27.07.2003, St. Petersburg, Russland, Poster
- LELLBACH, H.: Resistance to crown rust of ryegrass cultivars tested in the field (EUCARPIA multisite rust evaluation) and *in situ* (leaf-segment test). 25th EUCARPIA Fodder Crops and Amenity Grasses Meeting, 01.-04.09.2003, Brno, Tschechien, Poster
- LELLBACH, H.: Beurteilung der Kronenrostresistenz von Deutschen und Welschen Weidelgrassorten. 44. Fachtagung des DLG-Aussch. Gräser, Klee und Zwischenfrüchte, 02.-03.12.2003, Fulda, Vortrag
- RAKOSY-TICAN, L.; AURORI, C. M.; AURORI, A.; THIEME, R.; ANTONOVA, O.: GFP reporter gene - a valuable tool for genetic transformation and somatic hybridization of potato. XIX. Int. Congr. of Genetics, 06.-11.07.2003, Melbourne, Australien, Poster
- RAKOSY-TICAN, L.; AURORI, C. M.; THIEME, R.; CAPDEFIER, C.; AURORI, A.; ANTONOVA, O.: The usefulness of reporter gene GFP for optimizing *Agrobacterium tumefaciens* mediated transformation of potato cultivars. EAPR/EUCARPIA Konferenz, 26.-30.07.2003, Oulu, Finnland, Poster
- ROUX, S. R.; HACKAUF, B.; RUGE, B.; LINZ, A.; ACKERMANN, P.; WEHLING, P.: Erschließung von Braunrostresistenzen bei Roggen. Workshop Braunrost bei Roggen, 18.06.2003, Kleinmachnow, Vortrag
- ROUX, S. R.; HACKAUF, B.; RUGE, B.; LINZ, A.; WEHLING, P.: Erschließung von Braunrostresistenzen bei Roggen mit aktuellen Methoden der Züchtungsforschung. Vortragstagung Fortschritte in der Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung bei Kulturpflanzen, 09.12.2003, Fulda, Vortrag
- RUDLOFF, E.; SONNTAG, K.; WANG, Y. P.: Biotechnological approaches for changing the oil quality in rapeseed (*Brassica napus* L.). 8. Symposium Nachwachsende Rohstoffe für die Chemie, 26.-27.03.2003, Tübingen, Poster

- RUDLOFF, E.; WEHLING, P.: Neuartiges Rapsöl mit Hilfe der Gentechnik - Ergebnisse eines mehrjährigen Freisetzungsversuchs. NAROSSA, 9. Int. Kongress für nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, Magdeburg, 16.-17.06.2003. Vortrag
- RUGE, B.; LINZ, A.; LINZ, B.; PICKERING, R.; WEHLING, P.: Molecular characterization of 6HS introgressions from *Hordeum bulbosum* into cultivated barley. XI. Plant and Animal Genome Conference, 11.-15.01.2003, San Diego, Kalifornien, Poster
- SELLNER, M.; SONNTAG, K.: The temporary immersion technique for in vitro culturing of plants. Biotechnica, 07.-09.10.2003, Hannover, Vortrag
- SONNTAG, K.: Somatische Hybridisierung ausgewählter Brassicaceae und Transformation von Raps (*Brassica napus*) im Hinblick auf Ölqualität und Markergenfreiheit. GFP-Sitzung der Abt. Öl- und Eiweißpflanzen, 04.-05.06.2003, Groß Lüsewitz, Vortrag
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.: Microspore mutagenesis in transgenic winter rapeseed for the modification of fatty-acid composition, Workshop "Embryogenesis and Development Regulation in Plants", 06.-07.03.2003, Torino, Italien, Poster
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.; GROENEVELD, I.; WEIER, D.; FRENTZEN M.; LEHMANN, L.; ZARHLOUL, K.; LÜHS, W.: Development of rapeseed plants with optimised oilseed quality. 11th Int. Rapeseed Congress, 06.-10.07.2003, Kopenhagen, Dänemark, Poster
- SONNTAG, K.; SPIEKERMANN, P.; HEINZ, E.; ZARHLOUL, M.; LÜHS, W.; ZURBORG, A.; LECKBAND, G.: Entwicklung neuartiger Öle von Raps für den Non-Food-Bereich unter Einbeziehung transgener Ansätze, NAROSSA, 9. Kongress für nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, 16.-17.06.2003, Magdeburg, Poster
- THIEME, R.; DINU, I.; DARSOW, U.; RAKOSY-TICAN, L.; KANG, Z.; GAVRILENKO, T.; ANTONOVA, O.; HEIMBACH, U.; THIEME, T.: Somatic hybrids between *Solanum tarnii* and potato: a new source of resistance to virus diseases and late blight. EAPR/EUCARPIA Konferenz, 26.-30.07.2003, Oulu, Finnland, Poster
- THIEME, R.; DINU, I.; RAKOSY-TICAN, L.; ANTONOVA, O.; GAVRILENKO, T.; HEIMBACH, U.; THIEME, T.: Erschließung neuer Resistenzquellen bei der Kartoffel. Vortragstagung, 10.-12.09.2003, Geisenheim, Poster
- THIEME, R.; HEINZE, M.; THIEME, T.; LAURILA, J.; LAAKSO, I.; GAVRILENKO, T.; HEIMBACH, U.; ROKKA, V.-M.: Performance and feeding behaviour of potato colonising aphids on *S. tuberosum* (+) *S. tuberosum* somatic hybrids and progenies with different glycoalkaloid compositions. EAPR/EUCARPIA Konferenz, 26.-30.07.2003, Oulu, Finnland, Poster
- WANG, Y. P.: Asymmetric hybridisation between *Brassica napus* and *Crambe abyssinica*. GFP-Sitzung der Abt. Öl- und Eiweißpflanzen, 04.-05.06.2003, Groß Lüsewitz, Vortrag
- WANG, Y. P.: Application of biotechnology in rapeseed breeding. Huazhong Agricultural University, College of Plant Science and Technology und The Chinese Academy of Sciences, Wuhan Botanical Garden, 26.12.2003 u. 29.12.2003, Wuhan, China, Vortrag
- WANG, Y. P.; HACKAUF, B.; RUDLOFF, E.; WEHLING, P.; SONNTAG, K.: Cytogenetic and molecular characterization of progenies of asymmetric somatic hybrids between *Brassica napus* and *Crambe abyssinica*, 11th Int. Rapeseed Congress, 06.-10.07.2003, Kopenhagen, Dänemark, Poster
- WEHLING, P., HACKAUF, B.: Isolierung und molekulare Charakterisierung von Selbstfertilitäts- und Pseudokompatibilitätsgenen beim Roggen. Abschlusskolloquium des Sonderforschungsprogramms 1005 der DFG, 16.04.2003, Gießen, Vortrag

Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials
 Groß Lüsewitz

- BALKO, C.: Untersuchungen zur abiotischen Stresstoleranz bei Leguminosen. GFP-Sitzung Öl- und Eiweißpflanzen, 04.-05.06.2003, Groß Lüsewitz, Vortrag

- BALKO, C.: Untersuchungen zur Selektion auf Trockentoleranz bei Kartoffeln. GPZ, AG Kartoffelzüchtung und Pflanzguterzeugung, 19.-20.11.2003, Göttingen, Vortrag
- BALKO, C.; FREITAG, S.: Indirekte Selektionskriterien für die Selektion auf Trockentoleranz bei Kartoffeln (*Solanum tuberosum* L.). Tagung der AG Ertrags- und Stressphysiologie der GPZ, 11.-12.06.2003, Groß Lüsewitz, Poster
- JANSEN, G.: Rohstoff- und Stärkequalität von Weizen aus dem CO₂-Anreicherungsversuch 2002. 3. FACE-Treffen, 16.01.2003, Braunschweig, Vortrag
- JANSEN, G.; FLAMME, W.; BALKO, C.; SEDDIG, S.: Einfluss von Umweltfaktoren (unterschiedliche Temperaturen) auf die Stabilität von Gerstenmutanten bezüglich Ertrags- und Qualitätsparameter. Statusseminar "Welternährung", 20.11.2003, Braunschweig, Vortrag
- JANSEN, G.; SEDDIG, S.; FLAMME, W.; MANDERSCHIED, R.; WEIGEL, H. J.: Einfluss erhöhter CO₂-Konzentration auf die Rohstoffqualität von Getreide: Ergebnisse aus Feldversuchen. Tagung der AG Ertrags- und Stressphysiologie der GPZ, 11.-12.06.2003, Groß Lüsewitz, Poster
- JÜRGENS, H.-U.; FLAMME, W.; JENNERJAHN, M.: Strukturuntersuchungen von Amylopektin in Stärken verschiedener landwirtschaftlicher Nutzpflanzen mit Hilfe der HPLC. NAROSSA, 9. Int. Kongress für nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, 16.-17.06.2003, Magdeburg, Poster
- KURPJUN, C.; SEDDIG, S.; JANSEN, G.; JÜRGENS, H.-U.; FLAMME, W.: Einsatz von gekeimtem Getreide als Futtermittel. Statusseminar "Welternährung", 20.11.2003, Braunschweig, Vortrag
- LAUSCH, M.; SCHUMANN, E.; WEBER, W. E.; FLAMME, W.; WILDE, P.: Hell- und Grünkorn-Roggen als Rohstoff für die Industrie. 11. Hochschultagung der Landwirtschaftlichen Fakultät der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 25.04.2003, Halle-Wittenberg, Poster
- SEDDIG, S.; JANSEN, G.; FLAMME, W.: Charakterisierung stärkeabbauender Enzyme im Getreide - Potentielle Nutzung des Eigenenzymsystems für die Bioethanolproduktion. NAROSSA, 9. Int. Kongress für nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, 16.-17.06.2003, Magdeburg, Poster
- TANTAU, H.; BALKO, C.; DÖRFFLING, K.: Verbesserung der Frostresistenz bei Wintergerste durch In-vitro-Selektion. Tagung der AG Ertrags- und Stressphysiologie der GPZ, 11.-12.06.2003, Groß Lüsewitz, Vortrag
- WEGENER, C.: Die Nassfäule der Kartoffel - Eine Krankheit, ihr Erreger und die Abwehrreaktion der Pflanze. Zentralverband des deutschen Kartoffelhandels e. V., Fachtagung "Erwinia", 05.-06.02.2003, Würzburg, Vortrag

Institut für gartenbauliche Kulturen

Institute of Horticultural Crops

Quedlinburg

- CHESNOKOV, J.; MEISTER, A.; RYSCHKA, U.; BÄUMLEIN, H.; MANTEUFFEL, R.: Visualisation of embryogenesis competence in somatic-to-embryogenic transition with a GFP-based marker. Institutstag Gatersleben, 08.-09.10.2003, Gatersleben, Poster
- KLOCKE, E.: Application of molecular markers in plant breeding. InWent-Seminar, Int. Trainingskurs "Organization and management of formal and informal seed programmes", 09.07.2003, Quedlinburg, Vortrag
- KLOCKE, E.; KRÄMER, R.; RYSCHKA, U.; SCHUBERT, J.; SCHUMANN, G.: Creation of *Brassica* plants with TuMV genes - Investigations for resistance and heredity of transgenes. 7th Int. Congress of Plant Molecular Biology (ISPMB), 23.-28.06.2003, Barcelona, Spanien, Poster
- KLOCKE, E.; RADCHUK, V. V.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.: Methods for simultaneous transfer of various genes. 14.10.2003, ECORC, Ottawa, Kanada, Vortrag
- KRÄMER, R.; RYSCHKA, U.; MARTHE, F.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.: Charakterisierung von *Turnip mosaic virus* (TuMV)-Resistenz in somatischen *Raphanobrassica*-Hybriden. 4. Symposium Phytomedizin und Pflanzenschutz im Gartenbau, 22.-25.09.2003, Wien, Österreich, Vortrag
- KRÄMER, R.; SCHOLZE, P.: Krankheiten und Schädlinge im Kohlgemüse I. Mykosen, Bakteriosen und Virosen. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 09. u. 10.07.2003, Rostock, Vortrag

- KÄSTNER, U.; PANK, R.: Constituents of sexual and facultatively apomictic St. John's wort plants (*Hypericum perforatum* L.) with different ploidy level. 51st Annu. Congress of the Society for Medicinal Plant Research, 31.08.-04.09.2003, Kiel, Poster
- LINKE, B.; NOTHNAGEL, T.; BÖRNER, T.: Flower formation in carrot CMS-plants: mitochondria affect expression of nuclear MADS-box genes. 7th Int. Congress of Plant Molecular Biology (ISPMB), 23.-28.06.2003, Barcelona, Spanien, Poster
- NOTHNAGEL, T.: Evaluierung von Möhren Akzessionen mit Resistenz gegen *Alternaria dauci*. GFP-Jahrestagung, Abteilung Gemüse, Heil- und Gewürzpflanzen, 05.11.2003, Bonn, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.: Resistance evaluation of *Daucus carota* accessions against *Alternaria dauci* - Final report. Annual meeting of the GenRes 105 project - The future of the European carrot: a programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild relatives, 27.-28.11.2003, Quedlinburg, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.: Morphology, inheritance and mapping of a yellow leaf mutant of carrot *Daucus carota* L., 12th Meeting of the EUCARPIA section of biometrics in plant breeding - Integrated quantitative and molecular genetics in plant breeding, 03.-05.09.2003, Coruna, Spanien, Vortrag
- PANK, F.: Heilkräftige Kräuter aus Feld und Flur. Internationale Gartenbauausstellung (IGA), 07.-08.08.2003, Rostock, Vortrag
- PANK, F.; JUNGHANNS, W.; MEWES, S.: Rohstoffoptimierung für die Herstellung von Thymianfluidextrakt und Thymi herba unter Berücksichtigung der Bedingungen im traditionellen Anbaubereich des Harzvorlandes. Verbundprojekt InnoRegio "Pflanzenbiotechnologie Nordharz-Börde". 13. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion, 25.-26.02.2003, Bernburg, Poster
- PANK, F.; KRÜGER, H.: Sources of variability of thyme populations (*Thymus vulgaris* L.) and conclusions for breeding. The 3rd World Congress on Medicinal and Aromatic Plants for Human Welfare (WOCMAP III), 03.-07.02.2003, Chiang Mai, Thailand, Vortrag
- PANK F.; KRÜGER, H.; PFEFFERKORN, A.: Variabilität agronomischer Merkmale und des Ätherischöl- und Carvacrolgehaltes von Bohnenkrautherkünften (*Satureja hortensis* L.). Tagung Züchtung von Arznei- und Gewürzpflanzen mit antimikrobiellem und antioxidativem Potenzial, 30.10.2003, Quedlinburg, Vortrag
- PANK, F.; PFEFFERKORN, A.; KRÜGER, H.: Variation of the yield and carvacrol content of the essential oil in a collection of summer savory (*Satureja hortensis* L.). 34th Int. Symposium on Essential Oils, ISEO, 07.-10.09.2003, Würzburg, Poster
- PANK, F.; REICHHARDT, I.; OVERKAMP, J.; TRAUTMANN, L.: Genetische und pflanzenbauliche Grundlagen für die Erzeugung von kleinfrüchtigem Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare* Mill.) im traditionellen Anbau von Sachsen-Anhalt. 13. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion, 25.-26.02.2003, Bernburg, Poster
- PANK, F.; SIEBECKE, E.; SPÄTH, K.; OVERKAMP, J.; PFEFFERKORN, A.: Carvacrolhaltige Bohnenkrautextrakte (*Satureja hortensis* L.) für Naturstoffprodukte mit antimikrobieller und antioxidativer Wirkung für Pharmazie, Lebensmittelindustrie und Kosmetik. 13. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion, 25.-26.02.2003, Bernburg, Poster
- PETERKA, H.; BUDAHN, H.; SCHRADER, O.: Erweiterung der genetischen Variabilität bei Porree durch Artkreuzungen. Tagung der AG Gemüse der GPZ, 27.-28.08.2003, Marne, Vortrag
- SCHOLZE, P.: Krankheitsresistenz gegen Kohlhernie, *Alternaria* und *Phoma* bei Kohlgemüse. GFP-Jahrestagung, 05.-06.11.2003, Bonn, Vortrag
- SCHOLZE, P.; JIAN, Y.: In-vitro-studies on the influence of temperature, some herbicides and chemicals on the vitality of resting spores of *Plasmodiophora brassicae* (clubroot). 4. Symp. Phytomedizin und Pflanzenschutz im Gartenbau, 24.09.2003, Wien, Österreich, Vortrag
- SCHRADER, O.: Trisomenanalyse bei Kopfkohl (*Brassica oleracea* L.). GPZ-Tagung der AG Gemüse, 27.-28.08.2003, Marne, Vortrag
- SCHUMANN, G.: Gartenbau und Landwirtschaft - Verantwortung für nachhaltiges Handeln. Symposium der Stiftung Mitteldeutscher Kulturrat Bonn. "Gartenbau und Landwirtschaft aus historischer und aktueller Sicht unter ökonomischen und ökologischen Aspekten", 12.-14.10.2003, Quedlinburg, Vortrag

SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.: Modern breeding technologies and variety development. Seminar der Deutschen Stiftung für internationale Entwicklung. "Organization and management of formal and informal seed programmes", 09.07.2003, Quedlinburg, Vortrag

Institut für Pflanzenanalytik

Institute of Plant Analysis

Quedlinburg

DISTLER, D.; SCHULZ, H.: SPME-GC-Bestimmung flüchtiger Wertkomponenten in Medizinaldrogen und Phytopharmaka. Anakon 2003, 02.-05.04.2003, Konstanz, Poster

DISTLER, D.; SCHULZ, H.: Schnellanalyse flüchtiger Komponenten von Thymian, Kamille und Pfefferminze mittels SPME-GC. Deutscher Lebensmittelchemikertag 2003, 08.-10.10.2003, Münster, Poster

HOBERG, E.; ULRICH, D.: Einführung in die Analysenmethode "Sensorik". Kolloquium im IOZ, 12.03.2003, Dresden-Pillnitz, Vortrag

HOBERG, E.; ULRICH, D.; GOTTWALD, J.; ROSEN, A.; PASCHOLD, P.; MASCHMEIER, H.; WONNEBERGER, C.: Geschmacksbeeinflussende Faktoren bei Spargel (*Asparagus officinalis* L.). 61. Tagung des Arbeitskreises Spargel der Bundesfachgruppe Gemüsebau, 15.-16.09.2003, Rastatt, Vortrag

KRÜGER, H.: Risikosubstanzen in Arznei- und Gewürzpflanzen. 13. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzen, 25.-26.02.2003, Bernburg, Vortrag

KRÜGER, H.: Gesundheitlich bedenkliche Inhaltsstoffe in Arznei- und Gewürzpflanzen. XXXVIII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Die Qualität von Obst und Gemüse: Vom Rohstoff zum Produkt, 13.-14.03.2003, Geisenheim, Vortrag

KRÜGER, H.: Separation of water soluble essential oil components by SPE. 34th Int. Symposium on Essential Oils, ISEO, 07.-10.09.2003, Würzburg, Poster

MANLEY, M.; GRAY, B. R.; JOUBERT, E.; SCHULZ, H.: NIRS: An invaluable tool for the quality control of devil's claw (*Harpagophytum procumbens*). 11th Int. Conference on NIRS. 06.-11.04.2003, Cordoba, Spanien, Poster

PANK, F.; PFEFFERKORN, A.; KRÜGER, H.: Variation of the yield and carvacrol content of the essential oil in a collection of summer savory (*Satureja hortensis* L.). 34th Int. Symposium on Essential Oils, ISEO, 07.-10.09.2003, Würzburg, Poster

PFEFFER, S.; KRÜGER, H.; SCHÜTZE, W.; SCHULZ, H.: Non-destructive prediction of quality parameters in chamomile flowers using NIR spectroscopy. 11th Int. Conference on NIRS, 06.-11.04.2003, Cordoba, Spanien, Poster

QUILITZSCH, R.; HOBERG, E.: Schnelle Bestimmung der Apfelqualität mittels Spektrometrie im Nahen Infrarot (NIR). XXXVIII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Die Qualität von Obst und Gemüse: Vom Rohstoff zum Produkt, 13.-14.03.2003, Geisenheim, Poster

SCHULZ, H.: Rapid analysis of medicinal and aromatic plants by non-destructive vibrational spectroscopy methods. WOCMAP III, 03.-07.02.2003, Chiang Mai, Thailand, Vortrag

SCHULZ, H.: Can NIR replace quantitative methods? 51st Annu. Congress of the Society for Medicinal Plant Research, Workshop: The potential of Near Infrared Spectroscopy as a non-invasive method in the quality control of herbal substances, herbal preparations and herbal medicinal products, 31.08.-04.09.2003, Kiel, Vortrag

SCHULZ, H.: Is it possible to characterise extracts with NIR? 51st Annu. Congress of the Society for Medicinal Plant Research, Workshop: The potential of Near Infrared Spectroscopy as a non-invasive method in the quality control of herbal substances, herbal preparations and herbal medicinal products, 31.08.-04.09.2003, Kiel, Vortrag

SCHULZ, H.: Application of vibrational spectroscopy methods (NIR, IR, Raman) for antioxidant research. 4th Int. Advanced Course on Chemistry and Biochemistry of Antioxidants, 23.-29.11.2003, Wageningen, Niederlande, Vortrag

- SCHULZ, H.; BARANSKA, M.; POPP, J.; RÖSCH, P.: In vivo mapping of essential oil plants by micro Raman spectroscopy. 34th Int. Symposium on Essential Oils, ISEO, 07.-10.09.2003, Würzburg, Poster
- SCHULZ, H.; BELZ, H.-H.; RÖSCH, P.; POPP, J.: Chemotaxonomic characterization of essential oil plants by vibrational spectroscopy measurements. ICAVS-2, 01.-03.09.2003, Nottingham, Großbritannien, Poster
- SCHULZ, H.; PFEFFER, S.: Calibration transfer applied for selected medicinal plants using the Shenk-Westerhaus algorithm. 11th Int. Conference on NIRS, 06.-11.04.2003, Cordoba, Spanien, Poster
- SCHULZ, H.; PFEFFER, S.; STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: Determination of valuable alkaloids in poppy capsules by NIR reflectance spectroscopy. 11th Int. Conference on NIRS, 06.-11.04.2003, Cordoba, Spanien, Poster
- STORSBERG, J.; SCHULZ, H.; KELLER, E. R. J.: Chemotaxonomische Klassifizierung von Allium-Wildtypen anhand der Profile ihrer flüchtigen Schwefelkomponenten. XXXVIII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) DGQ e. V., Die Qualität von Obst und Gemüse: Vom Rohstoff zum Produkt, 13.-14.03.2003, Geisenheim, Poster
- STORSBERG, J.; SCHULZ, H.; KELLER, E. R. J.; KEUSGEN, M.: Chemical characterization of some interspecific hybrids of the genus Allium in comparison to their parental species. 34th Int. Symposium on Essential Oils, ISEO, 07.-10.09.2003, Würzburg, Poster
- ULRICH, D.; HOBERG, E.: Qualitätsforschung an der BAZ - Analyse der sensorischen Qualität in der Pflanzenzüchtung. Tagung der Zukunftsstiftung Landwirtschaft, 25.01.2003, Kassel u. Kolloquium im IOZ, 12.03.2003, Dresden-Pillnitz, Vortrag

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof

Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof

Sieboldingen

- AGRAWAL, D. C.; EIBACH, R.; ZYPRIAN, E.: A study of genetic diversity within the population of *Vitis aestivalis* through SSR markers. National Symposium on Plant Biotechnology, University of Rajasthan, Jaipur, Indien, 17.-19.02.2003, Rajasthan, Jaipur, Indien, Poster
- AKKURT, M.; ZYPRIAN, E.: Charakterisierung und Konversion von *Uncinula necator* (Echter Mehltau) Resistenzmarkern. Tagung der AG Obst/Gehölze der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung, 09.-10.09.2003, Sieboldingen, Vortrag
- BORNHOFF, B.-A.; HARST, M.: Monitoring einer Freisetzungsfäche. GPZ-Tagung AG Obst und Gehölze, 10.09.2003, Sieboldingen, Vortrag
- BORNHOFF, B.-A.; HARST, M.; TÖPFER, R.: Transgenic grapevines as a tool for monitoring outcrossings. European Science Foundation Congress "Introgression of GMP into wild relatives and its consequences", 21.-24.01.2003, Amsterdam, Niederlande, Poster
- DETTWEILER, E.: Die genetischen Ressourcen der Rebe: Sammlung, Erhaltung und Bewertung als Quelle für zukünftige Züchtungsarbeiten. Seminar für Erhaltungszüchter, Rebveredler und Winzer, Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt, Fachbereich Rebenzüchtung, 06.02.2003, Alzey, Vortrag
- DETTWEILER, E.: Die sehr alte Rebsorte Weißer Heunisch und ihre zum Teil berühmt gewordenen Kinder wie Chardonnay. Gesprächsrunde am Institut für Rebenzüchtung, 27.03.2003, Sieboldingen, Vortrag
- DETTWEILER, E.: Genes 081 a basis for the preservation and utilisation of the *Vitis* genetic resources. Tagung der ECP/GR *Vitis* Arbeitsgruppe, 12.-14.06.2003, Palic, Serbien, Vortrag
- DETTWEILER, E.: Harmonisation of IPGRI, OIV and UPOV descriptors for *Vitis*. Tagung der ECP/GR *Vitis* Arbeitsgruppe, 12.-14.06.2003, Palic, Serbien, Vortrag
- DETTWEILER, E.: Presentation of the German national collection at the Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof. Tagung der ECP/GR *Vitis* Arbeitsgruppe, 12.-14.06.2003, Palic, Serbien, Vortrag
- DETTWEILER, E.: The European *Vitis* database. Status quo. Part I: Passport descriptor data. Part II: Characterisation and evaluation data. Tagung der ECP/GR *Vitis* Arbeitsgruppe, 12.-14.06.2003, Palic, Serbien, Vortrag

- DETTWEILER, E.: The Vitis genetic resources. General approach. Situation in Germany. Tagung der ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe, 12.-14.06.2003, Palic, Serbien, Vortrag
- DETTWEILER, E.: Synonymy, homonymy and misnaming, obstacles for an international network on the conservation of Vitis germplasm in Europe. Tagung der ECP/GR Vitis Arbeitsgruppe, 14.-16.06.2003, Palic, Serbien, Vortrag
- DÜRING, H.: Untersuchungen zur Trockenresistenz bei Reben. Tagung GPZ-AG Obst/Gehölze, 09.-10.09.2003, Geilweilerhof, Siebeldingen, Vortrag
- EIBACH, R.: Neue pilzwiderstandsfähige Neuzüchtungen des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof. Bioland-Tagung, 28.01.2003, St. Martin, Vortrag
- EIBACH, R.: Regent - Eine Alternative für die Zukunft? Verband Rheinhessischer Rebveredler, 04.02.2003, Wallertheim, Vortrag
- EIBACH, R.: Regent - eine alternative Rotweinsorte? Mitgliederversammlung Weinbauversuchsring Rheinhessen e. V., 20.02.2003, Oppenheim, Vortrag
- EIBACH, R.: Untersuchungen zur Vererbung von Aromakomponenten im Most. 42. Arbeitstagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus bei der DLG, 08.05.2003, Weinsberg, Vortrag
- EIBACH, R.: Bericht zur EU-Studie "Study on the use of the varieties of interspecific vines". 42. Arbeitstagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus bei der DLG, 08.05.2003, Weinsberg, Vortrag
- EIBACH, R.: Anthropogene Schaderreger im Weinbau und Strategien zu ihrer Kontrolle. Symposium "Bedrohung der biologischen Vielfalt durch invasive gebietsfremde Arten", 20.-21.05.2003, Braunschweig, Vortrag
- EIBACH, R.: Current state and future perspectives of resistance and quality breeding in grapes. 17th ISHS Int. Symposium on Grapevine, 30.06.-02.07.2003, Lissabon, Portugal, Vortrag
- EIBACH, R.: Report about the grapevine breeding programme at Institut for Grapevine breeding Geilweilerhof. North America Grape Breeders Meeting, 26.-29.08.2003, Vineland, Kanada, Vortrag
- EIBACH, R.; TÖPFER, R.: Pilzwiderstandsfähige Rebsorten: Stand und Perspektiven. Tagung GPZ-AG Obst/Gehölze, 09.-10.09.2003, Geilweilerhof, Siebeldingen, Vortrag
- HARST, M.: Pilzresistenter Riesling durch Gentransfer? Seminar Kath. Frauenbund "Einsatz von transgenen Pflanzen in der landwirtschaftlichen Produktion", 03.09.2003, Siebeldingen, Vortrag
- HARST, M.: Rebeneltern und ihre Kinder - Züchtung, Wissenschaft und Wein. Weinbruderschaft Baden-Württemberg e. V., Weinbruderschaft zu Köln e. V., 10.05.2003 u. 16.10.2003, Siebeldingen und Köln, Vortrag
- HARST, M.: Riesling mit dem Prädikat "gentechnisch verändert" - Gentechnik im Weinbau. Gymnasiallehrerfortbildung der Evangelischen Akademie Speyer, 05.11.2003, Siebeldingen, Vortrag
- HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Optimierte Vektoren für die Herstellung transgener Pflanzen ohne unerwünschte Sequenzen. BMBF-Statusseminar 2003 - Sicherheitsforschung und Monitoring, 01.04.2003, Hannover, Vortrag
- HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: New binary vectors. ESF-Workshop: New science for increasing biosafety of GM plants, 08.-12.03.2003, Biologische Bundesanstalt, Braunschweig, Vortrag
- JUNG, A.: Charakterisierung und Identifikation von Reben mittels Mikroanalyse. Kolloquien Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz im WS 2003/2003 des Instituts für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz, Universität Halle, 12.02.2003, Halle, Poster
- JUNG, A.: Historische Weinberge bei Heidelberg. FDW-Tagung, 08.05.2003, Weinsberg, Vortrag
- JUNG, A.: Investigations into the general comparability of microsatellite data for grapevine variety characterization. Results of a comparative study by 10 intern. Partners. Tagung der ECP/GR Arbeitsgruppe, 12.-14.06.2003, Palic, Serbien, Poster
- JUNG, A.: Steps towards a central European Database for standardized grapevine microsatellite profiles. Tagung der ECP/GR Arbeitsgruppe, 12.-14.06.2003, Palic, Serbien, Poster

- JUNG, A.: Untersuchungen zur generellen Vergleichbarkeit von Mikrosatellitendaten für Rebsortencharakterisierung, Ergebniss einer vergleichenden Studie mit 10 int. Partnern. 46. Rebenzüchtertagung, 12.09.2003, Siebeldingen, Vortrag
- JUNG, A.: Rebsortenvielfalt in alten Weinbergen, Ergebnisse einer Feldstudie. Tagung der GPZ-AG 5, 20.-21.11.2003, Göttingen, Vortrag
- JUNG, A.; DETTWEILER, E.: Rebengenetische Ressourcen in alten Weinbergen an der Badischen Weinstraße. 42. Arbeitstagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus bei der DLG, 08.05.2003, Weinsberg, Poster
- JUNG, A.; MAUL, E.: Genetische Ressourcen in alten wurzelechten Weinbergen. Tagung GPZ-AG Obst/ Gehölze, 09.-10.09.2003, Geilweilerhof, Siebeldingen, Vortrag
- MAUL, E.: Bericht zur Tagung der ECP/GR Arbeitsgruppe Vitis in Palic, Jugoslavien, vom 12.-14.06.2003. 46. Rebenzüchtertagung, 12.09.2003, Institut für Rebenzüchtung Siebeldingen, Vortrag
- MOSER, C.; SEGALA, C.; GATTO, P.; PINDO, M.; FONTANA, P.; ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R.; VELASCO, R.: Analysis of a large collection of expressed sequence tags from different grape tissues. Plant and Animal Genome Conference XI, 11.-15.01.2003, San Diego, USA, Vortrag u. Poster
- SALAKHUTDINOV, I.; FISCHER, B.; AKKURT, M.; EIBACH, R.; TÖPFER, R.; ZYPRIAN, E.: Comparative molecular mapping of fungal disease resistance factors in segregating populations of grapevine. Array User Meeting des RZPD, 14.-16.05.2003, Heidelberg, Poster
- SEGALA, C.; FAES, G.; SALMASO, M.; MOSER, C.; STEFANINI, M.; SALAKHUTDINOV, I.; ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R.; GRANDO, S.; VELASCO, R.: Highlight on SNPs detection methods in grapevine. Plant and Animal Genome Conference XI, 11.-15.01.2003, San Diego, USA, Vortrag
- STOLL, C.; ZARHLOUL, M. K.; HAUSMANN, L.; SYRING-EHEMANN, A.; SPENER, F.; TÖPFER, R.; FRIEDT, W.; LÜHS, W.: Genetic engineering of stearate and medium-chain fatty acid content in oilseed rape (*Brassica napus* L.). 1st European Symposium on Plant Lipids, 10.-13.09.2003, Aachen, Poster
- TÖPFER, R.: Fortschritte in der Züchtung pilzresistenter Rebsorten. Universität Hamburg, Zentrum für Angewandte Molekularbiologie der Pflanze, Seminar, 15.01.2003, Hamburg, Vortrag
- TÖPFER, R.: Status and recent development in grapevine breeding and breeding research of the Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof. Grapevine Meeting of the National Center of Competence in Research, Plant Survival, Université Neuchatel, 10.-11.02.2003, Neuchatel, Schweiz, Vortrag
- TÖPFER, R.: Grapevine breeding - from the crossings to the wine. Technical Know How-Meeting FUCHS, 07.04.2003, Bad Dürkheim, Vortrag
- TÖPFER, R.: Vorstellung von "GenoVitis". 42. Arbeitstagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus bei der DLG, 08.05.2003, Weinsberg, Vortrag
- TÖPFER, R.: Current state of grape breeding at Geilweilerhof. NCCR Plant Survival - Annual Conference, 17.09.2003, Neuchatel, Schweiz, Vortrag
- TÖPFER, R.; SALAKHUTDINOV, I.; FISCHER, B.; KORTEKAMP, A.; KÖGLMEIER, W.; HAUSMANN, L.; EIBACH, R.; ZYPRIAN, E.: Genome based approaches to identify important traits in grapevine. Sitzung der Expertengruppe "Rebenzüchtung" des Office International de la Vigne et du Vin, Paris, 16.06.2003, Paris, Frankreich, Vortrag
- ZYPRIAN, E.: Vergleichende Genkartierung der Weinrebe zur Analyse züchterisch wichtiger Eigenschaften, 42. Arbeitstagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus bei der DLG, 08.05.2003, Weinsberg, Vortrag
- ZYPRIAN, E.: Genomanalyse an der Weinrebe. Tagung der AG Obst/Gehölze der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung, 09.-10.09.2003, Siebeldingen, Vortrag
- ZYPRIAN, E.: Molekulare und genetische Charakterisierung der Pilzresistenz der Weinrebe. 46. Rebenzüchtertagung, 12.09.2003, Siebeldingen, Vortrag
- ZYPRIAN, E.; EIBACH, R.; TÖPFER, R.: Comparative molecular mapping of fungal resistance and agronomic traits in segregating populations of grapevine. Plant and Animal Genome Conference XI, 11.-15.01.2003, San Diego, USA, Vortrag u. Poster

XI. Lehrtätigkeit

Academic Teaching

Institut für Zierpflanzenzüchtung **Institute of Ornamental Plant Breeding** **Ahrensburg**

Universität Hannover	PD Dr. habil. T. Debener	"Pflanzliche Molekulargenetik", Praktikum
Universität Hannover	Univ. Prof. Dr. habil. J. Grunewaldt	"Spezielle Gartenbauliche Pflanzenzüchtung", Vorlesung

Institut für Epidemiologie und Resistenz **Institute of Epidemiology and Resistance** **Aschersleben**

Universität Gießen	PD Dr. F. Ordon	"Pflanzenzüchtung" Bachelor Pflichtmodul
--------------------	-----------------	--

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik **Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics** **Aschersleben**

Universität Halle	Dr. habil. T. Kühne	"Phytopathologie und Pflanzenschutz - Virose", Vorlesung
-------------------	---------------------	---

Institut für Obstzüchtung **Institute of Fruit Breeding** **Dresden**

Hochschule für Technik und Wirtschaft Dresden	Dr. habil. V. Hanke	"Grundlagen der Pflanzenzüchtung", Vorlesung
Technische Universität Dresden	Dr. habil. V. Hanke	"Pflanzliche Zell- und Gewebekultur", Vorlesung und Übung
Hochschule für Technik und Wirtschaft Dresden	Dr. rer. hort. K. Olbricht	"Angewandte Pflanzenzüchtung", Vorlesung

Institut für landwirtschaftliche Kulturen **Institute of Agricultural Crops** **Groß Lüsewitz**

Universität Greifswald	Dr. K. Sonntag	"Pflanzliche Zell- und Gewebekultur", Vorlesung
------------------------	----------------	---

Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials
 Groß Lüsewitz

Universität Rostock	Prof. Dr. habil. W. Flamme	"Biotechnologie bei Pflanzen - Überblick und analytische Methoden, Gentechnikgesetz, Freisetzung, GVO" Vorlesung
Universität Rostock	DCh G. Jansen	"Biotechnologie bei Pflanzen - Biochemische, physikalische und chemische Analysenmethoden", Vorlesung
Universität Rostock	Dr. H.-U. Jürgens	"Biotechnologie bei Pflanzen - Biochemische, physikalische und chemische Analysenmethoden", Vorlesung
Universität Rostock	Dr. S. Seddig	"Biotechnologie bei Pflanzen - Markergestützte Selektion", Vorlesung
Universität Rostock	Dr. C. Balko	"Biotechnologie bei Pflanzen - In-vitro-Techniken", Vorlesung
Universität Rostock	Dr. C. Wegener	"Biotechnologie bei Pflanzen - Genisolation und -transformation", Vorlesung

Institut für gartenbauliche Kulturen
Institute of Horticultural Crops
 Quedlinburg

Martin-Luther-Universität Halle	PD Dr. habil. F. Pank	"Arznei- und Gewürzpflanzen", Vorlesung
---------------------------------	-----------------------	---

Institut für Pflanzenanalytik
Institute of Plant Analysis
 Quedlinburg

Technische Universität Braunschweig	Dr. H. Schulz	"Chemie und Technologie von Obst und Gemüse", Vorlesung
-------------------------------------	---------------	---

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof
 Siebeldingen

Universität Gießen	Dr. habil. R. Töpfer	"Gentechnik in der Pflanzenzüchtung", Vorlesung
Universität Hohenheim	Prof. Dr. H. Düring	"Weinbau in den Tropen und Subtropen", Vorlesung "Wasserhaushalt und Gaswechsel der Rebe", Praktikum "Biologie der Kulturpflanze", Großpraktikum
Universität Karlsruhe	PD Dr. E. Zyprian	"Grundlagen der Molekularen Genetik", Vorlesung "Zellbiologisches Praktikum"

XII. Gastwissenschaftler - Ausland

Foreign Guest Scientists

Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

Salah Din Hassan Khattab	Dept. of Horticulture, Suez Canal University, Ismailia, Ägypten, 04/2000-03/2004
Qi Tian	Shanghai Research Institute of Gardenplant, Shanghai, China, 03/2003-12/2003
Zhang Chunying	Shanghai Research Institute of Gardenplant, Shanghai, China, 03/2003-09/2003
Prof. Dr. Nilgün Göktürk Baydar	University of Süleyman Demirel, Isparta, Türkei, 07/2003-09/2003
Prof. Dr. Hasan Baydar	University of Süleyman Demirel, Isparta, Türkei, 07/2003-09/2003

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics Aschersleben

Dr. Rossitza Rodeva	Bulgarian Academie of Sciences, Inst. of Genetics, Acad. D. Kostoff, Sofia, Bulgarien, 07-08/2002
Lena Sirlova	Research Institute of Crop Production, Division of Plant Medicine Prague, CSSR 03/2003

Institut für Epidemiologie und Resistenzressourcen Institute of Epidemiology and Resistance Resources Aschersleben

Dr. Olga Afanasenko	All Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland, 03-04/2003
Dr. Maria Csösz	Cereal Research non-profit Company, Szeged, Ungarn, 06/2003
Lidia Golka	Institute of Plant Genetics, Poznan, Polen, 11-12/2003
Dr. Elena Gulyaeva	All Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland, 10-11/2003
Dr. Olga Mironenko	All Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland, 03-04/2003
Prof. Riens Niks	Department of Plant Breeding, Wageningen, The Netherlands, 02/2003
Lenka Širlová	Research Institute of Crop Production, Prague-Ruzyne, Czech Republic, 03/2003
Dr. Richard Pickering	Institute for Crop & Food Research, Christchurch, Neuseeland, 06-07/2003
Dr. Elena Timofeyeva	All Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland, 11/2003
Mirosław Tyrka	Institute of Plant Genetics Poznan, Polen, 08-09/2003
Dr. Willy Wenzel	Agricultural Research Council, Grain Crops Institute, Potchefstroom, South Africa, 06/2003

**Genbank
Gene Bank
Braunschweig**

Dr. Igor Loskutov

N.I. Vavilov Institute of Plant Industry, St. Petersburg, Russland, 11-12/2003

**Institut für Obstzüchtung
Institute of Fruit Breeding
Dresden-Pillnitz**

Matthew Culler

University of Minnesota, St. Paul, USA, 10/2003-11/2003

Tasimbora Amos Mmari

Regierungspraktikantin, Tansania, 09/2003

Karen Russel

Horticultural Research International, Plant Breeding and Biotechnology
Department, East Malling, Großbritannien, 06/2003

Marijke Steenackers

Institute for Forestry and Gene Management, Geraardsbergen, Belgien, 07/2003

Maria Angeles Vicent Pérez

Universidad Politecnica de Valencia, Valencia, Spanien, 10/2003-12/2003

Dr. Z. Rozsnyay

Research Institute for Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, 11/2003

Dr. Barbara Reed

National Clonal Germplasm Repository, Corvallis, USA, 09/2003

Beatriz Pintos

CIFOR-INIA, Madrid, Spanien, 09/2003

**Institut für landwirtschaftliche Kulturen
Institute of Agricultural Crops
Groß Lüsewitz**

Olga Antonova

N.I. Vavilov Institut für Pflanzenproduktion, St. Petersburg, Russland, 06-08/2003

Dr. Tatjana Gavrilenko

N.I. Vavilov Institut für Pflanzenproduktion, St. Petersburg, Russland, 06-09/2003

Dr. Changyuan Hu

Plant Variety Protection Office, Development Center for Science and Technology,
Ministry of Agriculture, Beijing, China, 07/2003

Dr. Anatoly Voylokov

Universität St. Petersburg, Biological Scientific Reseach Institute, St. Petersburg,
Russland, 11/2003

Prof. Dr. Sayed Fathey
El-Sayed

Vegetable Crops Department, Faculty of Agriculture, Cairo University, Giza ,
Egypt, 08-10/2003

**Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials
Groß Lüsewitz**

Dr. Nataliya Krynychna

All-Russian N. I. Vavilov Institute of Plant Industry, St. Petersburg, Russland,
09/2003-11/2003

**Institut für gartenbauliche Kulturen
Institute of Horticultural Crops
Quedlinburg**

Carlos Marcelo Baeza Perry

Alexander v. Humboldt-Stiftung, Chile, 03/2003-02/2004

Magdalena Simlat	Krakow Agricultural University, Dept. of Genetics, Plant Breeding and Seed Science, Krakow, Polen, 10/2002-07/2003
Prof. Liu Fan	Beijing Vegetable Research Centre, Beijing, China, 10/2002-03/2003
Xenia Kromina	Allrussisches Institut für Phytopathologie Golitsino, Moskauer Distrikt, Russland, 01/2003-05/2003
Dang Thi Van	Research Institute of Fruits and Vegetables, Hanoi, Vietnam, 02/2003-02/2004
Prof. Jian Yuancai	Beijing Vegetable Research Centre, Beijing, China, 11/2002-02/2003
Shao Song Zhang	Biotechnology Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming, China, 09/2002-03/2003
Ding Yunhua	Beijing Vegetable Research Centre, Beijing, China, 08/2003-02/2004
Dr. Rafal Baranski	Krakow Agricultural University, Dept. of Genetics, Plant Breeding and Seed Science, Krakow, Polen, 08/2003-12/2003

Institut für Pflanzenanalytik Institute of Plant Analysis Quedlinburg

Prof. Christophora Hanny Wijaya	Bogor Agricultural University, Bogor, Indonesien, 07/2003-08/2003
Dr. Reni Lestari	Bogor Agricultural University, Bogor, Indonesien, 4/2003 und 11/2003

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof Siebeldingen

Murat Akkurt	Universität Ankara, Ankara, Türkei, 01/2001-12/2004
Prof. Dr. Dinesh Ch. Agrawal	CSIR National Chemical Laboratory, Pune, Indien, 9/2003-12/2003
Dr. Todorka Slavtcheva	DAAD, Bulgarien, 06/2003-08/2003
Prof. Teimuraz Ortoidze	Institut für Weinbau, Tbilisi, Georgien, 06/2003-08/2003

Die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen im Internet

www.bafz.de

Hier finden Sie neben ständig aktuellen Informationen zu den Aktivitäten und allen Struktureinheiten der BAZ eine vollständige Übersicht der E-Mail-Adressen der Mitarbeiter.

The Internet address of the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants

www.bafz.de

Here you find up-to-date information about BAZ activities, a survey of the organizational units and a complete list of the staff's e-mail addresses.

Der Jahresbericht der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ)

erscheint in eigener Redaktion im Selbstverlag

Neuer Weg 22/23, D-06484 Quedlinburg

Fernruf: (03946) 4 70

Telefax: (03946) 4 72 02

e-mail: bafz-al@bafz.de

Fotos soweit nicht anders vermerkt, Institute und Bildstelle der BAZ

Herausgegeben von der Anstaltsleitung der BAZ, März 2004

Druck: KOCH-DRUCK Halberstadt

ISSN 0948-745X

Gedruckt auf chlorfrei gebleichtem Papier

Geographische Verteilung der Standorte



Geographic Location of BAZ Institutes

