

**Bundesanstalt für Züchtungsforschung  
an Kulturpflanzen**

**Federal Centre for Breeding Research on  
Cultivated Plants**

**Ahrensburg • Aschersleben • Braunschweig • Dresden-Pillnitz**

**Groß Lüsewitz • Quedlinburg • Siebeldingen**

**Jahresbericht 2002  
Annual Report**

**Bundesanstalt für Züchtungsforschung  
an Kulturpflanzen**

**Federal Centre for Breeding Research on  
Cultivated Plants**

**Ahrensburg • Aschersleben • Braunschweig • Dresden-Pillnitz**

**Groß Lüsewitz • Quedlinburg • Siebeldingen**

**Jahresbericht 2002  
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 384 planmäßig Beschäftigten sind 76 als Wissenschaftler tätig; dazu kommen in allen personellen Bereichen 75 Mitarbeiter mit zeitlich befristeten Aufgaben. Darüber hinaus qualifizieren sich 32 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 384, 76 of whom are scientists. The permanent staff is complemented by 75 employees working on short-term contracts. In addition, 32 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

- Entwicklung von Strategien zur Kompensation der Wirkung umweltbedingter Schadfaktoren
- Förderung des konventionellen und ökologischen Landbaus
- Bewertung von Chancen und Risiken neuer Technologien in der Züchtung
- development of strategies to compensate for the effects of factors harmful to the environment
- promotion of conventional and organic farming
- assessment of the chances and risks of new technologies in plant breeding

Daraus resultieren folgende Forschungsaufgaben:

These objectives include the following main areas of research:

### **1. Erhöhung der Resistenz der Kulturpflanzen gegen biotische Schadfaktoren**

- Erforschung morphologischer, biochemischer, physiologischer und molekularer Resistenzursachen
- Erfassung und Nutzung der genetischen Diversität der Resistenz
- Epidemiologische Untersuchungen einschließlich Virulenzanalyse
- Entwicklung von Methoden zur Selektion auf Krankheitsresistenz
- Entwicklung von Strategien für das nachhaltige Management von Resistenzeigenschaften

### **1. Improvement of crop resistance to pathogens and pests**

- Investigation of the morphological, biochemical, physiological and molecular basis of disease resistance
- Analysis and use of the genetic diversity in resistance
- Epidemiological investigations including the determination of virulence
- Development of methods to improve the selection of plants for disease resistance
- Development of strategies for a sustainable management of resistance traits

### **2. Verbesserung der Widerstandsfähigkeit der Kulturpflanzen gegen abiotischen Stress**

- Erforschung morphologischer, physiologischer, biochemischer und molekularer Ursachen der Stresstoleranz
- Identifizierung von Genen für die Stresstoleranz
- Züchtungsforschung zur Verbesserung der Nährstoffeffizienz und Leistungsfähigkeit
- Entwicklung von Methoden zur Selektion auf Stresstoleranz

### **2. Improvement of crop resistance to abiotic stress**

- Investigation of the morphological, physiological, biochemical and molecular basis of stress tolerance
- Identification of genes with relevance to stress tolerance
- Breeding research to improve the efficiency of crops in using nutrients and to enhance plant performance
- Development of methods to improve the selection of plants for stress tolerance

### **3. Verbesserung der Produktqualität**

- Aufklärung der physiologischen, biochemischen und genetischen Grundlagen der Bildung wertgebender Inhaltsstoffe
- Analyse kulturartenspezifischer Qualitätsmerkmale
- Untersuchung qualitätsbestimmender Aspekte im Zusammenhang mit der technologischen Verarbeitung von Agrarprodukten
- Entwicklung von Methoden für die Selektion qualitätsbestimmender Merkmale
- Evaluierung genetischer Ressourcen und Identifizierung von Genen für Qualitätsmerkmale
- Bewertung der Veränderungen des Nahrungs- und Futterwertes

### **3. Improvement of product quality**

- Analysis of the physiological, biochemical and genetic basis responsible for the generation of valuable constituents
- Analysis of crop-specific quality traits
- Investigation of quality traits as regards the technological processing of agricultural products
- Development of methods to improve the selection of plants for quality characteristics
- Evaluation of genetic resources and identification of genes with relevance to quality
- Analysis of changes in the nutritional and feeding value

- |   |  |
|---|--|
| <p><b>4. Erweiterung der Vielfalt im Agroökosystem durch Züchtung</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Entwicklung von Kriterien und Methoden zur Messung der geforderten Stoffeigenschaften und Inhaltsstoffe</li> <li>• Entwicklung von Selektionskriterien und -strategien durch Züchtungsforschung</li> <li>• Entwicklung adaptierter Genotypen</li> </ul>  | <p><b>4. Enlargement of the diversity in agricultural ecosystems through breeding</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Development of standards and methods to measure the required properties and constituents of crop plants</li> <li>• Development of selection criteria and strategies through breeding research</li> <li>• Development of adapted genotypes</li> </ul>  |
| <p><b>5. Entwicklung von Strategien für die nachhaltige Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Sammlung, Erhaltung, Evaluierung, Dokumentation und Bereitstellung ausgewählter genetischer Ressourcen von Baum- und Beerenobstarten und Reben</li> <li>• Entwicklung und Betrieb von Datenbanken und Informationssystemen für genetische Ressourcen</li> <li>• Evaluierung genetischer Ressourcen, Identifizierung und Charakterisierung von merkmalsrelevanten Genen</li> <li>• Entwicklung von geeigneten Züchtungsmethoden</li> <li>• Studien zu Struktur und Dynamik genetischer Diversität</li> <li>• Förderung von Arten- und Formenvielfalt für eine multifunktionale Landwirtschaft</li> </ul> | <p><b>5. Development of strategies for a sustainable use of plant genetic resources</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Collection, conservation, evaluation, documentation and supply of genetic resources of selected top and soft fruit species and grapevine</li> <li>• Development and operation of databases and information systems for genetic resources</li> <li>• Evaluation of genetic resources, identification and characterization of relevant genes</li> <li>• Development of suitable breeding methods</li> <li>• Studies on the structure and dynamics of genetic diversity</li> <li>• Measures to foster a broad range of species and intraspecific diversity for the benefit of a multifunctional agriculture</li> </ul> |
| <p><b>6. Züchterische Bearbeitung von Baum- und Beerenobstarten sowie Rebe</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Züchtung von Baum-, Beerenobst- und Rebsorten mit hoher Resistenz gegen die wichtigsten Krankheiten und Schädlinge sowie gegen abiotischen Stress</li> <li>• Sicherung und Verbesserung der Produktqualität und Ertragssicherheit</li> <li>• Züchtung und Prüfung neuer Obstunterlagen</li> <li>• Verbesserung der Züchtungseffizienz</li> <li>• Unterhaltung und Pflege der nationalen Genbanken für Obst und Rebe</li> <li>• Dokumentation der Weinbauforschung</li> </ul>  | <p><b>6. Breeding of top and soft fruit species and grapevine</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Breeding of top fruit, soft fruit and grapevine varieties with high resistance to important diseases, pathogens and abiotic stress</li> <li>• Securing and improvement of product quality and yield</li> <li>• Breeding and testing of new fruit rootstocks</li> <li>• Improvement of the efficiency in breeding</li> <li>• Maintenance and management of the national fruit and grapevine genebanks</li> <li>• Documentation of viticultural research</li> </ul>   |

Realisiert werden die Forschungsaufgaben durch

- Institut für Zierpflanzenzüchtung in Ahrensburg,
- Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik in Aschersleben,
- Institut für Epidemiologie und Resistenz in Aschersleben,
- Institut für Obstzüchtung in Dresden-Pillnitz
- Institut für landwirtschaftliche Kulturen in Groß Lüsewitz,
- Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität in Groß Lüsewitz,
- Institut für gartenbauliche Kulturen in Quedlinburg,
- Institut für Pflanzenanalytik in Quedlinburg,
- Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof in Siebeldingen,
- Arbeitsgruppe Genbank in Braunschweig.

BAZ research is carried out by the

- Institute of Ornamental Plant Breeding at Ahrensburg
- Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics at Aschersleben
- Institute of Epidemiology and Resistance at Aschersleben
- Institute of Fruit Breeding at Dresden-Pillnitz
- Institute of Agricultural Crops at Groß Lüsewitz
- Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials at Groß Lüsewitz
- Institute of Horticultural Crops at Quedlinburg
- Institute of Plant Analysis at Quedlinburg
- Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof at Siebeldingen
- Genebank division at Braunschweig.

## II. Organisation und Personal Organization and Personnel

---

### Anstaltsleitung / Direction

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  
Dr. rer. hort. Frank **Dunemann**, Dipl.-Agraringenieur (ab 01.06.2002 am Institut für Obstzüchtung,  
Dresden-Pillnitz)  
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)  
Mirco **Thiermann**, Dipl.-Biologe (Projekt bis 30.04.2002)  
Annette **Urbanietz**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt bis 30.04.2002)  
Dr. Ingo **Grunwald**, Dipl.-Biologe (Projekt ab 10.06.2002 bis 10.11.2002)

#### 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**, Dipl.-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. rer. nat. Patrick **Supp**, Dipl.-Biochemiker (Projekt ab 01.08.2002)  
Dr. Viktoria **Fomitcheva**, Dipl.-Biologin (Projekt ab 01.08.2001)  
Dr. Dirk **Mattern**, Dipl. Biologe (Projekt bis 30.04.2002)  
Kerstin **Taubenrauch**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt bis 31.12.2002)  
Annette **Kusterer**, Dipl.-Ing. (FH) f. Gartenbau (Projekt bis 15.04.2002)

## 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: Prof. Dr. agr. habil. Gerhard **Proeseler**, Dipl.-Landwirt (bis 31.05.2002)  
PD Dr. agr. Frank **Ordon**, Dipl.-Agraringenieur (ab 01.11.2002)

### Wiss. MitarbeiterInnen/Co-workers:

Dr. rer. nat. Erika **Griesbach**, Dipl.-Biologin (bis 31.03.2002)  
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 Oberrat Dr. agr. Klaus **Richter**, Dipl.-Gartenbauingenieur  
Wissenschaftlicher Direktor Dr. rer. nat. Edgar **Schliephake**, Dipl.-Biologe  
Wissenschaftlicher Direktor Dr. agr. Volker **Lind**, Dipl.-Agraringenieur

Claudia **Paetsch**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt ab 01.06.2002)  
Dr. agr. Klaus **Graichen**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt bis 21.04.2002, verstorben)  
Dr. agr. Hilke **Riemer**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt bis 31.03.2002)  
Annette **Kusterer**, Dipl.-Ing. (FH) f. Gartenbau (Projekt ab 16.04.2002)  
Dr. Natalia **Solovyeva**, Dipl.-Agronom (Projekt ab 08.04.2002 bis 31.12.2002)  
Dr. Irina **Egorova**, Dipl.-Biologin (Projekt ab 08.04.2002 bis 31.12.2002)

## 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  
Konrad **Semmler**, Dipl.-Informatiker (Projekt ab 01.09.2002)  
Andreas **Adler**, Dipl.-Lehrer (Projekt ab 01.09.2002)



## 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 (ab 01.06.2002)  
Prof. Dr. agr. sc. Christa **Fischer**, Dipl.-Landwirtin (bis 30.06.2002)  
Christine **Grafe**, Dipl.-Agraringenieurin  
Wissenschaftliche Direktorin Dr. rer. nat. Monika **Höfer**, Dipl.-Biologin  
Wissenschaftlicher Rat Dr. agr. Mirko **Schuster**, Dipl.-Agraringenieur

Silke **Lesemann**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt ab 01.01.2002)  
Dr. rer. hort. Klaus **Olbricht**, Dipl.-Gartenbauingenieur (ab 01.09.2002)  
Anastassija **Boudichevskaja**, Diplomagronomin (Projekt bis 31.12.2002)  
Nikolai **Boudichevski**, Diplomagronom (Projekt bis 31.12.2002)  
Henryk **Flachowsky**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt ab 01.06.2001)  
Stefanie **Reim**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt ab 01.08.2001)

## 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

Dr. rer. nat. Thomas **Bringezu**, Dipl.-Chemiker (Projekt ab 01.03.2002)  
Jana **Gramenz**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, Projekt)  
Ina **Groeneveld**, Dipl.-Biologin (Projekt bis 31.07.2002)  
Leonhard **Krause**, Dipl.-Biologe (DFG-Projekt ab 10.01.2002)  
Dr. Youping **Wang**, Magister in Biologie (Projekt ab 01.03.2002)

## 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. sc. 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 ab 01.10.2002)

## 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  
PD 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)  
Dr. agr. Albrecht **Pfefferkorn**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt ab 01.11.2002)  
Steffi **Mewes**, Dipl.-Biologin (Projekt ab 01.10.2002)

## 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

Denise **Distler**, staatl. gepr. Lebensmittelchemikerin (AiF-Projekt ab 01.11.2001)  
Katrin **Meilchen**, Dipl.-Ökotrophologin (BMVEL-Bundesprogramm "Ökol. Landbau" ab 01.07.2002)  
Sven **Pfeffer**, Diplomchemiker (FNR-Projekt bis 31.12.2002)  
Dr. rer. nat. Jörg **Storsberg**, Dipl.-Chemiker (BMBF-Projekt ab 01.07.2002)  
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:

Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Erika **Dettweiler-Münch**, Dipl.-Agrarbiologin  
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  
Wissenschaftliche Oberrätin PD Dr. rer. nat. habil. Eva **Zyprian**, Dipl.-Biologin  
Dr. Werner **Köglmeier**, Dipl.-Biologe

Dr. rer. nat. Beatrix-Axinja **Bornhoff**, Dipl.-Biologin (bis 31.08.2003)  
Dr. rer. nat. Jörg **Diefenbach**, Dipl.-Chemiker (bis 30.11.2002)  
Birgitta **Fischer**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, bis 30.05.2002)  
Dr. rer. nat. Ludger **Hausmann**, Dipl.-Biologe (Projekt)  
Andreas **Jung**, Dipl.-Biologe (Doktorand)  
Ilkhom **Salakhutdinov**, Dipl. Biologe (Projekt bis 31.12.2002)  
Diana **Ebersberger**, Dipl.-Geographin (Projekt ab 01.09.2002)  
Dr. Anne **Schmidt-Tiedemann**, Dipl.-Biologin (Projekt ab 01.08.2002)

## 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: bafz-lk@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) 41-172 E-Mail: bafz-rz@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. <b>Flamme</b>	Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Dir. u. Prof. Univ.-Prof. Dr. habil. J. <b>Grunewaldt</b>	Institut für Zierpflanzenzüchtung
Dir.'n u. Prof.'n. Dr. habil. V. <b>Hanke</b>	Institut für Obstzüchtung
Dir. u. Prof. Dr. habil. T. <b>Kühne</b>	Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik
Dir. u. Prof. Dr. habil. M. <b>Neumann</b>	Anstaltsleiter
Prof. Dr. habil. G. Proeseler (bis 31.05.2002)	Institut für Epidemiologie und Resistenz
Dr. F. Ordon (ab 01.11.2002)	
Dir. u. Prof. Dr. G. <b>Schumann</b>	Institut für gartenbauliche Kulturen
Dir. u. Prof. Dr. H. <b>Schulz</b>	Institut für Pflanzenanalytik
Dir. u. Prof. Dr. habil. R. <b>Töpfer</b>	Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
Dir. u. Prof. Priv. Doz. Dr. P. <b>Wehling</b>	Institut für landwirtschaftliche Kulturen

### Zugewählte Mitglieder

#### Elected Members

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

### Ständige beratende Mitglieder

#### Permanent Advisory Members

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

### Ständiger Teilnehmer

#### Permanent Participator:

WissDir Dr. K. <b>Peter</b>	Anstaltsleitung
-----------------------------	-----------------

\* Stand 31. 12. 2002

## Mitglieder des wissenschaftlichen Beirates\* Members of the Scientific Advisory Board

### Vorsitzender Chairman

Prof. Dr. 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  
KWS Kleinwanzlebener Saatucht AG, Einbeck  
Fa. N. L. Chrestensen, Erfurt

Dr. A. **Büchting**

N. L. **Chrestensen**

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 Participators

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

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft,  
Braunschweig

Präsident 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 31. 12. 2002

## Personalvertretungen\* Representations of the Personnel

### Hauptpersonalrat Representative on the BMVEL staff council

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

### Gesamtpersonalrat BAZ Staff Council

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

### Örtliche Personalräte Local Staff Councils

<b>Ahrensburg</b>	Helmut <b>Seehaus</b>	Bornkampsweg 31 <b>22926 Ahrensburg</b>	Tel.: (04102) 802-77 Fax: (04102) 51124
<b>Aschersleben</b>	WissR Dr. H.-Ulrich <b>Leistner</b>	Theodor-Roemer-Weg 4 <b>06449 Aschersleben</b>	Tel.: (03473) 879-160 Fax: (03473) 2709
<b>Dresden-Pillnitz</b>	Reinhild <b>Hofmann</b> (bis 10.12.2002) <b>Barbara Rechenberg</b> (ab 11.12.2002)	Pillnitzer Platz 3a <b>01326 Dresden</b> Pillnitzer Platz 3a <b>01326 Dresden</b>	Tel.: (0351) 26162-26 Fax: (0351) 26162-13 Tel.: (0351) 26162-30 Fax: (0351) 26162-13
<b>Groß Lüsewitz</b>	WissOR Eicke <b>Rudloff</b>	Rudolf-Schick-Platz 3a <b>18190 Groß Lüsewitz</b>	Tel.: (038209) 45-314 Fax: (038209) 45-222
<b>Quedlinburg</b>	Almut <b>Garve</b>	Neuer Weg 22/23 <b>06484 Quedlinburg</b>	Tel.: (03946) 47-256 Fax: (03946) 47-255
<b>Siebeldingen</b>	Ellen <b>Bräutigam</b>	Geilweilerhof <b>76833 Siebeldingen</b>	Tel.: (06345) 41-135 Fax: (06345) 919050

\* Stand 31. 12. 2002

## Personalübersicht 2002 Table of Personnel

Organisationseinheit/Institut	Wissenschaftler			Techn. Angestellte			Verwaltungs- angestellte	Arbeiter	Gesamt
	a)	b)	c)	a)	b)	c)			
<b>Zentrale Quedlinburg</b>									
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
<b>Standort Quedlinburg</b>									
Gemeinschaftliche Einrichtungen				4				9	13
Inst. f. Pflanzenanalytik	8	3		12	2		1	1	27
Inst. f. gartenbauliche Kulturen	12	3		18	5		1	1	40
Institute Quedlinburg Gesamt	20	6		34	7		2	11	80
<b>Genbank Braunschweig</b>									
	2	2		2	2			4	12
<b>Standort Ahrensburg</b>									
Verwaltung							3	4	7
Inst. f. Zierpflanzenzüchtung	4	4		11	3		1	10	33
Ahrensburg Gesamt	4	4		11	3		4	14	40
<b>Standort Aschersleben</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				2			1	9	12
Inst. f. Resistenzforsch.u. Pathogendiagnostik	9	3		15	5		1	2	35
Inst. f. Epidemiologie und Resistenz	8	2		13	9	1	1		34
Aschersleben Gesamt	17	5		30	14	1	3	11	81
<b>Standort Dresden</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				2	1		1	15	19
Inst. f. Obstzüchtung	5	6		13	3		1		28
Dresden Gesamt	5	6		15	4		2	15	47
<b>Standort Groß Lüsewitz</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				1	1		2	15	19
Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen	11	3	1	18	5		2	1	41
Inst. f. Stressphysiologie und Rohstoffqualität	6	1		11	1		1	1	21
Groß Lüsewitz Gesamt	17	4	1	30	7		5	17	81
<b>Standort Grünbach</b>									
Grünbach								1	1
<b>Standort Siebeldingen</b>									
Verwaltung und Gemeinschaftl. Einrichtungen				5			5	17	27
Inst. f. Rebenzüchtung Geilweilerhof	8	6		26	5		1	9	55
Siebeldingen Gesamt	8	6		31	5		6	26	82
<b>BAZ Gesamt</b>	<b>76</b>	<b>33</b>	<b>1</b>	<b>161</b>	<b>42</b>	<b>1</b>	<b>44</b>	<b>103</b>	<b>461</b>

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



### III. Bericht des Anstaltsleiters

#### Director's Report

---

Die im Jahr 2001 durch die Bundesministerin für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft eingeleitete Agrarwende führte auch zu einem Überdenken der Arbeit in der Ressortforschung. Für die Ausrichtung der Forschungsarbeit wurden durch das BMVEL sechs Hauptziele formuliert:

1. Gesundheitlicher Verbraucherschutz durch verbesserte Lebensmittel- und Produktsicherheit;
2. Sicherung und Verbesserung der Produkt- und Prozessqualität bei Lebensmitteln und anderen Produkten;
3. Gesunde Ernährung, Verbesserung des Ernährungsverhaltens und der Ernährungsinformation;
4. Schutz der wirtschaftlichen Interessen der Verbraucher und Verbesserung der Verbraucherinformation;
5. Nachhaltige Land-, Forst- und Fischereiwirtschaft;
6. Perspektiven für Landwirtschaft und ländliche Räume.

An diesen Hauptzielen orientieren sich die Forschungsprojekte der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, die im Auftrag des Bundesministeriums bearbeitet werden. Die Forschungsprojekte sind in einem verbindlichen Forschungsplan zusammengefasst. Der hohe Anteil der BAZ-Arbeiten zur Resistenz und zur Qualität bedingt, dass vor allem die Ziele

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

den Schwerpunkt bilden, ohne den Bezug zu den anderen Zielen zu vernachlässigen. Die Ausführungen zu Punkt IV dieses Berichtes zeigen, dass sich die Schwerpunkte aus der langfristigen Arbeit der BAZ ableiten. Die Besonderheiten des ökologischen Landbaus sind Teil der formulierten Zielsetzungen in der Züchtungsforschung; darüber hinaus sind zusätzlich spezielle Projekte aufgelegt. Bei allen Arbeiten zeigt sich der besondere Wert vorangegangener und fortgeführter Evaluierung genetischer Ressourcen.

Mit der Genbank in Braunschweig ist die BAZ als starker Partner im European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks vertreten und fördert dadurch die fachliche Zusammenarbeit bei der Erhaltung und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft.

Die BAZ-Genbank realisierte ein zentrales EDV-gestütztes Lagerhaltungssystem, dessen konzeptionelle Grundlagen im Rahmen des Gemeinschaftsvorhabens von der bundeszentralen Genbank übernommen werden, so dass sie aufgrund der Vorarbeiten der BAZ künftig über ein modernes, barcode-gestütztes Lagerhaltungssystem verfügt. Das Material der BAZ-Sammlung in Braunschweig wird gegenwärtig planmäßig nach Gatersleben in das IPK überführt.

Zum Ende des Jahres 2002 wurde die Genbank Obst aus dem Bestand des IPK Gatersleben in die BAZ überführt und zum 01.01.2003 in das Institut für Obstzüchtung integriert. Damit übernimmt die BAZ als neue Aufgabe, genetische Ressourcen von Kern-, Stein-, Beeren- und Wildobst zu sammeln, zu erhalten und zu evaluieren. Im Auftrag des BMVEL wird die BAZ künftig die Bundesrepublik Deutschland auf diesem Gebiet vertreten.

International starke Beachtung fand das durch die BAZ am Standort Aschersleben organisierte VII-<sup>th</sup> International Plant Virus Epidemiology Symposium, das vom 12. - 17. Mai 155 Wissenschaftler aus 35 Ländern zusammenführte. Der Leiter des Instituts für Resistenzforschung und Pathogen-diagnostik, Dir. u. Prof. Dr. Kühne, wurde als Mitglied in das Virus Epidemiology Committee der International Society of Plant Pathology aufgenommen.

Zahlreiche Wissenschaftler der BAZ nahmen auch 2002 wiederum an Tagungen im In- und Ausland teil und konnten mit eigenen Beiträgen Ergebnisse der Forschungsarbeit im Ressort darlegen.

Drei Mitarbeiter der BAZ waren zur Bio-Tech-Week nach Hanoi eingeladen, um dort an einem Veranstaltungstag ein gesondertes Seminar abzuhalten.

Im Rahmen der internationalen Kooperation wurden die vereinbarten Arbeiten mit gutem Erfolg weitergeführt und zahlreiche Gastwissenschaftler aufgenommen und betreut. Dem Anhang des Jahresberichtes sind dazu detaillierte Angaben zu entnehmen.

Traditionell hat sich die BAZ auch 2002 im Rahmen der Öffentlichkeitsarbeit wieder in die Gestaltung der Internationalen Grünen Woche eingebracht. Das Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft widmete seine Sonderschau dem Thema „Ökologischer Landbau“, u.a. auch mit einem besonderen Aspekt zur Züchtungsforschung und Züchtung.

An der NAROSSA, einer internationalen Messe zu nachwachsenden Rohstoffen, beteiligte sich die BAZ im Rahmen der InnoPlanta im Schwerpunkt Biotechnologie.



In der Öffentlichkeit gibt es zu den Veranstaltungen ‘Tag der offenen Tür’, ‘Tag der Schüler’, ‘Tag der Lehrer’, die an einzelnen Standorten durchgeführt wurden, ein sehr positives Echo. Aus der Arbeit mit Schülern ging bei „Jugend forscht“ ein Landessieger hervor.

Zum Ende des Jahres 2002 erfolgte eine durchgreifende Änderung in der Bibliotheksarbeit. Auf der Grundlage eines Senatsbeschlusses wurden Verhandlungen mit Verlagen über 262 Abonnements mit 154 verschiedenen Zeitschriftentiteln für das BMVEL-Ressort zum Abschluss gebracht. Somit besteht nun an den Standorten der BAZ die Möglichkeit des unbegrenzten elektronischen Zugriffs auf die Volltexte aller abonnierten online-fähigen Zeitschriften. Für 16 Zeitschriften wurde die BAZ-Bibliothek als Depotbibliothek benannt. Das neue System verbessert an allen Standorten die Bedingungen.

Auf ganz andere Art haben sich am Standort Dresden-Pillnitz die Arbeitsbedingungen verbessert. Am 25.02.2002 erfolgte nach 18-monatiger Bauzeit die Übergabe des neuen Kabinengewächshauses mit einer Nutzfläche von 1.550 m<sup>2</sup>. Für die gesamte Baumaßnahme einschließlich des Funktionsgebäudes investierte der Bund 4.188 Mio €.

Das Elbehochwasser im August verschonte den Gewächshausneubau; die Flutwelle machte wenige Zentimeter davor halt. In das Institutsgebäude drang Wasser in die Kellerräume ein; das Material konnte aber rechtzeitig geborgen werden, so dass keine wesentlichen Schäden eintraten. Das Zucht-

feld war zeitweise überstaut; zahlreiche freiwillige Arbeitseinsätze der BAZ-Mitarbeiter halfen, es sehr schnell wieder in Ordnung zu bringen.

Für das Baugeschehen in Quedlinburg konnte eine vorbereitende Etappe mit der archäologischen Untersuchung des Baugeländes abgeschlossen werden. Mängel in der Bauplanung haben jedoch den Baubeginn im Jahr 2002 verhindert.

Mit ersten Untersuchungen in Hinblick auf einen Neubau wurde auch am Standort Groß Lüsewitz begonnen.

Das Jahr 2002 brachte im Leitungsbereich der Institute personelle Veränderungen. Herr Prof. Dr. Proeseler, Leiter des Instituts für Epidemiologie und Resistenz, wurde zum 30.5.2002 unter Beteiligung zahlreicher Gäste in den Ruhestand verabschiedet. An seine Stelle trat Herr PD Dr. Frank Ordon, der zum 01.11.2002 als Leiter des Instituts berufen wurde.

Für das Institut für gartenbauliche Kulturen konnte das Berufungsverfahren erfolgreich abgeschlossen werden. Herr Dir. und Prof. Dr. Schumann wurde am 11.10.2002 zum Leiter des Instituts berufen.

Im Jahr 2002 wurde die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen 10 Jahre alt. In einem Festakt am 24. April konnte im Festsaal des Quedlinburger Rathauses eine erfolgreiche Bilanz gezogen werden. Zahlreiche Persönlichkeiten aus Wissenschaft und Politik nahmen an diesem Ereignis teil. Herr Parlamentarischer Staatssekretär Dr. Thalheim würdigte stellvertretend für Frau Bundesministerin Künast die Entwicklung der BAZ und sprach gute Wünsche für weitere Erfolge in der Zukunft aus.

Mit ihrer Arbeit des Jahres 2002, deren Ergebnisse im vorliegenden Jahresbericht skizziert sind, schaffen die Mitarbeiter der BAZ dazu weitere Grundlagen.

The turnaround in the national agricultural policy, initiated in the year 2001 by the Federal Minister for Consumer Protection, Food and Agriculture has been more strongly reflected in the Ministry's research programme. For the reorientation of research, the Federal Ministry formulated six main objectives:

1. Preventive consumer health protection through enhanced food and product safety
2. Assurance and improvement of product and processing quality of food and other products
3. Healthy nutrition, promotion of information and education as regards food and diet
4. Protection of consumers' economic interests and enhancement of consumer information
5. Sustainable agriculture, forestry and fishery
6. Prospects for agriculture and rural development

These objectives are guidelines for the research conducted in the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ). BAZ research projects are co-ordinated with the Federal Ministry and integrated into a binding scheme of interdepartmental research tasks. Since a major part of the projects is concerned with plant resistance and quality, BAZ research focuses on the following priorities without disregarding the other 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 research results compiled under chapter IV show that the priorities are rooted in the long-term commitment of BAZ. The particularities of ecological farming systems are an integral part of the BAZ programme in breeding research and, in addition, specific projects have been launched in this field. However, all activities demonstrate the special value of previous and ongoing evaluations of plant genetic resources.

With its genebank in Braunschweig, the BAZ is a strong partner in the European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks and, thus, supports the cooperation in the field of conservation and utilization of plant genetic resources for food and agriculture.

The BAZ genebank has developed a central computerized storage system of plant genetic resources. The basic structures of this system will be adopted by the federal central genebank which is now being set up by uniting the collections of the two major crop plant genebanks. Due to the preparatory work of BAZ, the future central genebank will be in a position to benefit from a sophisticated, barcode-assisted storage system. The plant material in the BAZ collection in Braunschweig is currently being transferred to the genebank of the Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) in Gatersleben as scheduled.

At the end of the year 2002, the IPK genebank of fruit resources was transferred to the BAZ and integrated into the Institute of Fruit Breeding on 01 January 2003. Hence, the BAZ is now being charged with the task of collecting, preserving and evaluating genetic resources of pome fruit, stone fruit, berries and wild fruit species. On behalf of the Federal Ministry, the BAZ is representing the Federal Republic of Germany in this field.



Great attention was internationally attached to the VIII<sup>th</sup> International Plant Virus Epidemiology Symposium from 12 to 17 May 2002. The BAZ institutes in Aschersleben were in charge of organizing the event which was attended by 155 scientists from 35 countries. On this occasion, the head of the Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics, Dr. Thomas Kühne, was appointed to the Virus Epidemiology Committee of the International Society of Plant Pathology.

In 2002, BAZ scientists continued to participate in numerous conferences at home and abroad and communicated the achievements of crop plant research in various presentations.

Three BAZ scientists had been invited to the BioTech Week at Hanoi to give seminars on a special seminar day during the event.

In terms of international cooperation, the bilateral projects agreed upon have been successfully continued and many guest scientists could be welcome. Chapter IX of the Annual Report describes the initiatives the BAZ has taken in this field.

It can already be referred to as a tradition that, as part of its public relations work, the BAZ participates in the Berlin Agricultural Show. In 2002, the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL) chose „Ecological Farming“ to be the topic of its exhibition, which - among others - also showed the role of breeding research and breeding in this field.

As part of the InnoPlanta initiative, the BAZ participated successfully in the NAROSSA, an international fair on renewable resources, with topics from the field of biotechnology.

The activities of the Open Day, Open Day for School Students, and Open Day for Teachers, which were organized on several BAZ premisses, received a very positive response from the public. From the work with school students, one of the BAZ supported projects came off as winner at Laender level in the young researchers competition „Jugend forscht“.

Due to a decision of the Senate of Federal Research Centres, BMVEL research centres negotiated with publishing houses on more than 262 subscriptions to 154 different periodicals. These negotiations were concluded at the end of 2002 and changed the conditions for library work drastically. For the BAZ it means that its institutes have unlimited electronic access to the full text versions of all online journals subscribed. For 16 journals, the BAZ library was appointed depot library. The new system improves the conditions on all BAZ sites.

A change for the better, although in another field, could be also stated for the institute in Dresden-Pillnitz. On 25 February 2002, after a construction period of 18 months the new cubicle-subdivided greenhouse with a usable area of 1,550 m<sup>2</sup> was handed over to its users. To finance the entire building project including the technical maintenance unit, the Federal Government invested 4,188 Mio €.

Fortunately, the new greenhouse complex was spared from the Elbe flood last August, the water stopped some centimetres before. But water entered the basement of the institute building. The plant material could be rescued in time and essential damage prevented. The trial field was temporarily flooded; many volunteers among the BAZ staff helped to restore the previous conditions quickly.

The completion of the archaeological investigations on the Quedlinburg building site brought a preparatory stage of the construction project to an end. Shortcomings in the project planning prevented the start of building in 2002.

On the Groß Lüsewitz site, initial investigations have been made for preparing the construction of the new institute's facilities.

The year 2002 was also characterized by some changes in the personnel on executive level. Prof. Dr. Proeseler, head of the Institute of Epidemiology and Resistance, was retired in the presence of numerous guests on 30 May 2002. His responsibilities have been taken over by Dr. Frank Ordon who was appointed head of the institute and took up his work on 01 November 2002.

The recruitment procedures for appointing the new head of the Institute of Horticultural Crops were successfully concluded as well. With effect from 11 October 2002, Dr. Günter Schumann was chosen to lead the institute.

The year 2002 marked the 10th anniversary of the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants. In a festive ceremony held at the banquet hall of the historic Quedlinburg town-hall on 24 April, a successful survey of what has been accomplished so far could be given. The ceremony was attended by many representatives of research and politics. On behalf of the Federal Minister, Ms Künast, the Parliamentary Secretary Dr. Gerald Thalheim acknowledged the performance of BAZ and expressed best wishes for a continued successful development in the future.

The members of BAZ staff have again laid the foundations for further successful research with their work accomplished in 2002, which is in detail reviewed in the present Annual Report.

## 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 werden 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 genetisch definiertes Basismaterial zu erstellen. Dabei stehen Aspekte der gesunden



Abb. 1: rol-transgener Rhododendron (links) und Kontrollgenotyp (rechts)

Fig. 1: rol transgenic Rhododendron (left) and control (right)

den 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: *Cyclamen*, *Erica*, *Euphorbia* (u. a. Weihnachtsstern), *Dahlia*, *Begonia*, *Rhododendron* und *Rosa*. *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 Kombinationen steigern. Die Identifizierung von Genotypen, vornehmlich mit Hilfe molekularer Marker, gewinnt auch für die Durchsetzung von Sortenschutzrechten und die Charakterisierung „abgeleiteter“ Zierpflanzensorten zunehmend an Bedeutung. Als wesentliche Forschungsergebnisse

sind zu nennen:

- *Rhododendron*: Verwendung von *Rhododendron micranthum*, *Rhododendrum ferrugineum* und anderer Arten als Kreuzungselter zur Entwicklung „kalktoleranter“ *Rhododendron*-Formen, Herstellung transgener *Rhododendron* mit verändertem Phänotyp (Abb. 1) und modifiziertem Eisenstoffwechsel, sowie Stabilitäts- und Genflußstudien (Abb. 2).
- *Rosa*: Anwendung eines *Agrobacterium* vermittelten Transformationssystems mit somatischen Embryonen, die Regeneration von Rosen aus fusionierten Protoplasten, die Kartierung des Rosengenomes, die Ermittlung der Populationsdynamik von Rosenblüten schädigenden unterschiedlichen Thripsarten, die Charakterisierung der lokalen Population der Erreger des Sternrußtaues (*Marssonina rosae*), des echten (*Sphaerotheca pannosa*) und falschen (*Peronospora sparsa*) Mehltaus und die Selektion resistenter bzw. toleranter Rosengenotypen gegen diese Erreger, 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*: Erstellung von „Fingerprints“ zur Beschreibung von Kreuzungseltern und deren Nachkommen, spontanen Mutanten und deren Ausgangssorten und der Homogenität innerhalb von Klonsorten, Entwicklung von „Knospenblühern“.
- *Erica gracilis*: Aufstellung eines Differentialsortimentes für den Erreger der Stengelgrundfäule (*Cylindrocladium scoparium*), Erstellung von „Fingerprints“ zur Genotypidentifizierung und Entwicklung von Basimaterial mit neuen Blütenfarben, langer Blühdauer, verändertem Habitus und Toleranz gegen biotische und abiotische Schadfaktoren.
- *Dahlia*: Genetische Analyse wirtschaftlich bedeutender Merkmale, zuchtmethodische Untersuchungen, Analyse der Abstammung der kultivierten Dahlie zur Resynthese bestehender Formen, Verbreiterung der genetischen Basis und Untersuchungen zur Dahlien-Systematik.
- *Euphorbia* und *Jatropha*: Übertragung des „Verzweigungsfaktors“ aus *E. pulcherrima* in *E. fulgens* und in *Jatropha integerrima* zur Entwicklung von Genotypen mit Topfpflanzeneignung.
- *Tibouchina*: Nach Bestrahlung mit Röntgenstrahlen die Induktion von Mutanten mit kurzen Internodien, die als kompakte Wuchsformen ohne Anwendung von chemischen Stauchemitteln verwendet werden sollen.

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 will be 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 make basic material available. 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 *Cyclamen*, *Erica*, *Euphorbia*, *Dahlia*,

*Begonia*, *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:

- *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 (Fig. 1) and a modified Fe metabolism, analysis of the stability of transgenics and gene flow studies (Fig. 2).
- *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*).
- *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; release of bud bloomers.
- *Erica gracilis*: the selection of a differential set for *Cylindrocladium scoparium*, the development of fingerprints to identify genotypes, and the generation of stock material with bright new colours, extended blooming period, altered habitus and tolerance to biotic and abiotic stress.
- *Dahlia*: Genetic analysis of economically important traits, testing 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.

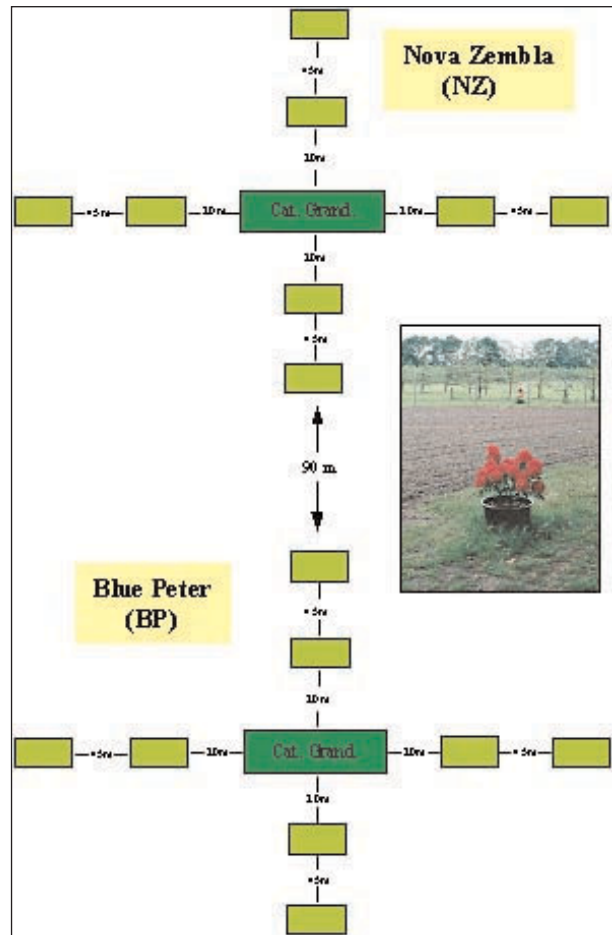


Abb. 2: Genflußexperimente mit *Rhododendron catawbiense grandiflorum* als Pollendonor und ‘Nova zembla’ bzw. ‘Blue Peter’ als Pollenfänger  
 Fig. 2: Design of a gene flow experiment with *Rh. catawbiense grandiflorum* as pollen donor and cv. Nova zembla or cv. Blue Peter, respectively, as pollen receptor



- *Tibouchina*: the selection of X-ray induced mutants with reduced internode length as prototypes for pot plants.

## 1. Genetische Charakterisierung von Merkmalen

### Genetical characterization of traits

#### 1.1. Genetische und molekularbiologische Charakterisierung der Sternrußtauresistenz aus *Rosa multiflora*

##### Genetic and molecular characterization of blackspot resistance from *Rosa multiflora*

Debener, T.; Kaufmann, H.; Mattiesch, L.; Blechert, O.; Gusick, C.; Hattendorf, A.

##### Zielsetzung/Aim:

Die Entwicklung sternrußtauresistenter Rosensorten durch die Einkreuzung von Resistenzen aus Wildarten erfordert ein längerfristiges Zuchtprogramm, das mehrere Rückkreuzungsgenerationen beinhaltet. Dieser Zeitraum kann durch den Einsatz molekularer Marker verkürzt werden, indem eng mit der Resistenz gekoppelte Marker zur markergestützten Selektion herangezogen werden. Darüber hinaus können Markertechniken eingesetzt werden, um den mit der Resistenz eingekreuzten Genomanteil der Wildart, der für Rosensorten unerwünschte Eigenschaften mit sich bringt, schneller zurückzudrängen.

Breeding of rose cultivars which are resistant to blackspot, the most important fungal disease in the field, is a very time consuming process. To reduce this time period, molecular markers tightly linked to the resistance gene may be used for marker assisted selection procedures. Marker techniques may also be applied to reduce the proportion of the wild species genome, which has been transferred together with the resistance and which is responsible for undesired morphological characters.

##### Ergebnisse:

Die 2000 begonnene Feinkartierung des Resistenzgens *Rdr1* wurde im Jahr 2002 weitergeführt. Verschiedene polymorphe Marker wurden durch die Klonierung von BAC-Endfragmenten oder PCR-Fragmenten entwickelt. Aufgrund der geringen Länge dieser DNA-Sequenzen konnten nur in Ausnahmefällen Polymorphismen durch SCAR oder CAPS-Analysen detektiert werden. Die SSCP-Technik erwies sich jedoch als brauchbare Alternative und erlaubte die Kartierung der meisten Fragmente, die mit Hilfe der anderen Markertechniken keine Polymorphismen aufdecken konnten. Mit der Berücksichtigung weiterer BAC-Sequenzen konnten endlich auf der telomeren Seite von *Rdr1* Marker gefunden werden (Abb. 1). Damit kann gezeigt werden, dass sich *Rdr1* auf dem in Abb. 1 gezeigten

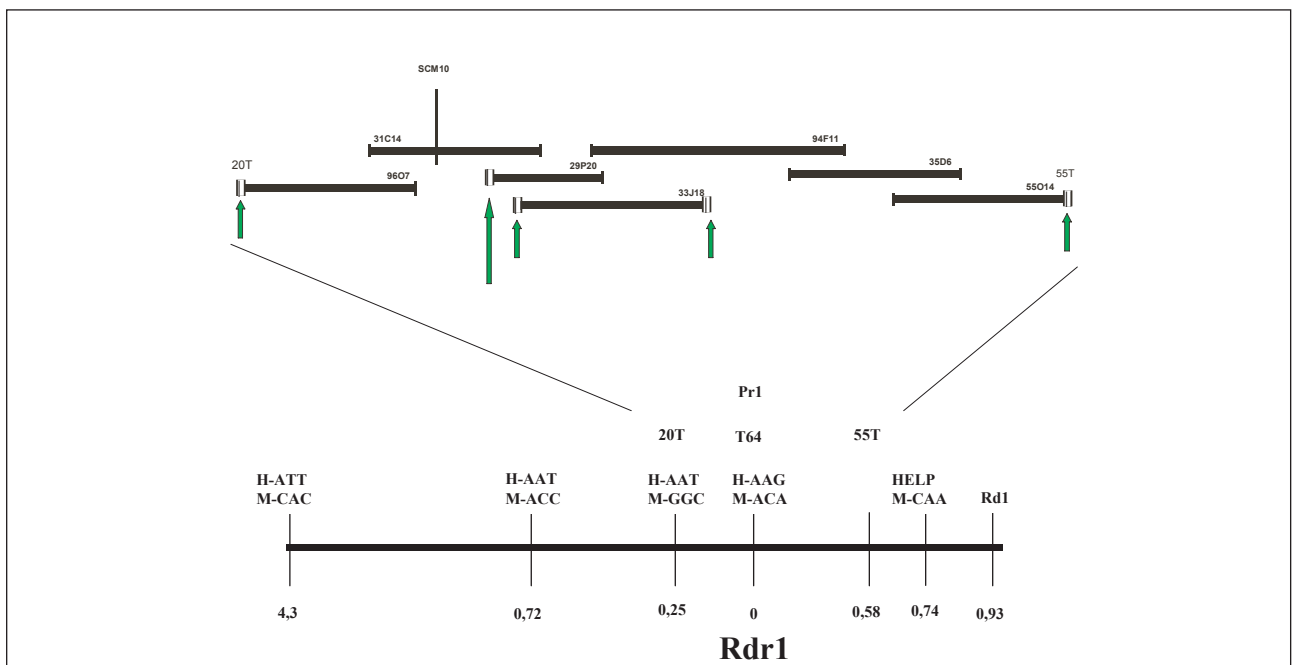


Abb. 1: Markerkarte und BAC-Kontig um das Resistenzgen *Rdr1*. Die Angaben zum Abstand der Marker bezeichnen die prozentuale Häufigkeit der Rekombinanten. Die Pfeile im BAC-Kontig verweisen auf Endsequenzen, die zur Kartierung verwendet wurden.

Fig. 1: Map and BAC-contig around the resistance gene *Rdr1*. The distance of markers in relation to *Rdr1* are given as percentage of recombination. The arrows in the BAC-contig point to end sequences mapped in the segregating populations.

Kontig befindet.

Die Gesamtlänge des Kontigs liegt um 400 kb, konnte bisher aber noch nicht präzise bestimmt werden, da hierzu aufwändige Untersuchungen zum Überlappungsgrad zwischen den Klonen notwendig sind.

Aus früheren Analysen mit Hilfe degenerierter PCR-Primer, die Resistenzgenanalogue des NBS-LRR Typs detektieren, konnte ein NBS-LRR vom Typ I auf dem Kontig nachgewiesen werden. Da NBS-LRR-Sequenzen mögliche Kandidatengene für *Rdr1* darstellen, sollte untersucht werden, wie viele dieser Sequenzen auf dem Kontig liegen. Dazu wurden Hybridisierungsanalysen mit dem bereits klonierten Element bei verschiedenen Stringenzen durchgeführt. Es zeigte sich, dass ca. acht verschiedene Kopien im Zentrum des Kontigs liegen (Abb. 2).

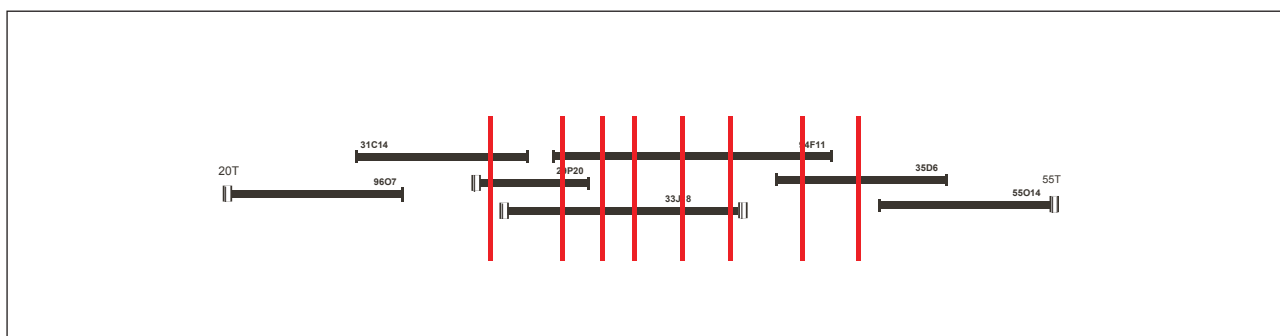


Abb. 2: Zahl und Verteilung der NBS-LRR Sequenzen der Klasse I auf dem Kontig um *Rdr1*. Die ungefähre Position der NBS-LRRs sind durch vertikale rote Linien gekennzeichnet.

Fig. 2: Number and distribution of NBS-LRR sequences of type I on the contig around *Rdr1*. The localisation of the NBS-LRR sequences is marked by vertical red lines.

Allein sechs der acht Kopien liegen auf dem Klon 94F11. Je eine weitere Kopie liegt telomer und zentromer von 94F11 auf weiteren Klonen. Um zu überprüfen, ob weitere NBS-LRR Kandidatengene auf dem Kontig vorkommen, wurden Hybridisierungsversuche mit Sonden durchgeführt, die aus der Amplifikation genomischer DNA mit Primern für Klasse I und Klasse II NBS-LRRs gewonnen wurden. Nachdem keine Signale, außer denen für die bereits identifizierte Sequenzklasse, identifiziert werden konnten, wurden PCR-Reaktionen mit den BAC-Klonen des Kontigs als Substrat durchgeführt. Mit dieser Methode konnten ebenfalls keine neuen Sequenzen nachgewiesen werden. Obwohl nicht auszuschließen ist, dass *Rdr1* einer Sequenzklasse angehört, für die bisher keine Tests durchgeführt wurden (z.B. Kinasen), kann man damit die Region, die mit der größten Wahrscheinlichkeit *Rdr1* enthält, auf die Klone 94F11, 29P20 und 35D6 reduzieren.

Als Ergänzung zu den Arbeiten an Resistenzgenanalogen auf dem Kontig um *Rdr1* wurden weitere Sequenzen analysiert, für die noch keine Positionsinformationen vorliegen. Ziel ist die Lokalisierung und Charakterisierung von Resistenzgenclustern im Rosengenom, die für andere Resistenzprojekte von Bedeutung sein könnten. Neben den in 2001 untersuchten exprimierten RGAs wurden mit den bisher verwendeten Primerkombinationen sowie mit vier neuen Primerkombinationen weitere Sequenzen aus ge-

nomischer DNA isoliert und sequenziert. Aus diesen Untersuchungen gingen bisher 42 neue Sequenzen hervor. Von 39 dieser Sequenzen wurden spezifische Primer hergestellt und 30 Primerkombinationen führten zu polymorphen PCR Produkten, so dass mit ihrer Kartierung begonnen werden kann.

Parallel wurde mit der Untersuchung der Expressionsmuster dieser Sequenzen auf Macroarrays begonnen. Erste Ergebnisse zeigen, dass es starke Unterschiede im Grad der Expression zwischen Klonen verschiedener Sequenzfamilien gibt und das nach Infektion von resistenten Pflanzen mit Sternrußtaukonidien zum Teil andere NBS-LRR-Sequenzen exprimiert werden als bei einer Wasserkontrolle.

#### Abstract:

The BAC-contig around the resistance gene *Rdr1* could be closed after recombinants were detected for some new BAC-clones at the telomeric position of the contig. Molecular analyses of these BACs demonstrated the presence of about 8 members of a NBS-LRR sequence family with a high level of DNA similarity. No other sequences similar to known resistance gene analogues could be detected. The general search and analyses of resistance gene analogues in the rose genome was continued and 42 new sequences were analysed. Mapping of 30 of these sequences is in progress.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hamburg, Lörz, H.; Kaufmann, H.; Firma Rosen Tantau, Uetersen; Firma Kor-des Söhne, Sparrieshoop; Firma Noack Rosen, Gütersloh.

(BAZ-6131)

## 1.2 Grundlagen der Züchtung auf Mehlttauresistenz (*Podosphaera pannosa*) bei Rosen

### Basic research on mildew resistance (*Podosphaera pannosa*) in roses

Linde, M.; Debener, T.

Zielsetzung/Aim:

*Podosphaera pannosa*, der Echte Mehltau, ist der bedeutendste pilzliche Schaderreger bei Rosen im Unterglasanbau. Resistenzquellen gegenüber dem Echten Mehltau sollen in einem Genpool aus Wildrosen und Zuchtsorten aufgespürt werden und zur Erstellung von Basismaterial mit erhöhter Resistenz dienen. Neben der Untersuchung der Populationsstruktur des Pathogens sollen Resistenzgene im Genom durch genetische Kartierung lokalisiert werden.

Powdery mildew (*Podosphaera pannosa*) is the major fungal pathogen of roses grown in greenhouses. Based on the detection of resistance sources to powdery mildew in wild roses, species and cultivars and their localization in the genome with genetical mapping, breeding material with enhanced resistance can be produced.

Ergebnisse:

Um einen Einblick in die Rassendifferenzierung von *P. pannosa* zu erlangen wurden in 2001 hergestellte Einsporisolate des Echten Mehltaus von Proben aus Norddeutschland, Dänemark und Israel in diesem Jahr weiter charakterisiert. In Blatttests mit drei bis fünf Wiederholungen wurden diese acht Isolate anhand der verschiedenen Reaktionen von 18 Rosengenotypen auf ihre genetische Differenzierung untersucht. Die Tests wurden in einem von uns entwickelten Inokulationsturm durchgeführt. Blattmaterial von mehltaufreien Pflanzen aus einer Klimakammer wurde in Petrischalen mit Agar unter den Turm gestellt. Konidien der auf Rosensprossen in vitro vermehrten Mehltau-

isolate wurden mit Druckluft auf dieses Blattmaterial verteilt. Dadurch konnten alle Proben unter identischen Bedingungen mit ca. 2 Konidien/mm<sup>2</sup> der jeweiligen Einsporlinie inokuliert werden. Aufgrund der Reaktionen nach zehn Tagen Inkubation im Klimaschrank (22°C, 14 h Licht) mit drei bis fünf Wiederholungen konnten alle acht Einsporisolate mit Hilfe eines Differentialsortiments, bestehend aus zehn der 18 Rosengenotypen, als unterschiedliche physiologische Rassen klassifiziert werden (Tab. 1). Es ist sehr wahrscheinlich, dass das beobachtete Bild einem Gen für „Gen System“ entspricht, da der sogenannte „Quadratische-Test“ für die verschiedenen Interaktionen möglich ist. Danach kommt es nur zu einer Resistenzreaktion wenn ein dominantes Resistenzgen der Pflanze mit einem dominanten Avirulenzgen des Pathogens interagiert. Es konnte gezeigt werden, dass wenigstens fünf verschiedene Rassen von *P. pannosa* auf dem Gelände des IZZ auf unterschiedlichen Rosengenotypen vorkommen. Diese hohe lokale Diversität kann durch die große Zahl von verschiedenen Rosensorten, Kreuzungen und Wildarten in dem Areal erklärt werden, die wahrscheinlich viele unterschiedliche Resistenzgene tragen.

Um Aufschluss über die genetische Konstitution der Resistenz gegen *P. pannosa* zu erhalten, wurden Blätter von 114 Pflanzen der Population 97/9, entstanden aus der Rückkreuzung einer mehlttauresistenten Mutterpflanze (88/124-46) mit einem für die Einsporlinie 9 anfälligen Pollenelter (‘Spalier 3’), in sieben wiederholten Experimenten mit der gleichen Einsporlinie untersucht. Die Blätter wurden mit zwei Konidien/mm<sup>2</sup> im Inokulationsturm inokuliert und 10 Tage inkubiert. Danach zeigten 63 der insgesamt 114 Genotypen keine oder nur einzelne Konidiophoren (Abb. 1). Diese wurden als resistent betrachtet. Die 51 anfälligen Pflanzen zeigten eine breite Verteilung der Werte von 10 %

Tab. 1: Resistenz verschiedener Rosengenotypen gegen Einsporisolate von *P. pannosa*  
Table 1: Resistance of the various rose genotypes to single conidial isolates of *P. pannosa*

Rosengenotypen	Einsporisolat – Nr.							
	3	12	4	2	9	10	8	6
93/1-117	0	0	0	0	1	0	0	0
95/13-79	0	0	0	0	0	0	0	1
‘Caramba’	0	0	0	1	0	0	1	1
‘Rebell’	0	0	0	1	0	1	1	1
‘Elina’	0	0	1	1	0	0	1	1
<i>R. multiflora</i> 2704	0	0	0	0	1	1	1	1
82/78-1	0	0	1	0	1	1	1	1
‘Pariser Charme’	0	1	0	0	1	1	1	1
‘Queen Elizabeth’	0	1	1	1	0	1	1	1
93/1-119	0	1	1	1	1	1	1	1

0 bedeutet resistente Reaktion; 0 indicates resistant reactions

1 bedeutet anfällige Reaktion; 1 indicates susceptible reactions

Mittel von 3-5 wiederholten Experimenten; mean of 3-5 repeated experiments

bis 90 % für den Prozentsatz der Blattfläche, die nach 10 Tagen mit Konidiophoren bedeckt ist (Abb.1). Die Verteilung von 63 resistenten : 51 anfälligen Genotypen entspricht einer 1 : 1 Aufspaltung ( $\chi^2 = 0,913$ ,  $P=0,340$ ). Sie könnte auf die Wirkung eines Hauptgens (*Rpp-1*), verantwortlich für die Resistenz, und mehrerer schwächerer Gene für die breite Streuung der Anfälligkeit hindeuten. Die transgressive Segregation könnte durch additive Geneffekte beider Elterngenotypen zustande kommen.

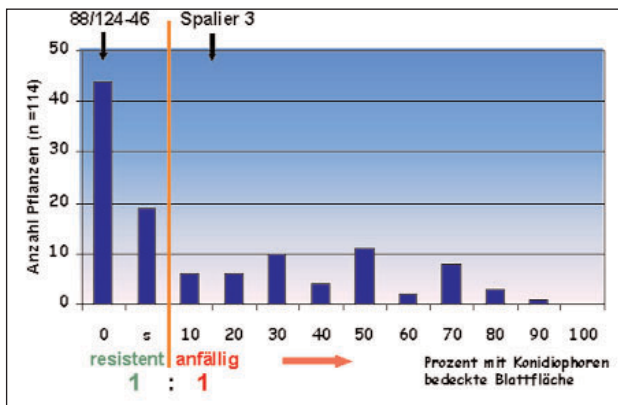


Abb. 1: Segregationsdaten für die Rückkreuzungspopulation 97/9 aus einer resistenten Mutterpflanze und einem anfälligen Pollendonator inokuliert mit der Rasse 9

Fig. 1: Segregation data for the backcross population 97/9 from a resistant mother plant and a susceptible pollen donor inoculated with the race 9

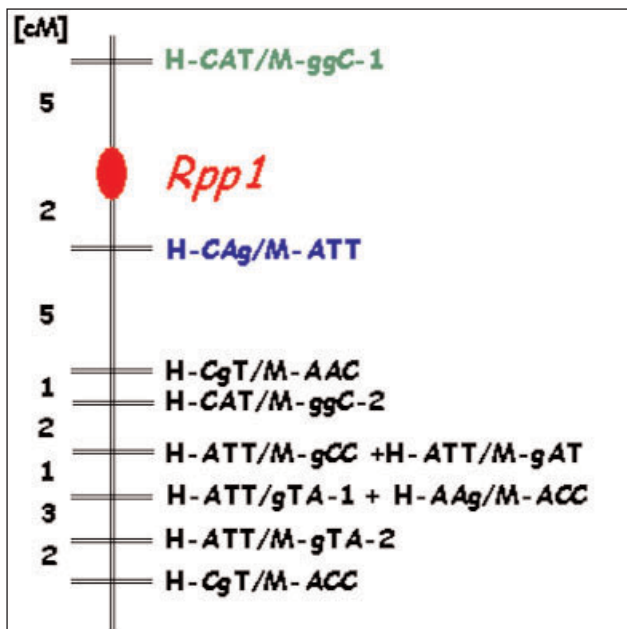


Abb. 2: Kartierung des Resistenzgens *Rpp-1* in der Rückkreuzungspopulation 97/9

Fig. 2: Mapping of the resistance gene *Rpp-1* in the backcross population 97/9

Um molekulare Marker mit enger Kopplung an mögliche Resistenzgene gegen *P. pannosa*, z.B. *Rpp-1* zu ermitteln, wurden mit einer „bulk segregant“ Analyse bisher ca. 260 AFLP-Primerkombinationen getestet. Diese führten zu zehn AFLP-Markern, die eng an das mögliche Resistenzgen gekoppelt sind (Abb. 2). *Rpp-1* konnte damit bisher in einem Intervall von sieben cM in der Population 97/9 lokalisiert werden. Um einen einfacher zu handhabenden und auch für vergleichende Kartierung nutzbaren Marker zur Verfügung zu haben, wurde der mit einem Abstand von 2 cM am engsten gekoppelte AFLP-Marker in ein Scar-Marker umgewandelt. Dieser weist die gleichen Kopplungsdaten auf.

Um Zuchtmaterial mit erhöhter Resistenz gegen *P. pannosa* bereitzustellen, wurden zwei im Anbau befindliche, mehltauanfällige Schnitrosensorten mit als resistent bonitierten Wildrosenarten (*R. agrestis*, *R. glutinosa*, *R. helena*, *R. nutkana*, *R. omeiensis pteracantha*) gekreuzt. Das daraus hervorgehende Pflanzenmaterial soll in 2003 auf eine erhöhte Resistenz gegen den Echten Mehltau und wirtschaftliche Merkmale bonitiert werden.

Abstract:

Eight single spore isolates of *P. pannosa* from Ahrensburg and Sarstedt (D), Risoe (DK) and Tel Aviv (IL) were genetically characterized using 18 different rose genotypes in three to five repeated inoculation experiments. Using a differential set of ten rose genotypes, all eight isolates could be ascribed to different physiological races. Five races were isolated from one location (Ahrensburg), indicating a high racial diversity of *P. pannosa* populations on a local scale. Infection experiments in a backcross population of 114 plants, resulting from a cross between a genotype resistant to the isolate number 9, the 88/124-46, and the susceptible genotype ‘Spalier 3’ resulted in a 1:1 segregation, suggesting the control by the single dominant resistance gene *Rpp-1*. Using a bulked segregant analysis with about 260 AFLP-Primer combinations the putative resistance gene *Rpp-1* could be located in an seven cM interval. The closest AFLP-Marker, about two cM apart from *Rpp-1*, was converted to a locus specific Scar-Marker.

In Zusammenarbeit mit: Europa Rosarium Sangerhausen, Brumme, H.; Firma Kordes Söhne, Sparrishoop; Firma Rosen Tantau, Uetersen; Plant Research International, Wageningen, Niederlande, Visser, P. B.; Risoe National Laboratory, Dänemark, Lyngkjaer, M.

BAZ - 6115

### 1.3 Erschließung von Resistenzquellen gegenüber dem Erreger des Falschen Mehltaus (*Peronospora sparsa* Berk.) in Rosen

#### Evaluation of new sources of resistance against downy mildew

Schulz, D.; Dohm, A.; Debener, T.

Zielsetzung/ Aim:

Unter den pilzlichen Erkrankungen zeigt der Falsche Mehltau sowohl für den Anbau von Garten- als auch von Schnittrosen 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 Blattflecken (Abb. 1), zum Verlust der Blätter (Abb. 2) und dem an-



Abb. 1: Typische rötliche Flecken auf der Blattoberfläche einer mit *P. sparsa* befallenen Rose

Fig. 1: Infected rose leaf with typical red purplish spots on adaxial side

schließenden Absterben der befallenen Pflanzen. *P. sparsa* überdauert als Myzel (Abb. 3) in den Stängeln oder als Oospore in den Blättern und Stängeln der Rose. Eine wirksame Behandlung mit Pflanzenschutzmitteln ist nur vorbeugend möglich. Die restriktive Pflanzenschutzmittelgesetzgebung im Sinne des Umwelt- und Verbraucherschutzes erschwert die Bekämpfung des Falschen Mehltaus zusätzlich. Über den Erreger *Peronospora sparsa* und seinen Infektionsverlauf stehen nahezu keine Informationen zur Verfügung und Resistenzträger im bestehenden Rosenzuchtmaterial sind bisher nicht bekannt. In ersten Versuchen soll eine Inkulturnahme des biotrophen Erregers *P. sparsa* erfolgen und ein Inokulationstest entwickelt werden, mit dem Ziel, anhand einer Boniturskala einen Resistenztest zu etablieren. Weiterhin sollen Techniken für die Identifizierung, Charakterisierung und züchterische Nutzung resistenter Rosengenotypen erarbeitet werden.

The incidence of Downy mildew (*Peronospora sparsa*) in cut and garden roses is becoming a widespread problem. *Peronospora sparsa* can be systemic in roses. It overwinters as mycelium in stems or as oospores in leaf debris or rose stems. Infection usually occurs on young plant parts. Infected leaves develop purplish red to dark irregular



Abb. 2: Befall einer Rose mit Falschem Mehltau (*Peronospora sparsa*)

Fig. 2: Downy mildew (*Peronospora sparsa*) on rose leaves

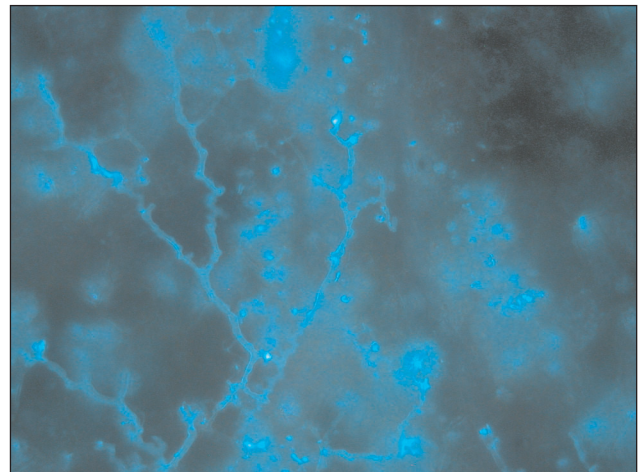


Abb. 3: Hyphen von *P. sparsa* im Blatt einer stark befallenen Pflanze nach Anfärbung mit Anilinblau im Fluoreszenzmikroskop

Fig. 3: Hyphae of *P. sparsa* in rose leaf after staining with aniline blue in fluorescence microscopy

spots. Leaflets often become yellow and drop prematurely resulting in a naked flower stem. Infected shoots may sometimes be killed. 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 new resistance genotypes.

Ergebnisse:

Inkulturnahme von *Peronospora sparsa*

*Peronospora sparsa* wird zu den Oomyceten gerechnet und ist obligat biotroph, d. h. er kann nur auf lebendem Pflanzenmaterial erhalten und vermehrt werden. Hierzu müssen anfällige Rosengenotypen identifiziert werden. Von Rosen-Freilandmaterial wurden Sporen des Erregers (Abb. 4) gewonnen und unter Laborbedingungen gegen ein Sortiment mit 68 verschiedenen Rosengenotypen getestet. Nach Optimierung des Inokulationstests auf abgeschnittenen Blättern konnten mehrere Rosengenotypen identifiziert werden, die für eine andauernde Haltung und Vermehrung des Pathogens geeignet erscheinen. Parallel wurden Untersuchungen mit Rosen durchgeführt, die, *in vitro* angezogen, stetig für reproduzierbar frisches, infizierbares Blatt- und Pflanzenmaterial liefern sollen, um die Haltung des Pathogens im Labor zu gewährleisten.



Abb. 4: Typischer verzweigter Konidienträger von *P. sparsa* mit anhaftenden Konidien

Fig. 4: Typically branched conidiophore of *P. sparsa* with attached conidia

Eine Lagerung der Sporen als wässrige Suspension in 15 % DMSO bei -80°C oder von Sporenträgern auf infizierten Blättern (Abb. 6) bei -20°C über einen Zeitraum von 3 Monaten ergab noch eine Keimrate der Sporen zwischen 1 -3 % bzw. 28 - 54 %. Die Bestimmung der Keimrate erfolgte auf Wasseragar nach 24 h stündiger Inkubation der Sporen bei 16°C im Dunkeln (Abb. 5).

Etablierung des Resistenztests

Für die Inokulation der Rosenpflanzen oder -blätter mit einer Sporensuspension wurden die Inokulations- und Infektionsbedingungen zunächst optimiert. Bei einer Temperatur von 12-16°C, gesättigter Luftfeuchtigkeit (Feuchtekammer) und einer Inokulumsdichte von mindestens 10<sup>4</sup> cfu/ml wurden ausreichende Bedingungen für eine Infektion geschaffen. Appliziert wurden pro Blatt je nach Größe 2-4 Tropfen der Sporensuspension (à 10 µl). Der Versuchs-

ansatz wurde im Dunkeln bei 12°C für mindestens 48 h inkubiert. Die weitere Inkubation erfolgte im Tag/Nacht Rhythmus von 16 h/8 h bei 16°C. Bonitiert wurde bis zu 3 Wochen nach Infektion.

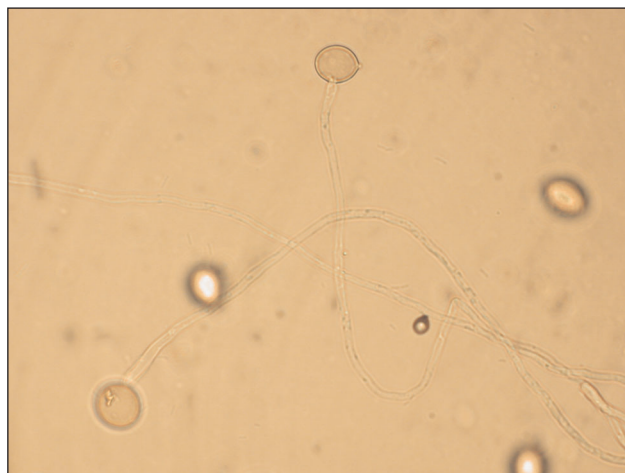


Abb. 5: Vitalitätstest von *P. sparsa* Konidien auf Wasseragar (Länge der Keimschläuche nach 20 h)

Fig. 5: Test on vitality with conidia of *P. sparsa* on water agar (Length of germination tubes after 20 h incubation)

Entwicklung eines Boniturschemas

Bei quantitativen Resistenzen erfolgt die Klassifizierung anhand eines Boniturschemas, das entsprechend den Internationalen Vereinbarungen eine Einteilung in fünf oder zehn Befallsklassen vorsieht. Aufgrund der beobachteten Reaktionen der Pflanzen und der Ausbildung von Sporenträgern auf der Blattunterseite nach erfolgter Infektion mit *Peronospora sparsa* (Abb. 6) und in Anlehnung an die Literatur wurde das folgende Boniturschema erarbeitet (Tab. 1).

Tab. 1: Fünfstufiges Boniturschema

Table 1: Five step classification scheme

Bewertungsstufe	Anfälligkeit	Reaktion/Tropfen (10µl)
0	hoch resistent	keine
1	resistent	Nekrosen
2	schwach anfällig	1 bis 10 Sporenträger
3	anfällig	bis 25 Sporenträger (nur mikroskopisch sichtbar)
4	hoch anfällig	>25 Sporenträger (makroskopisch sichtbarer Befall)

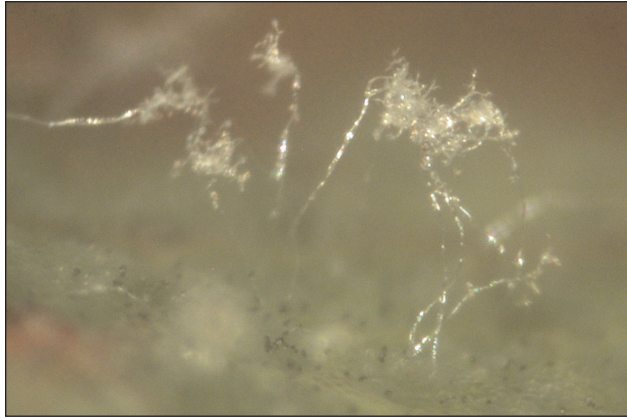


Abb. 6: Konidienträger auf der Blattunterseite nach künstlicher Inokulation der Sorte 'Vogelpark Walsrode' mit *P. sparsa*

Fig. 6: Conidiophores on the abaxial side of the leaf after artificial inoculation of the cultivar 'Vogelpark Walsrode' with *P. sparsa*

**Abstract:**

*Peronospora sparsa* was isolated from naturally infested field material and used to establish an infection method using standardized conidia concentrations under optimized conditions in a detached leaf assay. Several susceptible cultivars were identified within 68 rose genotypes which may be suitable to maintain the biotrophic pathogen on living plant material in future as a stock culture. Spore germination was sufficient after freezing at  $-80^{\circ}\text{C}$  in a suspension of 15 % DMSO or still attached to sporangiophores on the leaf at  $-20^{\circ}\text{C}$ . A test for the classification of resistance to downy mildew was established using spores of *P. sparsa* and its application as droplets on the abaxial side of the leaf.

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

BAZ - 6152

**1.4 Entwicklung molekularer Marker für polygen vererbte Schorf- und Mehltaresistenz beim Apfel**

**Development of molecular markers for polygenically controlled scab- and powdery mildew resistance in apple**

Thiermann, M.; Dunemann, F.

**Zielsetzung/Aim:**

Die im Rahmen des EU-Projektes „D.A.R.E.“ (Durable Apple Resistance in Europe) durchgeführten Arbeiten zielen auf die Charakterisierung dauerhafter Resistenzen gegen die wichtigsten Pilzkrankheiten bei *Malus*, Apfelschorf und Apfelmehltau. Zu diesem Zweck werden im Rahmen des EU-Projektes vier Basispopulationen molekular und phytopathologisch untersucht, die auf die Kreuzung zwischen fünf verschiedenen Apfelsorten mit unter-

schiedlichen Resistenztypen zurückgehen. Ziel der Arbeiten des Ahrensburger Teilprojektes ist es, eine molekulare Kopplungskarte für die Population C3 zu erstellen. Die Karte soll anschließend genutzt werden, um mit Hilfe von QTL- und Kandidatengen-Analysen noch weitgehend unbeschriebene dauerhafte Resistenzquellen für Apfelschorf und Apfelmehltau genetisch und molekulargenetisch zu charakterisieren.

The work is done in framework of the European project „D.A.R.E.“ (Durable Apple Resistance in Europe). The aim of the work is the characterization of durable resistances against the two major fungal diseases in *Malus*, apple scab and powdery mildew. The whole project is based on four populations derived from crosses between five apple cultivars with different resistance types. The work at IZZ Ahrensburg is aimed at the construction of a molecular linkage map for population C3 ('Discovery' x 'Prima'). This map shall be used for QTL- and candidate gene analyses to characterize so far undefined polygenically inherited scab and powdery mildew resistances.

**Ergebnisse:**

Apfelschorf (Erreger: *Venturia inaequalis*) und Apfelmehltau (Erreger: *Podosphaera leucotricha*) stellen in den gemäßigten Klimazonen die beiden wichtigsten Erkrankungen des Apfels dar. Bisher wurden in der Resistenzzüchtung bei *Malus* Majorresistenzgene eingekreuzt. Beim Apfelschorf wurde vor allem die Vf-Resistenz verwendet, während beim Apfelmehltau die  $Pl_1$ - und  $Pl_2$ -Gene die wichtigsten Resistenzquellen darstellen. Obwohl seit mehreren Jahren bereits Apfelsorten mit diesen Resistenzgenen vorhanden sind, sind unter den heute im Erwerbsobstbau angebauten Apfelsorten kaum Sorten mit Resistenzen gegen Schorf oder Mehltau vorhanden, was zu einem massiven Einsatz von Pflanzenschutzmitteln im Anbau führt. Das Auftreten von Pilzrassen, die in der Lage sind die Vf-bedingte Resistenz zu brechen, zeigt, dass die alleinige Verwendung von Majorgenen für die Etablierung dauerhafter Resistenzen nicht ausreicht.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde eine molekulare Markerkarte für die C3-Population, einer Kreuzung der Apfelsorten 'Discovery' und 'Prima', erstellt. Hierzu wurden 150 Individuen der Kreuzung mit AFLP-Markern und Mikrosatelliten analysiert, wobei für jeden Elter etwa 400 Marker ausgewertet werden konnten. Einen Schwerpunkt der Arbeit bildete die Erstellung *Malus*-spezifischer Resistenzgenanaloga (RGA), die mit Hilfe degenerierter Primer auf der Basis konservierter Motive aus pflanzlichen Resistenzgenen der NBS-LRR-Klasse erstellt wurden. Dabei konnten ca. 50 RGA identifiziert und nach einer SSCP-Analyse in der C3-Population kartiert werden.

Die molekulare Markerkarte bildete die Grundlage für die QTL-Analyse („quantitative trait loci“) mit Befallsdaten für Schorf und Mehltau in der C3-Population. Für den Schorfbefall standen hierzu sowohl rassenspezifische Boniturdaten aus Angers/Frankreich, als auch Feilanddaten aus Dresden-Pillnitz zur Verfügung, während für Mehltau

nur Feldboniturdaten vom Standort Dresden-Pillnitz vorlagen. Auf mehreren Kopplungsgruppen von 'Discovery' und 'Prima' traten stabile QTL-Effekte über zwei bzw. drei Jahre auf. Von besonderem Interesse waren dabei Kopplungsgruppen (D1+P1, D2+P2, D9+P9, D11 und D17+P17) die QTL-Effekte für Schorf und Mehltau aufwiesen, und auf denen gleichzeitig RGA lokalisiert waren. Die Integration der analysierten RGA in die Karte zeigte, dass mehrere der identifizierten QTL-Effekte eng mit den kartierten RGA gekoppelt waren. So war der RGA 4F3 ohne Rekombination (in 70 Individuen) zu einem bereits bekannten Marker für die Vf-Resistenz gegen Schorf gekoppelt. Mit der in dieser Arbeit erstellten Karte war es erstmals möglich umfangreiche Kopplungsanalysen zwischen QTL und RGA durchzuführen. Dies war bisher nicht möglich, da kaum *Malus*-spezifische RGA bekannt waren.

Die Kreuzungseltern sind beide heterozygote Träger des Vg-Resistenzgens für Apfelschorf. Diese Resistenz ist bisher nur über eine nekrotische Blattreaktion zu identifizieren, da noch keine RGA-Marker bekannt sind, die eine Kopplung zum Resistenzgen aufweisen. Der in dieser Arbeit identifizierte RGA 15G11-3 ist bei nur einer Rekombination (in 70 Individuen) mit der in Angers bonitierten nekrotischen Blattreaktion eng gekoppelt. Dies lässt den Schluß zu, dass es sich beim RGA 15G11-3 entweder um das Vg-Resistenzgen selbst handeln könnte, oder aber, dass der RGA innerhalb eines Clusters sehr dicht mit dem Gen gekoppelt ist. Ausgehend von diesem Ergebnis wurden diese und weitere RGA für eine Subklonierung ausgewählt, um hochspezifische Primer für diese QTL-gekoppelten RGA zu erstellen.

Der Marker 15G11-3 kann in seiner jetzigen Form als erster molekularer RGA-Marker für die Vg-Resistenz gegen Apfelschorf dienen. Die Weiterentwicklung zu einem SCAR-Marker wäre wünschenswert, um die zeit- und arbeitsaufwendige SSCP-Methodik zu umgehen und einen Marker zur Verfügung zu haben, der kostengünstig und schnell für Massenscreenings, die Charakterisierung von Sorten oder die markergestützte Selektion (MAS) in der Apfelzüchtung eingesetzt werden kann.

Die molekulare Markerkarte mit den integrierten *Malus*-spezifischen RGA bietet für anknüpfende Arbeiten Ansatzpunkte für die Analyse und Charakterisierung von noch unbekanntem Resistenzfaktoren, wobei die kartierten RGA die Möglichkeit bieten QTL und Resistenzgene im Genom von *Malus* zu charakterisieren und lokalisieren.

#### Abstract:

A molecular linkage map has been constructed for cultivated apple using 150 individuals of the population C3 which has been „designed“ to allow especially the mapping of quantitatively inherited fungal resistances. Both parents of the C3 progeny are monogenically and polygenically scab resistant. In addition, 'Discovery' is mildew resistant, but the genetic base of the resistance is yet unknown. Linkage mapping was performed using AFLP as well as SSR marker technology. From an AFLP primer screening based on 256 combinations 27 primer combinations were selected

for mapping. A total of 536 AFLP markers and 43 SSR loci have been mapped in 17 parent specific groups each, which is the basic chromosome number in apple. A first approach to use the preliminary maps for QTL mapping of polygenes involved in apple scab and powdery mildew resistance looked promising. Separate QTL calculations, using the mildew scoring data from the years 1999 to 2001, suggest strong QTL effects on different linkage groups of 'Discovery' and 'Prima'. In the last stage of the project we are now analyzing 40 *Malus*-specific resistance gene analogs (RGA). These specific sequences were amplified out of Discovery with degenerated primers of conserved motives of the NBSLRR class of resistance genes. More than 60 DNA fragments were cloned and sequenced. New PCR-primers for *Malus*-specific RGA mapping were constructed. Seventy individuals of the C3-population are screened mainly by using the SSCP-technique.

In Zusammenarbeit mit: INRA Angers, Frankreich; Lespinaisse, Y., Durel, C.E.; PRI Wageningen, Niederlande; Schouten, H., van der Weg, E.; ETH Zürich, Schweiz; Gessler, C., Kellerhals, M.; BAZ-IOZ Dresden-Pillnitz, Fischer, C.; HRI East Malling, Großbritannien; Evans, K., James, C.; DCA-BO Bologna, Italien; Sansavini, S., Tartarini, S.; Pomology Institute, Naoussa, Griechenland; Mangaritis, S.; EU-Projekt FAIR5 - CT97 - 3898

(BAZ-6140)

### 1.5 Genetische und molekulargenetische Charakterisierung der Mehltaresistenz des Apfels Genetic and molecular characterization of powdery mildew resistance in apple

Urbanietz, A.; Radies, M.; Illgner, R.; Dunemann, F.

#### Zielsetzung/Aim:

Dauerhafte Resistenz gegen Echten Mehltau (*Podosphaera leucotricha*) ist eines der Hauptzuchtziele in der Apfelzüchtung. Eine Erweiterung der genetischen Basis der Mehltaresistenz ist eine wichtige Grundlage für zukünftige Resistenzzüchtungsstrategien. Neben einer genaueren Charakterisierung von monogen dominant vererbten Resistenzen wie Pl<sub>1</sub> oder Pl<sub>2</sub> sollen daher auch polygen vererbte Resistenzen aus Sorten und Wildarten für die Züchtung erschlossen werden. Eine gezielte Markeranreicherung im Bereich des Resistenzlocus Pl<sub>1</sub> soll die Voraussetzung für eine effektive markergestützte Selektion im Rahmen einer späteren Pyramidisierung verschiedener Mehltaresistenzen schaffen. Die Untersuchung von Einsporisolen des Erregers soll Aufschluß über eine mögliche Existenz physiologischer Rassen bei *Podosphaera leucotricha* geben.

Durable resistance to powdery mildew (*Podosphaera leucotricha*) is one of the major aims in apple breeding. An extension of the genetic base of powdery mildew resistance is an important aspect for optimizing future breeding strategies. Therefore, besides the characterization of known major genes like Pl<sub>1</sub> or Pl<sub>2</sub> further polygenically



controlled resistances from some varieties and wild species should be evaluated for breeding purposes. A molecular marker enrichment around the PI1 locus will enable an effective marker assisted selection for the pyramidisation of different powdery mildew resistance genes. The phytopathological and molecular evaluation of monoconidial strains of the fungus will give results about putative physiological races of *Podosphaera leucotricha*.

Ergebnisse:

Um den für die Mehlauresistenz-Züchtung zur Verfügung stehenden Genpool zu erweitern, wurde ein Testsortiment, bestehend aus 27 zumeist älteren Kultursorten und 14 Wildarten oder Wildartderivaten, unter hohem Befallsdruck kultiviert. Nach drei Befallserfassungsjahren konnten Aussagen über den Resistenzgrad der untersuchten Genotypen gemacht werden. Neben der zumeist monogen bedingten Resistenz von 11 Wildarten bzw. Wildartderivaten sind auch drei Kultursorten, deren Resistenz vermutlich polygen bedingt ist, befallsfrei geblieben. Zehn weitere Kultursorten und eine Wildart wurden als „feldresistent“ eingestuft. Sowohl resistente als auch feldresistente Genotypen könnten als Kreuzungspartner im Rahmen einer Züchtung auf Mehlauresistenz eingesetzt werden. Das „Pyramidisieren“ verschiedener Resistenzgene ist eine züchterische Strategie, um die Dauerhaftigkeit monogen bedingter Resistenzen zu verbessern. Zur sicheren Unterscheidung der beteiligten Resistenzgene sind eng gekoppelte molekulare Marker unverzichtbar. Unter Verwendung einer AFLP-gestützten ‚Bulked-Segregant-Analyse‘ konnten Marker im Bereich von 37 cM um das Mehlauresistenzgen PI<sub>1</sub> kartiert werden. Zwei der Marker waren deutlich enger an das Zielgen gekoppelt als ein zu Beginn dieser Arbeit vorliegender SCAR-Marker. Um für die markergestützte Selektion einfach handhabbare Marker bereitzustellen, wurde einer der beiden AFLP-Marker in einen SCAR- sowie einen CAPS-Marker umgewandelt. Der SCAR-Marker AU1b-SCAR sowie der CAPS-Marker AU1a-CAPS können im Rahmen von markergestützten Selektionsverfahren eingesetzt werden.

Zur sicheren Bewertung der Resistenz verschiedener *Malus*-Genotypen sind auch genaue Kenntnisse hinsichtlich der Virulenz des Erregers erforderlich. Um die Existenz physiologischer Rassen von *Podosphaera leucotricha* nachzuweisen, sind Einsporisolate des Pathogens von sechs verschiedenen Standorten innerhalb Europas erstellt, langfristig erhalten und sowohl molekular als auch phytopathologisch charakterisiert worden. Die Kultur von Einsporisolen erfolgte auf *in vitro*-Sprossen der hochanfälligen Sorte ‚Gibb’s Golden Gage‘. Die molekulare Charakterisierung der 31 etablierten Isolate unter Verwendung der AFLP-Technik zeigte eine nur sehr geringe Variabilität von weniger als 1 %, welches die fehlende Bedeutung der sexuellen Phase an der Verbreitung des Pathogens widerspiegelt. Das auf der Basis von 54 stabil reproduzierbaren AFLP-Markern erstellte Dendrogramm zeigt die genetische Vielfalt innerhalb des Standorts Ahrensburg sowie zwischen verschiedenen europäischen Standorten. Auf

Grund ihrer genetischen Distanz wurden sechs der Isolate für eine anschließende phytopathologische Charakterisierung ausgewählt. Inokulationsversuche an Einzelblättern in einem Inokulationsturm führten zu einem *Malus*-Differentialsortiment, welches eine Unterscheidung von fünf der sechs Isolate aufgrund ihrer unterschiedlichen Virulenz ermöglicht. Damit konnte gezeigt werden, dass beim Erreger des echten Mehltaus am Apfel, *Podosphaera leucotricha*, physiologische Rassen existieren.

Abstract:

The development of apple varieties displaying durable resistance is one of the major aims in apple breeding programmes worldwide. Within the E.U. project „Durable Apple Resistance in Europe“ (D.A.R.E.) the aim of this work was to contribute to the creation of durable mildew resistant apple varieties. Besides the characterization of resistance sources and the mapping and development of molecular markers for the powdery mildew resistance gene PI<sub>1</sub> the variability of the virulence of the pathogen, *Podosphaera leucotricha*, was characterized as well.

To enlarge the pool of resistance genes that can be used in apple breeding a test collection, consisting of 27 older apple varieties and 14 wild species derivatives, was cultivated under high infection pressure. After three years of mildew assessment it was possible to classify the genotypes due to their resistance level. Besides the generally monogenic resistance of 11 wild species of their derivatives there are also three actual varieties that remained resistant up to date. The resistance of these varieties is supposed to be polygenic. Ten additional varieties and one wild species have been classified as „field resistant“. Both resistant and field resistant genotypes may be used in future mildew resistance breeding programmes.

The pyramidization of different resistance genes is a breeding strategy to prolong the durability of monogenic resistances. For the identification of the different resistance genes within one genotype tightly linked molecular markers are inevitable. By using a AFLP-based „Bulked Segregant Analysis“ several markers within a region of 37 cM around the mildew resistance gene PI<sub>1</sub> have been mapped. Two of them were more closely linked to the gene than an other marker identified previously to the present work. To design markers that are easily applicable in marker assisted apple breeding programmes one of the two tightly AFLP-markers was converted into a SCAR-marker and a CAPS marker. The SCAR-marker AU1b-SCAR and the CAPS marker AU1a-CAPS are ready to be used in marker assisted selection programmes.

For a reliable judgement of the resistance of different *Malus* genotypes an extended knowledge about the virulence of the pathogen is necessary. To prove the existence of physiological races of *Podosphaera leucotricha* monoconidial isolates of the fungus representing six different locations within Europe have been established and maintained over a longer period. They have been characterized using phytopathological tests as well as molecular marker

techniques. Monoconidial isolates were maintained on *in vitro* shoots of the highly susceptible variety ‘Gibb’s Golden Gage’. The molecular characterization with the AFLP technique of the 31 isolates showed a very small genetic variability of less than 1 %. This indicates the low importance of the sexual phase to increase the genetic variability. Using 54 stably reproducible AFLP-markers a genealogical tree was designed. It shows the genetic variability within the local population at Ahrensburg as well as the genetic variability between different locations in Europe. Due to their genetic distance six monoconidial isolates have been chosen for further phytopathological studies. Inoculation tests in an inoculation tower using detached leaves resulted in a differential test set of *Malus*-genotypes which allows the differentiation of five of the six isolates by their virulence pattern. This demonstrates the existence of physiological races of *Podospaera leucotricha*.

In Zusammenarbeit mit: INRA Angers, Frankreich, Lespinnasse, Y., Durel, C. E.; PRI Wageningen, Niederlande, Schouten, H., van der Weg, E.; ETH Zürich, Schweiz, Gessler, C., Kellerhals, M.; BAZ-IOZ, Dresden-Pillnitz, Fischer, C.; HRI East Malling, Großbritannien, Evans, K., James, C.; DCA-BO Bologna, Italien, Sansavini, S., Tartarini, S.; Pomology Institute, Naoussa, Griechenland, Manganaris, S.; [EUProjekt FAIR5 - CT97 - 3898]

(BAZ-6140)

## 2. In vitro Techniken In vitro techniques

### 2.1 Somatische Hybridisierung von Rosen Somatic hybridization in roses

Schum, A.; Hofmann, K.; Felten, R.; Schneiderreit, M.

Zielsetzung:

Protoplastenkulturen bieten gegenüber klassischen Züchtungsverfahren zusätzliche Perspektiven, die genetische Variabilität kultivierter Rosen zu erweitern. Der Einsatz somatischer Hybridisierungen und direkter Transformation soll insbesondere zur Erschließung neuer Resistenzquellen gegenüber pilzlichen Krankheitserregern, wie Sternrußtau (*Diplocarpon rosae*), überprüft werden.

In comparison with conventional breeding methods protoplast cultures offer additional potentials for increasing the genetic variability in cultivated roses. Application of somatic hybridization and direct transformation are pursued with the aim of exploitation of new sources of resistance against fungal pathogens such as *Diplocarpon rosae* (blackspot).

Ergebnisse:

Versuche zur Introgression von Krankheitsresistenz in Kulturosen mittels somatischer Hybridisierung wurden bislang schwerpunktmäßig mit drei diploiden Sternrußtau resistenten Genotypen der Wildarten *R. multiflora*, *R. wi-*

*churaiana* und *R. roxburghii*, sowie den anfälligen Sorten ‘Pariser Charme’ und ‘Heckenzauber’ durchgeführt. Mutmaßlicher Hybridkallus wurde von den Elternkombinationen ‘Pariser Charme’ + *Rosa multiflora*, ‘Pariser Charme’ + *Rosa wichuraiana*, ‘Pariser Charme’ + *Rosa roxburghii*, ‘Heckenzauber’ + *Rosa multiflora* und ‘Heckenzauber’ + *Rosa wichuraiana* regeneriert. Trotz umfangreicher Versuche konnte eine somatische Embryogenese nur im Falle einer asymmetrischen Fusion zwischen ‘Heckenzauber’ und *Rosa wichuraiana* als Donor induziert werden. Regenerierte Sprosse wurden flowcytometrisch untersucht. Solche mit auffällig erhöhten DNA-Gehalten wiesen im weiteren Kulturverlauf Abregulierungserscheinungen auf und starben ab.

Als Ausgangsmaterial für die Protoplastenisolierung wurden im Falle der Sorten embryogene, von den Wildarten nicht embryogene Zellsuspensionskulturen verwendet. Da Protoplasten, die von nicht embryogenen Zellen stammen, lediglich Kallus und keine Pflanzen regenerieren, könnte die mangelnde Induzierbarkeit somatischer Embryonen aus Hybridkallus durch die Protoplastenquelle der Wildarten begründet sein. Daher wurden mit dem Ziel, das Regenerationspotential von Hybridkallus zu erhöhen, Versuche zur Induktion von embryogenem Kallus der Sternrußtau resistenten Genotypen von *R. multiflora*, *R. wichuraiana* und *R. roxburghii* angelegt. Parallel dazu sollte überprüft werden, ob das Regenerationspotential von somatischem Hybridkallus tatsächlich durch Verwendung von Protoplasten, welche bei beiden Fusionspartnern von embryogenen Zellsuspensionskulturen stammen, gesteigert werden kann. Dazu wurden PEG induzierte Fusionen zwischen den beiden Kulturarten einerseits und der sehr regenerativen Rosenhybride *Rosa persica* x *Rosa xanthina* andererseits durchgeführt. Mutmaßlicher Hybridkallus wurde von beiden Kombinationen ‘Pariser Charme’ + (*Rosa persica* x *Rosa xanthina*) sowie ‘Heckenzauber’ + (*Rosa persica* x *Rosa xanthina*) erhalten und auf Embryoinduktionsnährmedium überführt.

Eine Vorbehandlung der Protoplasten mit den Antimetaboliten Jodacetat beziehungsweise Rhodamin 6G soll zu einer bevorzugten Regeneration heterologer Fusionsprodukte führen. Es zeigte sich jedoch, dass offensichtlich aufgrund einer inkonsistenten Sensitivität der Protoplasten die Proliferation nicht fusionierter Zellen sowie homologer Fusionsprodukte nicht in jedem Fall vollständig unterdrückt wird. Mutmaßliche Hybridkalli sollten daher flowcytometrisch untersucht werden, um anhand ihres Ploidieniveaus interessierende Linien bereits auf Kallusebene identifizieren zu können. Ergebnisse werden jedoch nur im Falle von Kallus harter Konsistenz erzielt (Abb. 1), wohingegen von weichem und embryogenem Kallus keine auswertbaren Histogramme zu erhalten sind. Daher wurde damit begonnen, die Kalluslinien molekular mit Hilfe von Mikrosatellitenmarkern zu analysieren. Die benötigten spezifischen SSR-Primer wurden von der AG Debener zur Verfügung gestellt. Es konnten solche ermittelt werden, mit welchen sich die beiden Sorten und die Wildarten *R.*

*multiflora*, *R. wichuraiana*, *R. roxburghii* und *Rosa persica* x *Rosa xanthina* differenzieren und damit auch deren Hybride identifizieren lassen.

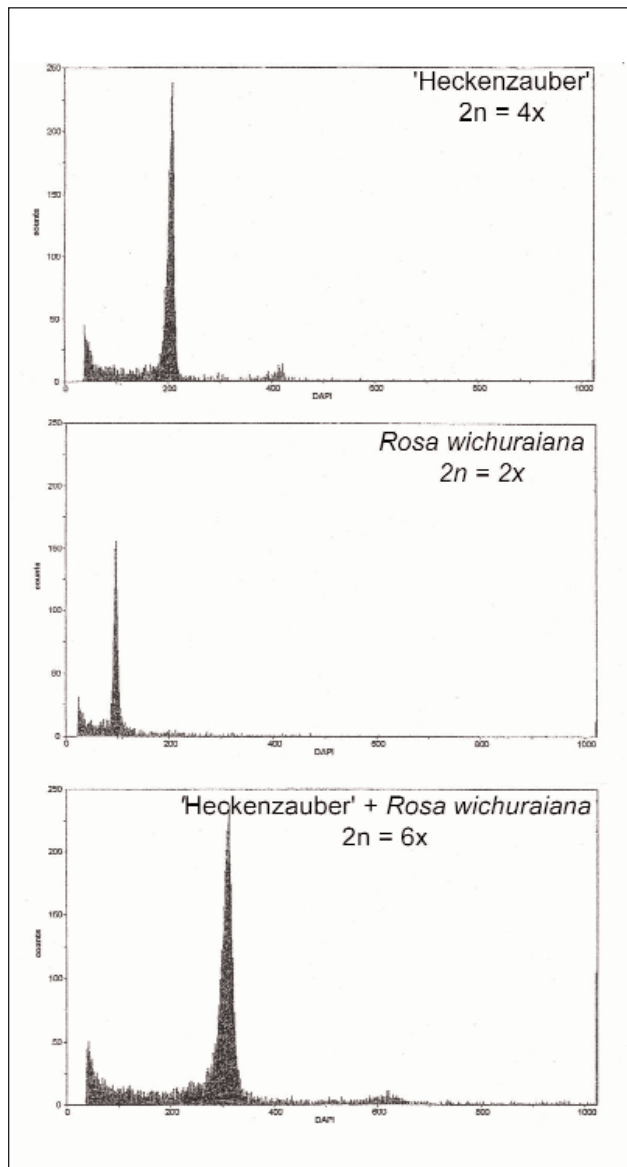


Abb. 1: Flowcytometrische Untersuchung von Kallus der Eltern und einer somatischen Hybride von 'Heckenzauber' und *Rosa wichuraiana*

Fig. 1: Analysis of calli regenerated from a protoplast fusion experiment between cv. 'Heckenzauber' and *Rosa wichuraiana* by flowcytometrie

**Abstract:**

Regeneration has been obtained after fusion of protoplasts from the parental combinations 'Pariser Charme' + *Rosa multiflora*, 'Pariser Charme' + *Rosa wichuraiana*, 'Pariser Charme' + *Rosa roxburghii*, 'Heckenzauber' + *Rosa multiflora* and 'Heckenzauber' + *Rosa wichuraiana*. So far, induction of somatic embryogenesis from putative hybrid callus is restricted to asymmetric fusion products. Regenerated shoots died, however, after continuous loss of chro-

mosomes. Protoplasts were isolated from embryogenic cell suspension cultures in case of cultivars, while non embryogenic cultures served as protoplast source in case of wild species. In order to increase the regenerative potential of hybrid callus, experiments were initiated to induce embryogenic callus from leaves of the blackspot resistant wild species genotypes. With the aim to check the assumed higher morphogenetic capacity of hybrid callus derived from somatic hybridization between protoplasts from embryogenic source material of both partners, PEG mediated fusion was performed between cultivars and the hybrid *Rosa persica* x *Rosa xanthina*, which is known for its high regenerative potential. Putative hybrid callus was obtained from the parental combinations 'Pariser Charme' + (*Rosa persica* x *Rosa xanthina*) as well as from 'Heckenzauber' + (*Rosa persica* x *Rosa xanthina*) and is subcultured on embryo induction medium at the time being. Pretreatment of protoplasts with the antimetabolites iodoacetate and R6G inducing complementary defects, should lead to preferential regeneration of heterologous fusion products. However, sensitivity of protoplasts to chemicals proved to be inconsistent, resulting in regeneration of differing percentages of cell lines other than of hybrid character. Selection of somatic hybrids at an early stage can be performed by application of flow cytometry only in case of callus of hard consistency (Fig. 1), as histograms of loose and friable callus do not reveal any peaks but only display background signals distributed over all channels. Therefore callus lines are analyzed with molecular marker techniques. Specific SSR primers, which were obtained from T. Debener, were determined to allow differentiation between cultivars and *R. multiflora*, *R. wichuraiana*, *R. roxburghii* or *Rosa persica* x *Rosa xanthina*, respectively.

BAZ - 6124

**3. Stabilität Transgener und Genflußanalysen  
Stability of transgenics and gene flow analysis**

**3.1 Untersuchungen zur Stabilität von transgenen  
*Rosa* x *hybrida* Genotypen  
Analyses of transgene expression in *Rosa* x *hybrida* genotypes**

Debener, T.; Marschke, J.; Dohm, A.

**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 lang-

fristig 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:**

Zu Beginn der Untersuchungen wurde festgestellt, dass die Messwerte des fluorometrischen GUS-Assays bei Rosen erhebliche Schwankungen zwischen den Wiederholungen aufwiesen. Abweichend von den in der Literatur beschriebenen Protokollen führten schon geringe Extraktmengen bei Rosen zu einer Sättigung im fluorometrischen Assay (Abb. 1), so dass die Methode weiter optimiert werden musste. Diese technischen Probleme wurden auch bei anderen Gehölzen (Rhododendron und Pappel) festgestellt

und erstreckten sich bei Rosen außerdem auf die Messung der Protein und DNA-Konzentration im Extrakt. In mehreren Versuchen wurden verschiedene Extraktionspuffer, Puffermengen, Pufferzusätze, Aufreinigungsverfahren für den Rohextrakt sowie Reaktionszeiten getestet. Mit dem Puffer nach BioRad + 4 % PVP konnten nach 3h Reaktionszeit mit 3µl Rohextrakt auf 500µl Assaypuffer die besten Ergebnisse erzielt werden.

Erste Orientierungsversuche zeigten sowohl genotyp- als auch organspezifische Unterschiede in der GUS-Expression (Abb. 2).

Um den Effekt des genetischen Hintergrundes auf die GUS-Expression in spaltenden Nachkommenschaften zu testen, wurden Kreuzungsnachkommenschaften aus Kreuzungen des Vorjahres untersucht. Insgesamt wurden Nachkommenschaften für 9 verschiedene transgene Genotypen aus 61 Kreuzungen mit über 1500 Einzelpflanzen erhalten. Diese Nachkommenschaften wurden bisher im qualitativen Gus-Assay untersucht. Vier Genotypen zeigten dabei eine Spaltung für einen einzelnen und drei für zwei unabhängige Loci. In einer Nachkommenschaft konnte keine GUS-Aktivität nachgewiesen werden während zwei Nachkommenschaften nicht interpretierbare Spaltungsverhältnisse aufwiesen (Tab. 1).

Um zu überprüfen, inwieweit Stress die Expression verändert, wurden zwei Temperaturstressversuche mit je 8 bzw.

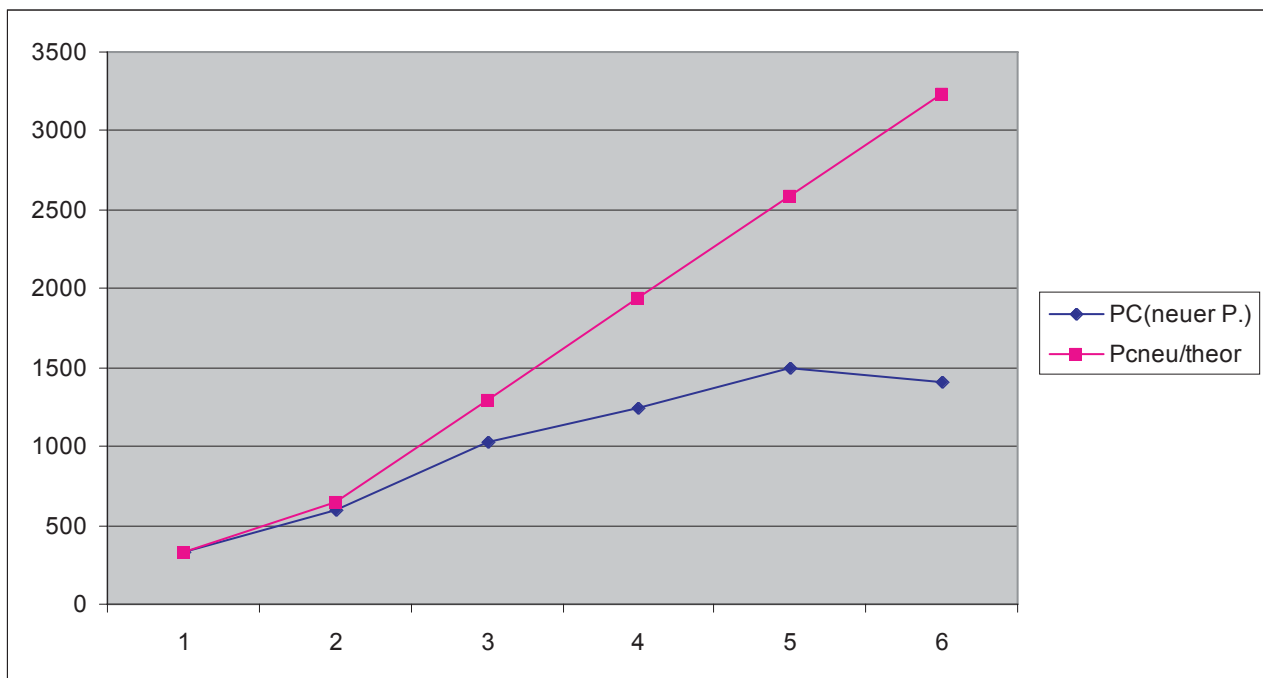


Abb. 1: Fluorometrischer GUS-Assay mit verschiedenen Extraktmengen bei transgenen Rosen. X-Achse = µl Extrakt in 500µl Assaypuffer, Y-Achse = relative Fluoreszenzwerte

Fig. 1: Fluorometric GUS-assay for transgenic roses. X-axis = amount of raw extract (µl) per 500µl assaysolution Y-axis = relative fluorescence

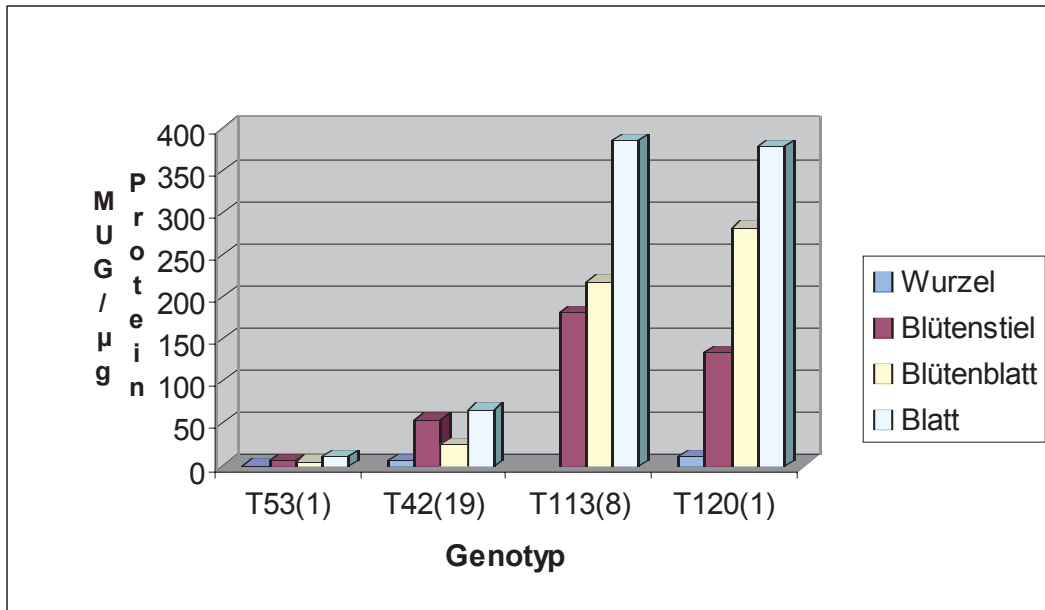


Abb. 2: Fluorometrische GUS-Messung an verschiedenen Organen von vier verschiedenen transgenen Rosengentypen  
 Fig. 2: Fluorometric GUS assay of different organs from four different transgenic rose genotypes

Tab. 1: Spaltungsverhältnisse für die Nachkommen-schaften aus je einem transgenem Kreuzungselter mit nichttransgenen Pflanzen

Table 1: Segregation of GUS activity in progeny of different transgenic rose lines with nontransgenic roses

Transgener Kreuzungselter	Spaltungsverhältnis (Gus positiv: Gus-negativ)
T42(19)	1:1
T42(13)	1:4-1:9
T42(7)	1:1
T113(8)	3:1
T120(1)	3:1
T111(18)	1:1
T111(17)	1:1
T118(1)	1:3
T42(100)	0:1

5 Genotypen und 5 Pflanzen pro Genotyp durchgeführt. Dazu wurden die Pflanzen für zwei Wochen in der Klimakammer bei 20 °C vorkultiviert und dann für zwei Wochen einer Temperatur von 35 °C ausgesetzt. Als Kontrolle wurde die Gus-Expression vor Erhöhung der Temperatur gemessen und dann nach einem, fünf und 14 Tagen unter der erhöhten Temperatur (Abb. 3).

Während zwei der hochexprimierenden Genotypen (T42-7 und T42-19) ihre Expression unter Temperaturstress weiter erhöhen, kann bei den drei Genotypen mit mittlerer bzw. niedriger Expression eine Verringerung der Expression im Vergleich zur Kontrolle beobachtet werden. Die unterschiedlichen Verläufe und die Muster der Veränderungen innerhalb der einzelnen Genotypen lassen zur Zeit

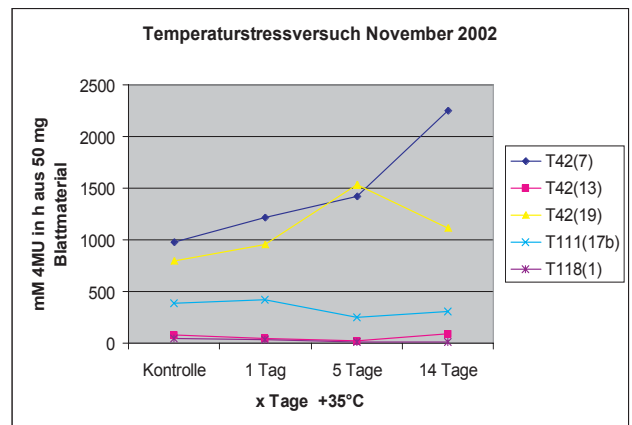


Abb. 3: Veränderung der GUS-Expression von fünf transgenen Rosengentypen nach Kultur unter Temperaturstress

Fig. 3: Changes in the GUS expression of five transgenic rose genotypes under temperature stress

noch keine Rückschlüsse über die Ursache der Schwankungen zu.

Abstract:

After further adjustments of the fluorometric gus assay different transgenic rose genotypes were compared concerning their level of GUS-expression. Apart from large differences between genotypes differences between different plant organs are obvious. Furthermore, first data on the segregation of GUS activity were recorded in progeny of crosses between transgenic and nontransgenic plants. Cul-

tivation of roses under increased temperature changed the level of GUS-activity although the causes for these changes can not be explained so far.

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

(BAZ-6141)

### 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

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

#### 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:

Im Rahmen des Teilprojektes 1 des Gesamtvorhabens sollten mit Hilfe eines Auspflanzungsversuches der Genfluß von zwei nicht transgenen Rosensorten auf, in Abständen von einem (Abb. 1), 20 und 200 Metern angepflanzten, diploiden, selbstinkompatiblen Fängerpflanzen untersucht



Abb. 1: Spenderpflanzen und erster Ring von Fängerpflanzen am Standort Ahrensburg im Sommer 2002

Fig. 1: Field plot for gene flow experiments at Ahrensburg in summer 2002

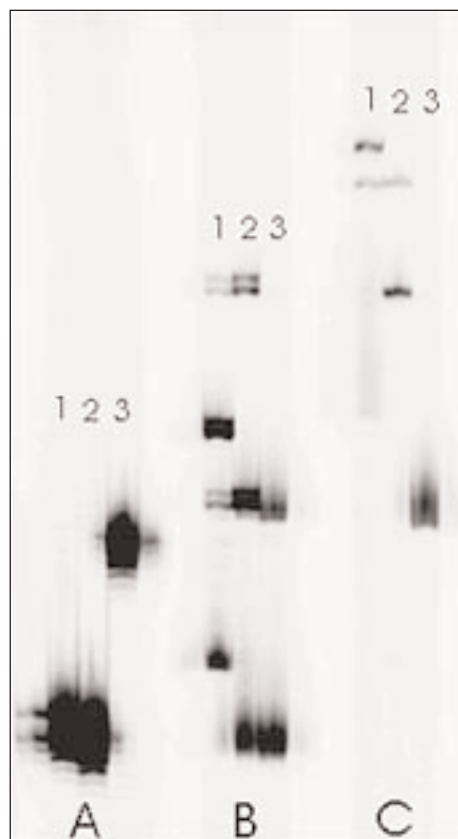


Abb. 2: Test von verschiedenen Mikrosatellitenmarkern (A-C) zur Unterscheidung der Spendergenotypen Pariser Charme (1), Heckenzauber (2) und des Empfänger-genotyps 91/1-117 (3)

Fig. 2: Analyses of three different microsatellite markers (A-C) discriminating the pollen sources of cv.Pariser Charme (1), cv. Heckenzauber (2) and the pollen receptor 93/1-117 (3)

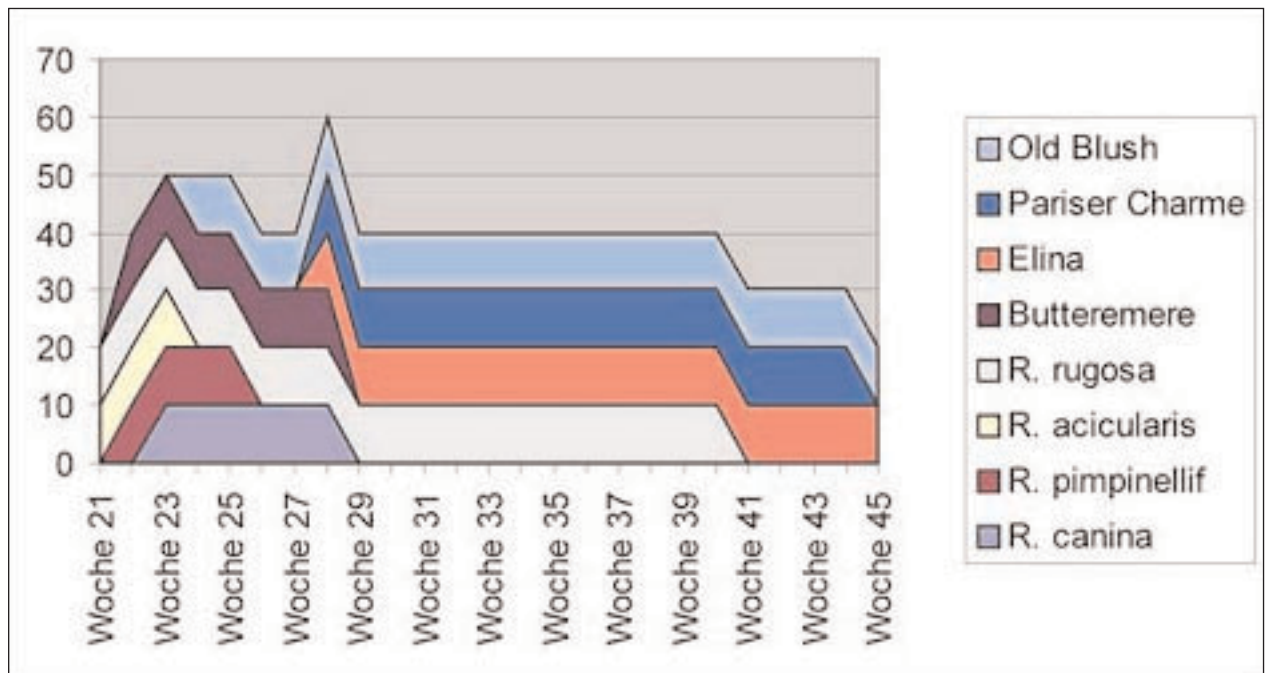


Abb. 3: Blühverlauf ausgewählter Rosensorten und -Arten an zwei Standorten in Ahrensburg  
 Fig. 3: Phenology of rose varieties and wild species in two field plots in Ahrensburg

werden. Als Standorte wurden neben dem Institut für Zierpflanzenzüchtung das Institut für Rebenzüchtung in Siebeldingen und das Institut für landwirtschaftliche Kulturen in Groß Lüsewitz ausgewählt. Der Versuch in Groß Lüsewitz musste aufgrund von Fraßschäden im Frühjahr 2002 neu aufgepflanzt werden, wurde jedoch im Herbst 2002 erneut durch Fraßschäden zerstört und kann daher nicht ausgewertet werden. Am Standort Siebeldingen konnte nur eine schwache Blüte der Spenderpflanzen beobachtet werden, während die Fängerpflanzen normal abblühten. Durch die schwache Blüte der Spenderpflanzen wurden auf den selbstinkompatiblen Fängerpflanzen nur wenige Hagebutten gebildet, die nach Aussaat Ende 2002 Anfang 2003 getestet werden können. Die Blüte der Spender und Fängerpflanzen am Standort Ahrensburg erfolgte normal und hatte einen hohen Samenansatz bei den Fängerpflanzen zur Folge. Nach Vorbehandlung der Samen durch einwöchiges Waschen mit Aktivkohle bei 4 °C erfolgte die Keimung der meisten Samen bereits bei Raumtemperatur nach ca. drei Wochen. Junge Sämlinge stehen damit für die ersten molekularen Untersuchungen im Januar 2003 zur Verfügung.

Parallel zur Ernte des Saatgutes wurde die Suche nach geeigneten Mikrosatelliten für die eindeutige Differenzierung von Spender und Fängerpflanzen durchgeführt. Von den zusätzlichen 40 getesteten Primerkombinationen von Mikrosatelliten aus *R. hybrida* und *R. wichuraiana* erwiesen sich 12 als hoch informativ und werden zur Zeit auf ihre Multiplexeignung getestet (Abb.2).

Weiterhin wurden, wie in 2001, auch in 2002 Beobachtungen zum Blühverlauf verschiedener Rosensorten und Wildarten durchgeführt (Abb. 3). Trotz geringfügiger Verschiebungen zeigte sich erneut, dass einige Wildarten, vor

allem eingebürgerte Arten wie z.B. *Rosa rugosa* mit einer langen Blühperiode, das Potential für einen Genfluß von Kulturrosen zu Wildrosen besitzen.

Im Rahmen des Teilprojektes 2 soll Saatgut von Wildarten, die in der Nähe von größeren Kulturrosenbeständen wachsen auf das Vorhandensein von kulturrosenspezifischen Allelen untersucht werden. Hierzu wurden an 5 Standorten in der Nähe größerer Versuchsfelder von Rosenzüchtern Blattmaterial und Saatgut 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 vorhanden sind. In insgesamt 620 Dreierpools konnten bisher keine Allele von Kulturrosen detektiert werden.

Abstract:

In field experiments on gene flow from tetraploid garden roses to diploid, self incompatible genotypes seed were harvested from the sink plants at two locations. This is currently analysed with microsatellite markers. In parallel, DNA extracted from pools of seed harvested from wild roses in the vicinity of large fields of garden roses was analysed with microsatellites. However, no contamination of the wild seed with alleles from cultivated roses could be detected so far.

In Zusammenarbeit mit:

Fa. Kordes Söhne; Fa. Rosen Tantau; PRI, Wageningen, Dr. Ben Vosmann; Clemson University, USA., Dr. Sriyani Rajapakse

BAZ-6142

### 3.3 Untersuchungen zur Risikoabschätzung und Merkmalsstabilität transgener immergrüner Rhododendren

#### Investigations on risk assessment and gene stability in transgenic evergreen rhododendrons

Merkt, B.; Radies, M.; Seehaus, H.; Krieger, S.; Dunemann, F.

#### Zielsetzung/Aim:

Bei Rhododendron ist ein vertikaler Gentransfer über Pollen prinzipiell möglich und damit verbunden eine Ausbreitung transgener Genotypen in naturnahe und forstlich genutzte Ökosysteme. Ausgehend von nicht transgenen Rhododendrongenotypen soll im Freilandversuch mit Hilfe hochvariabler Mikrosatelliten-Loci evaluiert werden, wie groß die Wahrscheinlichkeit eines Genflusses ist. Zusätzlich soll stellvertretend für immergrüne Laubgehölze am Beispiel Rhododendron die Merkmalsstabilität vorhandener gentechnisch veränderter Rhododendren im S1- Gewächshaus untersucht werden. Hierfür steht eine größere Auswahl an Pflanzen zur Verfügung, die mit dem GUS-Reporter gen sowie mit rol ABC-Genen transformiert wurden. Für die Expressionstudien sollen die Pflanzen auch verschiedenen Umweltstressoren, wie UV-Licht und erhöhter Temperatur, ausgesetzt werden.

A vertical gene transfer by pollen is principally possible, therefore a spread of transgenic genotypes into natural ecosystems and forests cannot be excluded. By using non transgenic rhododendron genotypes the risk of a vertical gene flow will be assessed in the field on the basis of highly variable microsatellite loci as model genes. In addition, the gene stability of GUS- and rol ABC-transgenic genotypes will be analyzed under different conditions in the greenhouse. It will also be studied whether environmental stress factors, such as UV-light and enhanced temperature, can influence the gene expression of transgenes controlled by different promoters.

#### Ergebnisse:

Zur Hauptblütezeit der Rhododendren im Mai 2001 wurden für das Genflussexperiment die Rhododendrongenotypen 'Cunningham's White' (CW), 'Catawbiense Grandiflorum' (Cat), 'Blue Peter' (BP), 'LeProgres' (LP), und 'Nova Zembla' (NZ), in 50 l -Container getopft und diese im Freiland des Ahrensburger Instituts an drei verschiedenen Stellen in Kreuzdesigns aufgestellt. Dabei wurden 'Cunningham's White' als Pollendonator zusammen mit 'Le Progres' als Pollenfänger 'Catawbiense Grandiflorum' mit 'Blue Peter', sowie 'Catawbiense Grandiflorum' mit 'Nova Zembla' kombiniert. Ein Genotyp wurde jeweils in der Mitte, der andere auf den Armen des Kreuzes in verschiedenen Abständen von der Mitte aufgestellt. Die im Herbst 2001 geernteten Saatgutmengen variierten erheblich zwischen den Pflanzen des jeweiligen Designs, waren aber ausreichend, um im Frühjahr 2002 umfangreiche molekulare Analysen an den Sämlingen mit Hilfe von Mikrosatellitenmarkern durchzuführen. Die dafür benötigten spe-

zifischen SSR-Primer wurden bereits im Rahmen des Forschungsvorhabens „Genetische und molekulargenetische Charakterisierung von gartenbaulich wichtigen Merkmalen bei Rhododendron“ entwickelt. Zunächst wurde ermittelt, welche der ca. 30 erstellten Mikrosatelliten- Primer zur Untersuchung der Rhododendron- Nachkommenschaft am geeignetsten sind. Von diesen wurden drei SSR-Primerpaare (SSRDC 027, 045 und 046) ausgewählt, mit denen eine genaue molekulare Beschreibung der Sämlinge und damit die Zuordnung der Markerallele zum jeweiligen Ausgangselter möglich war (Abb. 1). Die Untersuchungen ergaben bei den Kombinationen Cat/BP und Cat/NZ eine hohe Auskreuzungsfrequenz von bis zu 86 % sowie einen beachtlichen Anteil von Fremdbefruchtung aus Rhododendronbeständen der näheren Umgebung. Es muß damit gerechnet werden, dass transgene Rhododendren im Freiland ein ähnliches Auskreuzungsverhalten wie nicht transgene aufweisen.

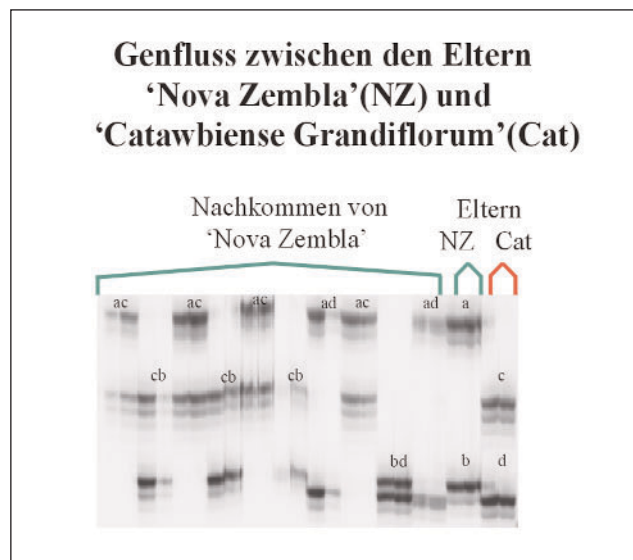


Abb. 1: PCR Muster mit den Mikrosatellitenprimern SSRDC 027

Fig. 1: PCR pattern of microsatellite primers SSRDC 027

Die für die Untersuchungen zur Merkmalsstabilität vorgesehenen rol-transgenen Pflanzen wurden phänotypisch wie molekular eingehend charakterisiert. Der gesamte Pflanzenbestand wurde hinsichtlich der Wachstumseigenschaften (normal, kompakt, sehr kompakt), der Triebzahl und der Eignung für Stecklingsvermehrung und Veredelung bonitiert. Da der Gesamtumfang des verfügbaren rol-transgenen Materials mit mehreren hundert Pflanzen eine molekulare Analyse aller Einzelpflanzen nicht zuließ, wurden grössere Stichproben der wichtigsten transgenen Linien, d. h. vor allem der Linien mit eindeutig verändertem Phänotyp untersucht.

Genspezifische PCRs mit rol A , rol B und rol C-Primern wurden an 100 Pflanzen durchgeführt. Parallel dazu wurden Southern- Hybridisierungen an einzelnen Pflanzen der Linien 3/3-1, 4/5-3, 8/3-1, 8/3-2, 8/3-3, 8/3-4, 8/3-5, 8/3-



6 sowie an den Eltern RD 2-30 und CW vorgenommen, um eine Aussage über die Kopienzahl der Transgene zu erhalten. In Pflanzen der Linie 8/3-5 fanden wir drei Kopien des Transgens. Interessanterweise ist dies auch die rol ABC-Linie mit der stärksten morphologischen Veränderung. Die Pflanzen dieser Linie sind sehr kompakt und zeigen kleine verdrehte Blätter, d.h. sie entsprechen in typischer Weise dem erwarteten „klassischen“ rol-Phänotyp. Da bei dieser Linie eventuell auftretende Instabilitäten sehr wahrscheinlich am einfachsten visuell zu detektieren sind, wurde sie über Stecklinge vermehrt, um zusätzliches Pflanzenmaterial für die in 2003 geplanten Stressversuche zu erhalten.

Erste Instabilitäten, d.h. das Auftreten von normal erscheinenden Blättern und Seitentrieben waren molekular bisher nicht als solche zu verifizieren, d.h. die Proben waren nach Durchführung transgen-spezifischer PCRs als „negativ“ einzustufen. Während im Fall der rol-Gene der transgene Phänotyp relativ einfach visuell zu bonitieren war, mußten an den GUS-transgenen Genotypen histochemische Tests und fluorometrische Messungen durchgeführt werden, um vor Beginn der eigentlichen Stabilitätsuntersuchungen den Ist-Zustand der Pflanzen zu erfassen. Mittels histochemischer GUS-Färbung wurden jeweils drei unterschiedlich alte Blätter einer Pflanze untersucht. 21 der insgesamt 23 vorhandenen Pflanzen erwiesen sich als einheitlich GUS-positiv.

Bei den fluorometrischen GUS-Untersuchungen gab es insofern Schwierigkeiten, als der im Blattextrakt gemessene Proteingehalt, der üblicherweise als Bezugsgröße für die GUS-Aktivität verwendet wird, je nach Zelltyp stark schwankte. Da außerdem das Alter von Blättern mehrjähriger Rhododendron Pflanzen nicht eindeutig bestimmbar ist, wurde darauf verzichtet, Blätter verschiedener Pflanzen zu vergleichen. Innerhalb einer Pflanze konnte jedoch gezeigt werden, dass die GUS-Expression mit dem Alter der Blätter abnimmt. Da auch der spezifische Einfluss eines nicht- konstitutiven Promotors untersucht werden soll, wurden entsprechende neue Transformationsexperimente mit der Aufzucht von in vitro Material vorbereitet. Es ist geplant, neben dem konstitutiven CMV-Promotor den lichtinduzierbaren rbcS- Promotor für GUS-Expressionsstudien an Rhododendronpflanzen einzusetzen. Desweiteren soll der Einfluß nicht-transgener und transgener Unterlagen auf die GUS-Merkmalausprägung von veredelten Rhododendrongenotypen untersucht werden. Dazu wurden im Februar 2002 Veredelungen von GUS-transgenen Sprossen auf verschiedene rol-transgene Linien (4/5-1, 4/5-2, 7/7-1, 8/3-2, 8/3-3) sowie nicht-transgene Kontrollgenotypen (Cunningham's White, Rh10, RD2-2, RD2-30, RD3-34) durchgeführt.

Abstract:

During the flowering time in May 2001 the rhododendron genotypes 'Cunningham's White' (CW), 'Catawbiense Grandiflorum' (Cat), 'Blue Peter' (BP), 'Le Progres' (LP) and 'Nova Zembla' (NZ) were potted in 50 l containers

and positioned in various cross designs in the fields of the institute. In these designs CW and LP, Cat and BP, as well as Cat and NZ were combined, respectively. One of the respective genotypes was positioned in the centre of the cross, the other in different distances from it on its four arms. The amount of seeds harvested in autumn varied significantly from plant to plant but was sufficient to perform molecular marker analyses during spring 2002 by using SSR primers developed in an earlier project with Rhododendron. As a result we found within two of the three designs a high rate of outcrossing. Additionally a significant amount of the rhododendron plants was pollinated from outside. For a molecular characterization of the rol ABC transgenic genotypes PCR with rol ABC-primers and Southern-Hybridisation were carried out. We detected in plants of the line 8/3-5 three copies of the rolABC-transgenes. We did not observe instabilities of these transgenes until now. In addition we have to measure the GUS-expression of GUS-transgenic shoots which were grafted on rol ABC- transgenic and on normal rootstocks. For gene expression studies, planned in the next year, histochemical tests and fluorometric measurements on leaves from GUS-transgenic rhododendron plants of different age have already been carried out. It could be shown that within a particular plant the GUS-expression decreases with increasing age of the leaves. Beside the investigations on already available GUS- and rol ABC-transgenic rhododendron genotypes, it is planned to create further transgenic plants, which will have the GUS-gene under the control of the light-induced rbcS- promotor.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Zierpflanzenzüchtung, Ahrensburg, T. Debener; BA für Forst- und Holzwirtschaft, Inst. für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Großhansdorf, M. Fladung; Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Biologie, K. Zoglauer

(BAZ-6140)

#### **4. Grundlagen zur Herstellung von Basis-material**

##### **Basic research on development of basic material**

#### **4.1 Schaffung der Grundlagen für die Hybridzüchtung bei *Helleborus niger* L.**

##### **Basic research on hybrid breeding in *Helleborus niger* L.**

Oenings, P.; Grunewaldt, J.

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 und Basismaterial zur Hybridsortenzüchtung zu entwickeln, 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 and basic material for variety development.

#### Ergebnisse:

Die Chromosomengrundzahl von *Helleborus* von 32 Chromosomen verteilt sich auf vier Chromosomensätze zu je 8 Chromosomen. Die daraus abzuleitende, tetraploide Konstitution führt theoretisch zu autotetraploiden Genotypen mit vier identischen Chromosomensätzen und komplexer Aufspaltung in Kreuzungs- und Selbstungsnachkommenschaften. Daneben lässt die spontane Kreuzung zwischen *Helleborus*unterarten und Arten auch eine allopolyploide Konstitution mit entsprechend jeweils nur zwei identischen Chromosomensätzen erwarten. Entsprechend ergibt sich eine von der autotetraploiden Konstitution abweichende Aufspaltung in Nachkommenschaften.

Die nach gezielter Bestäubung festzustellende starke Abweichung des Samenansatzes zwischen unterschiedlichen Kreuzungen lässt neben anderen Erklärungen auch den Schluß zu, dass bei *Helleborus* auch Aneuploide, also Genotypen mit einer von 32 abweichenden Chromosomenzahl auftreten können.

Aus einem *Helleborus*-Pflanzenbestand wurden Einzelpflanzen ausgewählt. Bei diesen Pflanzen wurde mittels konventioneller Färbetechnik (Feulgen) die Anzahl der Chromosomen während der Metaphase bestimmt. Bei den meisten Pflanzen bestätigte sich der vermutete tetraploide Charakter mit  $2n = 4x = 32$  Chromosomen.

Es konnte aber ein Exemplar mit weniger als 32 Chromosomen identifiziert werden. Diese Aneuploidie bzw. Hypoploidie führt zur Bildung nicht funktionsfähiger Gameten und deshalb zum Ausschluss dieser Pflanze. Ein weiteres Exemplar wies eine hexaploide Konstitution mit  $2n = 6x = 48$  Chromosomen auf. Auch diese Pflanze wird für die weitere Hybridzüchtung wegen zu erwartender Störung in der Gametenausbildung nicht weiter berücksichtigt.

Mit den Ergebnissen der Chromosomenauszählung konn-

ten Standards gesetzt werden, um bei einer größeren Anzahl von Pflanzen mittels flow-cytometrischer Untersuchung den Ploidiegrad zu bestimmen. Von den 100 untersuchten Pflanzen sind 98 tetraploid und zwei aneuploid.

#### Unterscheidung von Genotypen

Der Erfolg einer Hybridzüchtung hängt von der genetischen Verschiedenheit der verwendeten Eltern und dem Grad der Homozygotie (Reinerbigkeit) dieser Eltern ab. Eine effiziente Methode die genetische Verschiedenheit zu bestimmen, eröffnet die Erstellung von Fingerprints der zu vergleichenden Genotypen. Es ist davon auszugehen, dass nach Testung und Auswahl umfangreicher Primer-Kombinationen auch für *Helleborus* ein effizientes Fingerprint-Protokoll erstellt werden kann, mit dem qualitativ reproduzierbare, quantitativ auswertbare Fingerprints erstellt werden können. Dafür ist es zunächst notwendig DNA entweder aus dem Blatt, der Blüte, dem Stängel oder der Wurzel zu isolieren. Aus versuchstechnischen Gründen erwiesen sich junge Blätter als geeignetes Ausgangsmaterial. Die Testung und Adaption diverser DNA-Extraktionsprotokolle wie CTAB, Kobayashi, Qiagen DNA-Minikit u.a., führten zu einer effektiven Methode, „saubere“ DNA in ausreichender Menge aus Blättern von *Helleborus niger* zu gewinnen.

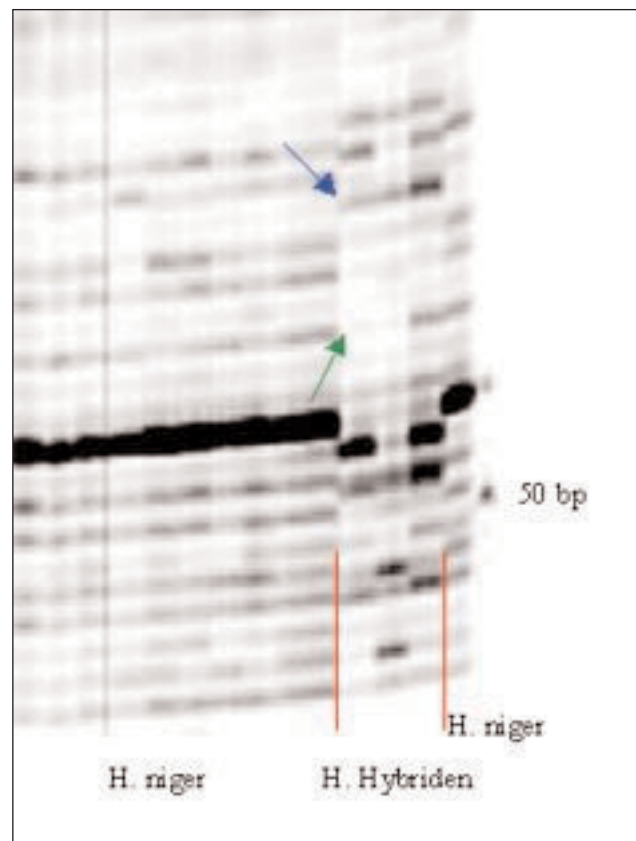


Abb. 1: AFLP Fingerprints von elf *Helleborus niger* Genotypen und drei *Helleborus niger* Hybriden. Abweichende Bandenmuster sind durch Pfeile markiert

Fig. 1: AFLP fingerprints of 11 *H. niger* genotypes and 3 *H. niger* hybrids. Differing band patterns are marked with arrows

Zur Erstellung der Fingerprints wurde zunächst die RAPD-Methode gewählt. Nach Testung einer größeren Anzahl von Primern konnten einige 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* angewendet. Diese Technik zur Erstellung von Fingerprints basiert auf der selektiven PCR von Restriktionsfragmenten, die bei einem vollständigen Restriktionsverdau genomischer DNA entstehen. Nach Testung geeigneter Restriktionsenzyme und dazugehörigen Ligationsadaptoren wurden bisher etwa 400 Primer getestet. Von diesen 400 Primern generieren 10 neben identischen Banden auch Polymorphismen.

Abbildung 1 zeigt Fingerprints von elf *H. niger* Genotypen und drei *H. niger* Hybriden. Innerhalb der elf *H. niger* Genotypen und der *H. niger* Hybriden sind keine Bandenunterschiede festzustellen, wohl aber zwischen den beiden untersuchten Pflanzengruppen. So tritt z.B. eine Bande bei etwa 62 bp (blauer Pfeil) nur bei *H. niger* Hybriden, eine Bande bei etwa 58 bp (grüner Pfeil) überwiegend bei *H. niger* Genotypen auf.

Abstract:

The genome of *Helleborus* includes 32 chromosomes within four chromosome sets with eight chromosomes each. Theoretically the resulting, tetraploid constitution expresses autotetraploidy with a corresponding offspring 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 analyzed 100 *Helleborus* plants show a tetraploid constitution, two were aneuploid and one hexaploid. To identify individual genotypes on a fingerprint basis about 400 primers have been tested, ten of them being 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.

In Zusammenarbeit mit: Glandorf, Heuger, J.

(BAZ-6152)

#### 4.2 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*)

Südbeck, H.; Grunewaldt, J.; Debener, T.

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, so dass die Anwendung bestehender Zuchtmethoden und deren Ergänzung durch neuere, molekulargenetische Methoden aussteht. Diese zu erarbeiten und zur Erstellung von Basismaterial zu nutzen ist 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 and to select basic breeding material.

Ergebnisse:

Leistungsprüfungen

Im Jahr 2002 traten im Versuchsmaterial durch mehrfache Hagelschauer und lang anhaltende starke Niederschläge mit anschließender Staunässe große Verluste auf. Die verbleibenden Pflanzen waren hinsichtlich ihrer sortenrelevanten, morphologischen Eigenschaften nicht zu bonitieren.

Selektion auf Mehltautoleranz

Ende August setzte Befall mit echtem Mehltau (*Erysiphe cichoracearum*) unterschiedlich starker Ausprägung ein, der eine Beurteilung des Materials hinsichtlich der Befallsunterschiede zuließ.

Das untersuchte Material umfasste 12 Nachkommenschaften in F<sub>1</sub> aus Saatgut, das 2001 in einer Isolationsparzelle zur Akkumulation der Mehltautoleranz erzeugt wurde. Je Nachkommenschaft konnten aufgrund der hohen Verluste von ursprünglich 80 gepflanzten Genotypen zwischen 50 bis 79 Einzelpflanzen, sowie je 5 Pflanzen von 27 Sorten geprüft werden: Folgende Sorten wurden untersucht: 'Classic Carmen', 'Classic Summertime', 'Classic Swanlake', 'Cynthia', 'Formosa', 'Foxtrott', 'Gertrud', 'Herold', 'Hypnose', 'Kalif', 'Kardinal', 'Karfunkel', 'Karnelol', 'Leila', 'Loki Schmidt', 'Luna', 'Märchenland', 'Morgensonne', 'Optimist', 'Posthorn', 'Purpurmante', 'Roter Stern', 'Schloß Reinbeck', 'Schneekönigin', 'Sonnensstrahl', 'Tamara', 'Windrose'.

Alle zu testenden Genotypen wurden in Reihen zu je 40 mit einem Reihenabstand von 0,8 m und einem Abstand von 0,5 m in der Reihe aufgefällt. Die Versuchsanlage wurde mit einem Mantel eines gegen den Mehltau hochanfälligen Genotyps umpflanzte. Zusätzlich bestand jede fünfte Reihe ausschließlich aus dem hochanfälligen Genotyp. Dieses sollte eine optimale Verbreitung des Pilzes im Be-

stand gewährleisten.

Die Boniturklassen der Mehltaubonitur umfassen die Stufe 0, entsprechend befallsfrei, sowie die Stufen 1, 2 und 3 mit zunehmendem Befall.

Die Zuordnung der Genotypen zu den einzelnen Boniturklassen zeigt Tab.1. Von den geprüften 12 Nachkommenschaften enthalten, ebenso wie alle einbezogenen Sorten, fünf keine resistenten Pflanzen der Boniturklasse 0. In sieben Nachkommenschaften treten dagegen resistente Pflanzen auf deren Anteil zwischen 1,4 % (NK 351) und 19 % (NK 331) liegt. Anfällige F<sub>1</sub>-Pflanzen in Boniturklasse 3 sind nur in einer Nachkommenschaft (NK 351) vertreten (Tab.1). Dabei handelt es sich um dieselbe, die den geringsten Anteil resistenter Pflanzen enthält. Die Verteilung der F<sub>1</sub>-Pflanzen innerhalb der Nachkommenschaften auf die Boniturklassen 1 und 2 ist unabhängig von der Häufigkeit resistenter oder voll anfälliger Genotypen. So enthält z.B. die Nachkommenschaft mit dem höchsten Anteil resistenter Einzelpflanzen (NK 340) etwa 25 % Pflanzen in Klasse 1, während mit etwa 58 % der höchste Anteil in dieser Klasse in Nachkommenschaft NK 098 auftritt, die lediglich 5 voll resistente F<sub>1</sub>-Pflanzen beinhaltet.

Tab. 1: Prozentualer Anteil der untersuchten Genotypen in Mehltauboniturklassen

Table 1: Percentage of genotypes in susceptibility classes after infection with *Erysiphe cichoracearum*. Class 0: resistant, class 3: highly susceptible

Getestete Genotypen	Anzahl	Boniturklassen			
		0	1	2	3
Nk 098	78	5,1	57,7	37,2	0,0
Nk 157	79	5,1	25,3	69,6	0,0
Nk 202	77	0,0	14,3	85,7	0,0
Nk 289	72	6,9	25,0	68,1	0,0
Nk 329	68	0,0	19,1	80,9	0,0
Nk 331	55	12,7	25,5	61,8	0,0
Nk 340	63	19,0	25,4	55,6	0,0
Nk 351	70	1,4	22,9	74,3	1,4
Nk 359	56	0,0	14,3	85,7	0,0
Nk 367	59	0,0	49,2	50,8	0,0
Nk 369	50	8,0	24,0	68,0	0,0
Nk 393	65	0,0	43,1	56,9	0,0
Sorten	27	0,0	7,4	44,4	48,1

Generell ist festzustellen, dass durch gemeinsame, isolierte Abblüte hoch mehltautoleranter Dahliengenotypen in der erwarteten Aufspaltung der Nachkommen im Vergleich zu den Eltern resistenter Genotypen auftreten.

In dem getesteten Ausschnitt aus dem aktuellen Dahlien-

sortiment sind keine vollständig resistenten Genotypen enthalten und nur ein vergleichsweise geringer Anteil von etwa 7 % in der Befallsklasse 1. Etwa die Hälfte der untersuchten Sorten ist voll Mehltau anfällig (Tab.1).

Zur weiteren Akkumulation der Mehltautoleranz wird das Zuchtprogramm nur mit den Genotypen weitergeführt, bei denen ein Teil der Nachkommen keinen Befall zeigte und die keine Nachkommen mit Befall der Boniturstufe 3 aufwiesen.

#### Selektion auf Blattflecktoleranz

Eine weitere in den letzten Jahren gehäuft auftretende Krankheit sind Blattflecken, verursacht durch den Pilz *Entyloma dahliae*. Nach dem Befall zeigen die Blätter zunächst punktuelle Aufhellungen, die sich vergrößern, gelb werden und anschließend nekrotisieren. Die Infektion der Pflanze beginnt auf den unteren Blattetagen und breitet sich bei den anfälligen Genotypen nach oben hin über alle Blattetagen aus.

Das untersuchte Zuchtmaterial zeigt zwei Reaktionsverläufe nach *Entyloma*-Befall.

Entweder breiten sich die Aufhellungen schneller aus als die nekrotischen Bereiche (Abb. 1 A), in diesem Fall besiedelt der Pilz die gesamte Pflanze, oder die Nekrotisierung des Gewebes schreitet schneller fort als die Ausbreitung der aufgehellten Bereiche (Abb. 1 B). Dieses führt zu einem „Schrotschusseffekt“ und die Ausbreitung der Blattflecken bleibt auf die unteren Blattetagen begrenzt.

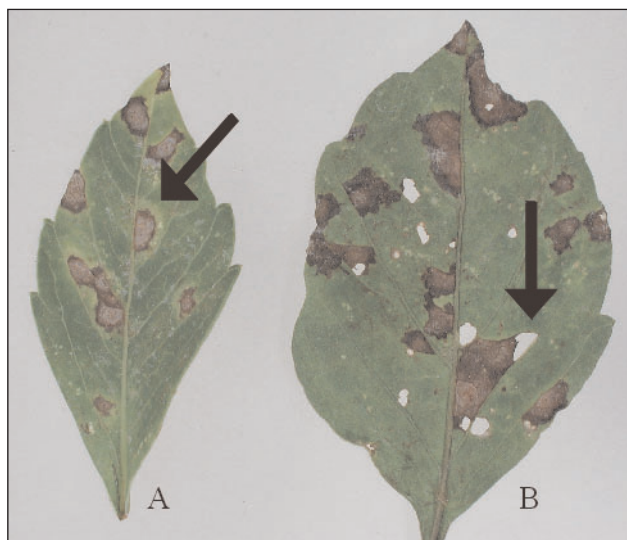


Abb. 1: Unterschiedlicher Befallsverlauf nach Infektion von Dahlia mit *Entyloma dahliae*:

Aufhellung und Nekrotisierung (A), Schrotschusseffekt (B)

Fig. 1: Different plant reaction after infection of Dahlia with *Entyloma dahliae*:

chlorosis and necrosis (A), shot gun effect (B)

Diese Unterschiede deuten auf Toleranz bzw. Resistenzreaktionen hin. Zur Erfassung genotypischer Befallsunterschiede wurde das für die Mehltautoleranz-Selektion verwendete Material herangezogen.

Das Boniturschema war analog dem Boniturschema für Mehltaubefall. Die Stufe 0 entspricht befallsfrei, die Stufen 1, 2 und 3 beschreiben zunehmenden Befall (Abb. 2).

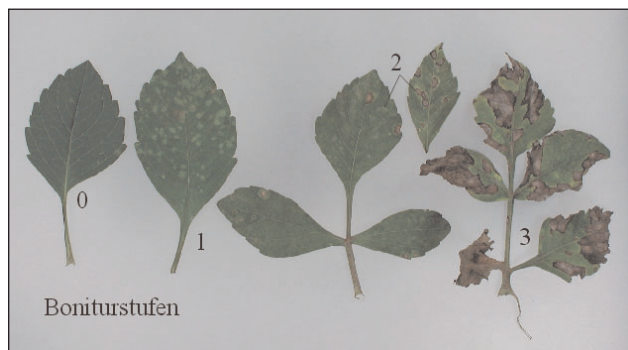


Abb. 2: Reaktion von Dahlia-Genotypen nach Befall mit *Entyloma dahliae*

Fig. 2: Reaction of Dahlia genotypes after infection with *Entyloma dahliae*

Entsprechend der Variabilität des Mehltaubefalls enthalten, wenn auch in geringerem Umfang, einzelne Nachkommenschaften Genotypen ohne Blattfleckenbefall. Mit 8 % wird dabei der höchste Anteil erreicht (NK 369, Tab. 2). Mit Ausnahme der NK 367 treten in Nachkommenschaften ohne gegen Blattflecken resistente F1-Pflanzen auch keine Mehltaubesistenten auf. Die Nachkommenschaft mit dem höchsten Anteil Mehltaubesistenter (NK 340) enthält dagegen auch Blattfleckenresistente Genotypen (Tab. 1, 2).

Tab. 2: Prozentualer Anteil des untersuchten Materials an den Blattfleckenboniturklassen

Table 2: Percentage of genotypes in susceptibility classes after infection with *Entyloma dahliae*. Class 0: resistant, class 3: highly susceptible

Getestete Genotypen	Anzahl	Boniturklassen			
		0	1	2	3
Nk 098	74	0,0	83,8	16,2	0,0
Nk 157	75	0,0	49,3	50,7	0,0
Nk 202	77	0,0	42,9	57,1	0,0
Nk 289	67	0,0	64,2	35,8	0,0
Nk 329	68	0,0	82,4	17,6	0,0
Nk 331	49	2,0	57,1	40,8	0,0
Nk 340	52	1,9	67,3	30,8	0,0
Nk 351	70	0,0	21,4	78,6	0,0
Nk 359	56	0,0	35,7	64,3	0,0
Nk 367	59	3,4	25,4	71,2	0,0
Nk 369	50	8,0	58,0	34,0	0,0
Nk 393	65	0,0	56,9	43,1	0,0
Sorten	27	0,0	18,5	63,0	18,5

Der Anteil von Genotypen in Boniturklasse 1, z.B. in den Nachkommenschaften NK 098, NK 329, NK 340 (Tab. 2), der im Vergleich zu dem Anteil Sorten mit etwa 18 % sehr hoch ist, erlaubt eine weitere Selektion auf hohe Blattflecken-toleranz in Kombination mit hoher Mehltautoleranz.

#### Abstract:

12 Genotypes with low infection of powdery mildew have been combined in isolated polycross in 2001. The progenies were tested in 2002 after natural infections.

Up to 19 % of the offspring in the tested progenies showed no infection and only in one progeny some plants with a high infection level could be observed. In opposition to this material nearly half of the standards showed a high infection level and no genotype was without infection.

The same material was also tested for tolerance against *Entyloma dahliae*.

The offspring showed plants without infection in four progenies. No plants with the highest level of infection could be observed in the progenies.

In opposition to this the standards showed no plants without infection and about 18 % of the plants with the highest level of infection.

The progenies with high level of tolerance against *Erysiphe cichoracearum* also showed a high level of tolerance against *Entyloma dahliae*.

The investigation showed the possibility to combine a tolerance against *Erysiphe cichoracearum* and *Entyloma dahliae* in dahlia.

In Zusammenarbeit mit : Lüneburg, Prof. Otto

(BAZ - 6129)

# 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, Landwirtschaft und Forsten (BMVEL). Die wissenschaftlichen Aufgabenstellungen leiten sich ab aus dem Bedarf des Ministeriums an Beratung und Entscheidungshilfen, den Anforderungen der fruchtartenspezifischen 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 Marker und die Lokalisierung von Resistenzgenen im Pflanzengenom sowie Untersuchungen zur biologischen Sicherheit transgener Pflanzen;
- 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.

#### Pathogendiagnostik

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

Nach der intensiven agrarpolitischen Diskussion der letzten Jahre besteht in Deutschland inzwischen weitgehend ein gesamtgesellschaftlicher Konsens darüber, dass die Landwirtschaft der Zukunft weit mehr noch als heute den strengen Kriterien der Nachhaltigkeit, gesundheitlichen Unbedenklichkeit und Bewahrung der genetischen Ressourcen gerecht werden muss. Kulturpflanzensorten mit genetisch verankerter natürlicher Widerstandsfähigkeit gegen Pathogene und tierische Schädlinge werden damit zu einem der wichtigsten Faktoren des modernen Pflanzenbaus, unabhängig ob dieser in integrierter Form mit einem Minimum an mineralischer Düngung und chemischem Pflanzenschutz auskommen will oder als Ökolandbau gänzlich auf diese Produktionsmittel verzichtet. Nur durch den Einsatz resistenter Sorten können die Erträge dauerhaft auf dem erforderlichen hohen Niveau gesichert und gleichzeitig die produktionsbedingten Belastungen für Mensch und Umwelt minimiert werden. Die Züchtungsforschung schafft die wissenschaftlichen Voraussetzungen für die Entwicklung der zukünftigen Sorten. Sie steht damit am Anfang der langen Kette, die vom Labor bis zum Verbraucher und industriellen Verwerter nachwachsender Rohstoffe reicht.

Bedingt durch seinen Querschnittscharakter innerhalb der BAZ muss sich das Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik auf relativ kurzfristig wechselnde Anforderungen einstellen können. Diese resultieren aus Veränderungen in den Produktionsprozessen, im Kulturartenspektrum und den klimatischen Bedingungen in Verbindung mit dem Auftreten neuer phytopathologischer Probleme. Ursache hierfür sind die natürliche genetische Variabilität von Krankheitserregern und Schädlingen, ihre schnelle weltweite Verbreitung durch Handel und

Tourismus, die Eroberung neuer Lebensräume als Folge von Klimaveränderungen u.a.m. In den Forschungsarbeiten des Institutes werden Getreidekulturen auch weiterhin einen Schwerpunkt bilden. Neben den Schadpilzen *Fusarium*, *Septoria*, *Puccinia* und *Drechslera* kommt dem Komplex der verschiedenen und teilweise genetisch sehr variablen bodenbürtigen Viren sowie ihrem Pilzvektor *Polymyxa graminis* auf Grund ihrer deutlich zunehmenden wirtschaftlichen Schädigung besondere Bedeutung zu. Diese aktuelle Problematik wird in verschiedenen drittmittelgeförderten Projekten, auch in Kooperation mit Partnern aus wissenschaftlichen Einrichtungen und Züchtungsbetrieben, neu bearbeitet. So konnte ein Donor für Resistenz gegen mit *P. graminis* in *Hordeum bulbosum* identifiziert werden. Wesentliche Fortschritte wurden bereits bei der Entwicklung einer geeigneten Resistenzprüfmethode von Roggen und Triticale gegen *Soil-borne cereal mosaic virus* erzielt. Bei einigen Getreideviren wurde es über die Struktur- aufklärung ihrer kompletten Genome möglich, sowohl die Wechselwirkung einzelner Gene des Erregers mit Wirtskomponenten besser zu verstehen als auch Prozesse ihrer Pathogenese analysieren zu können. Die Aufklärung des Niveaus der Variabilität der Erregergenome von Viren findet ihren Niederschlag bei der Entwicklung von Resistenzprüfmethoden.

Mit der Entwicklung und weiteren Optimierung von Resistenzprüfmethoden werden die experimentellen Voraussetzungen geschaffen, um in Kooperation mit den Partnerinstituten neue Resistenzquellen zu erschließen und diese züchterisch nutzbar zu machen. Beim Auffinden und Einlagern neuer Resistenzen wird der Einsatz molekularer Marker sowohl an Bedeutung als auch an Umfang zunehmen. Arbeiten zur Kartierung der Resistenzloci im Genom und die Entwicklung molekularer Marker werden in enger Zusammenarbeit mit dem Institut für Epidemiologie und Resistenz durchgeführt und konzentrieren sich gegenwärtig auf pilzliche Erkrankungen bei Getreide (Zwergrost- und Netzfleckenresistenz).

Neue Probleme, wie sie sich auch vor dem Hintergrund des sich ausweitenden Ökolandbaus ergeben können, müssen frühzeitig erkannt werden. Der vorliegende Bericht zeigt die akuten Schwierigkeiten, welche die Öko-Kartoffelproduktion mit Viren hat und weiterhin haben wird, wenn von der Forschung nicht Lösungen erarbeitet werden. Auf eine weitere potenzielle Gefahr für den Rapsanbau durch das bisher wenig beachtete aphidenübertragbare *Turnip mosaic virus* wird hingewiesen. Im Institut werden in enger Zusammenarbeit mit dem Institut für gartenbauliche Kulturen auch Resistenzprobleme an Arznei- und Gewürzpflanzen bearbeitet. Damit wird der wachsenden Bedeutung dieser Pflanzengruppe Rechnung getragen, die sich in einem zunehmenden Umfang ihres Anbaus äußert, der verbunden ist mit dem Auftreten verschiedenster phytopathologischer Probleme. Schnell war auch auf durch Bakterienbefall hervorgerufene phytopathologische Probleme zu reagieren, die sich beim Anbau von Feldsalat ergaben. Hier wurden mögliche Resistenzspender gegen das Bakterium *Acidovorax valerianae* identifiziert, die in der Neuzüchtung die Grundlage für krankheitsresistente Sorten dieser Kultur sein werden.

Für Pathosysteme, in denen natürliche Resistenzen nicht oder nicht ausreichend zur Verfügung stehen, werden auch zukünftig gentechnische Ansätze verfolgt. In der mehrjährigen Arbeit mit transgenen Kartoffellinien, die resistent gegen das *Potato virus Y* (PVY) sind, hat sich gezeigt, dass die Integration eines Fremdgens zu größerer Variabilität in den neu erworbenen Eigenschaften führen kann, als das ursprünglich erwartet wurde. Daher müssen die verschiedenen Reaktionsmuster der Pflanzen in Bezug zu PVY aber auch zu heterologen Viren umfassend analysiert werden. Nur mit



Abb. 1: Aussaat von Roggenakzessionen auf einem mit *Soil-borne cereal mosaic virus* verseuchten Feld

Fig. 1: Sowings of rye accessions in a field infested with *Soil-borne cereal mosaic virus*

der genauen Kenntnis der molekularen Ursachen für die unterschiedliche Resistenzprägung werden sich in der Zukunft effektivere Strategien entwickeln lassen. Durch die mehrjährige Kontrolle der spontanen Besiedelung der Kartoffellinien mit Blattläusen wurden erste Hinweise erhalten, dass transgene Pflanzen womöglich Veränderungen aufweisen, die zunächst nicht erfasst werden können, jedoch ökologisch bedeutsam sind. Auch solchen Aspekten soll in Zukunft noch mehr Beachtung geschenkt werden.

Die Aktivitäten der AG Pathogendiagnostik bleiben auch weiterhin eng mit den Forschungsarbeiten der AG Resistenzforschung verbunden. Maßgeschneiderte Nachweismethoden für den praktischen Einsatz und die molekulargenetische Charakterisierung der Erreger als Voraussetzung für die Erforschung ihrer Interaktionen mit der Pflanze stehen im Vordergrund. Da für die Entwicklung effektiver Resistenzprüfmethoden auch spezifische Immunreagenzien benötigt werden, betreut das Institut eine entsprechende Sammlung von polyklonalen Antisera und monoklonalen Antikörpern, die anderen Instituten der BAZ sowie weiteren wissenschaftlichen Einrichtungen zur Verfügung steht.

The research profile of the institute 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 institute 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 and localisation of resistance genes in plant genomes; biosafety research on transgenic plants;
- 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.

#### Pathogen Diagnostics

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

One result of the public discussion during the last years in Germany is the general consensus that in future agriculture has to fulfil the strict criteria of sustainability, harmlessness and protection of genetic resources much more than today. Varieties of cultivated plants with natural resistance to pathogens and pests will become a central factor of modern plant production, regardless whether it endeavours to minimise the application of mineral fertilisers and pesticides or to omit it completely as in organic agriculture. Only by using resistant varieties crop yields can be guaranteed on the required high level while reducing any negative effects on human health and the environment to a minimum. Breeding research provides the scientific basis for the development of all future varieties thus representing the starting point of a long chain that links the laboratory and gene bank with the consumer and the industrial processor of renewable products.



Due to the specific linking role of the institute inside BAZ it must be able to react on rapidly changing demands which can result from alterations in technologies, the spectrum of crops as well as from climatic changes in combination with the appearance of new phytopathological problems. Reasons for those are the general genetic variability of pathogens and pests, which are very easily disseminated today by international trade and tourism, the invasion of pathogens into new habitats as a consequence of climatic changes and others.

Among the research activities of the institute cereal crops will remain a focal point. Apart from the pathogenic fungi *Fusarium*, *Septoria*, *Puccinia* and *Drechslera* special emphasis is given to the various soil-borne viruses including the fungal vector *Polymyxa graminis* due to their growing importance. Based on additional financial supports for projects questions of resistance to these pathogens are investigated in co-operation with other institutes and breeding companies. Recently, a donor for resistance to *P. graminis* was identified in *Hordeum bulbosum*. First success was achieved in development of suitable resistance testing methods of barley and triticale to *Soil-borne cereal mosaic virus*.

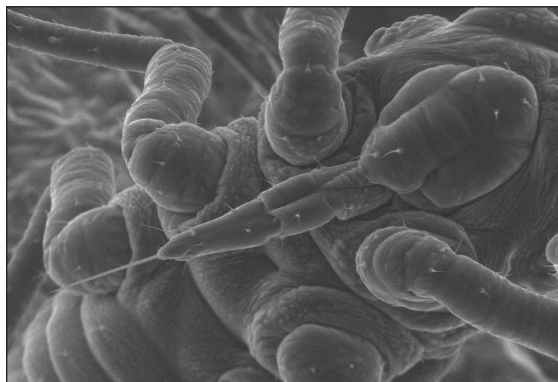


Abb. 2: Stechborsten der Blattlaus

Fig. 2: Stylet of an aphid

For some of the cereal viruses it became possible on the basis of establishing structure of their complete genomes to better understand interactions of single gene products of the pathogen with host components and thus to analyse processes involved in pathogenesis. Establishing the level of variability of the genome of viral pathogens enabled the development of new methods of resistance testing. By developing and improving resistance screening methods experimental prerequisites are established to make novel resistance sources accessible and utilisable for practical plant breeding. For discovery and introduction of new sources of resistance use of molecular markers will become more important and volume of this

research activity will be extended. This work will be performed in tight co-operation with Institute of Epidemiology and Resistance. At the moment it is focussed on fungal diseases of cereals (brown rust and net blotch). By means of SSR- and AFLP-analysis it was possible to develop first marker candidates. The activities will be extended to map resistance loci in plant genomes and to develop molecular markers which can make selection more efficient. New problems as they can for instance appear with the growing sector of organic farming must be made out as early as possible. In this report the serious troubles of organic potato producers with viruses are outlined. Without the help from the research this problem will persist. Another potential threat that comes from the aphid transmissible *Turnip mosaic virus* in oilseed rape is mentioned.

In tight co-operation with the Institute of Horticultural Crops phytopathological problems of medical and spice herbs are investigated. This work is performed in response to the growing importance of the group of horticultural plants. It was also necessary to respond on problems caused by bacteria in corn salad. Possible sources of resistance to the bacterium *Acidovorax valerianae* have been identified and can be used in new breeding programs. In case of pathosystems where no or insufficient natural resistances are available we carry on to use approaches of gene technology. During the several years work with *Potato virus Y* (PVY)-resistant transgenic potato lines it turned out, that integration of a single foreign nucleotide sequence can lead to more than the expected variability in the newly acquired properties. Therefore, it is necessary to thoroughly analyse the different reaction profiles of the plants on attack of PVY and other relevant viruses. New strategies to create potatoes with improved resistance can be developed only, if the molecular interactions between transgenic plant and pathogen are known in detail. In the frame of the biosafety research program monitoring of aphid settlement in plots of transgenic potato plants over several years revealed hints that GMO can

have some additional new properties that are difficult to detect but may be of ecological relevance. More attention has to be given to these aspects in future.

The activities of the group for pathogen diagnostics are tightly linked with the resistance research projects. Optimised detection methods for the different aims and the investigation of structural and functional aspects of pathogenic genomes as a precondition to understand the interactions between pathogen and plant are the predominant task.

## 1. Resistenzforschung Resistance Research

### 1.1 Erste Versuche zur Gewinnung virusfreier *in vitro*-Pflanzen von Öko-Sorten und Bestimmung ihrer Virus-Resistenz

#### First attempts to produce virus free *in vitro*-plants of varieties for organic farming and of testing their virus resistance

Schubert, Jörg

#### Zielsetzung/Aim:

Durch die Bundesregierung wird eine Quote von 20 % für den ökologischen Landbau angestrebt. Wichtige Voraussetzung, um dieses Ziel bei der Kartoffeln erreichen zu können ist, dass entsprechendes Pflanzgut zur Verfügung gestellt werden kann. Als gut geeignet könnten sich alte Sorten erweisen, von denen jedoch nicht bekannt ist, wie anfällig sie für Viren sind und wie stark das von Liebhabern erhaltene Material mit Viren verseucht ist. Dies festzustellen war Ziel der Untersuchungen.

German Federal Government has announced that it wants to reach a level of organic agricultural production of about 20 %. To reach this target in the case of potato, necessary seed material must be provided. Well suited for this purpose could be old varieties. For them neither is known how susceptible they are for viruses nor how much they are contaminated by them. This was the task of the investigations.

#### Ergebnisse:

Über Liebhaber, Saatguthändler und Ökolandwirte wurden verschiedene Kartoffelsorten bezogen und einer Augenstecklingstestung unterzogen. Dabei zeigte sich, dass in einigen Fällen falsche Sorten vertrieben wurden.

Meist war das Material hochgradig mit Viren kontaminiert. In einigen Fällen führte das dazu, dass nur erbsengroße Kartoffelknollen geerntet werden konnten. Die ersten Ergebnisse der Testungen sind in Tab. 1 dargestellt.

Der Tabelle kann man entnehmen, dass einige Sorten, insbesondere 'Industrie', hochgradig mit den in Deutschland überwiegenden Kartoffelviren verseucht sind. Andere Sorten, wie 'Edzell Blue' oder 'Augsburger Gold', weisen

hingegen nach mehrjährigem Anbau zwar z. T. durchgehenden Befall auf, dabei erreichen die Viren jedoch nur mäßige Konzentrationen. Der Idealfall liegt vor, wenn einige Sorten nicht mit bestimmten Viren befallen sind, wie z. B. 'Ostbote' oder 'Bamberger Hörnchen', die anscheinend gegen einige Viren eine gute Feldresistenz aufweisen. Allerdings weist nur 'Augsburger Gold' einen geringen Befall mit PVY auf, dem gegenwärtig wichtigsten Kartoffelvirus in Deutschland.

Ausgewählte Sorten wurden auf Toleranz für Symptome des PVY<sup>NTN</sup> unter Feldbedingungen getestet. Von den 10 getesteten alten Sorten wies nur die Sorte 'Bona' Ringnekrosen auf. Dieser geringe Anteil kann aber auch durch Präzunitätseffekte, hervorgerufen durch Primärbefall mit anderen PVY-Stämmen, bedingt sein.

Um diese Versuche absichern zu können, wurde damit begonnen, ein Depot virusfreier Pflanzen anzulegen. Dazu soll eine effiziente und möglichst zeitsparende Variante der Virusfreimachung erarbeitet werden. Das Material dient als Ausgangspunkt für gezielte Resistenztestungen. Ein Schwerpunkt wird dabei auch die Toleranz gegen die Symptome des PVY<sup>NTN</sup> sein.

Mit Hilfe einer Förderung durch die BLE sollen die Verfahren der Virusfreimachung und Resistenztestung auf einem Ökolandhof etabliert werden, um so Grundlagen für eine Ausweitung des ökologischen Landbaus zu schaffen.

#### Abstract:

Most of the tested old potato varieties were found to be infected with different potato viruses. Nevertheless, some of them proved to be free from them or showed only low level of virus infection. This indicates that under conditions of nutrition stress in organic farming resistance to viruses may be improved and that some of the old varieties are resistant to distinct viruses.

A system will be established for eradication of viruses from plants.

In Zusammenarbeit mit: Biolandhof Barum, Ellenberg, K.; BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathodiagnostik, Rabenstein, F.;

(BAZ 2166)

Tab. 1: Befall alter Kartoffelsorten aus ökologischem Anbau/Sammlerkollektionen mit verschiedenen Kartoffelviren. Prozentualer Anteil befallener Pflanzen  
 Table 1: Infection of old potato varieties from organic farming/private collections with different potato viruses. Percentage of infected plants

Sorte/Virus	PVY	PVS	PVX	PLRV	PVA	PVM	Ursprung
Red Cardinal	100	100	10*	10	100*	0	Öko-Landwirt
Ostbote	80*	100	100	0	80*	30*	Öko-Landwirt
Industrie	100*	100	100*	50*	90*	90*	Öko-Landwirt
Edzell Blue	70*	40*	10*	100*	50*	10*	Öko-Landwirt, 1998 noch virusfrei
Reichskanzler	60*	100	100	70*	10*	0	Öko-Landwirt
Augsburger Gold	10*	30*	80*	100*	10*	100*	Öko-Landwirt
Argent. Blaue ASL	100	15	0	60	60*	30	Sammler
Vitelotte ASL	100	100	0	70*	45*	15*	Sammler
Cusoi ASL	100	85	0	80*	70*	100	Sammler
Bamberger Hörnchen	60	20*	0	0	0	10	Öko-Landwirt, 1999 noch virusfrei
Bamberger Hörnchen ASL	100	100	0	100	60*	100	Versandhandel

Getestet mit DAS-ELISA, \* - schwacher Befall.  
 Tested with DAS-ELISA, \* - weak infection.

## 1.2 Molekulargenetische Analyse der Resistenz von Kreuzungspopulationen bei Gerste gegen pilzliche Schaderreger

### Molecular genetic analysis of crossing populations of barley for resistance to fungi

Nachtigall, M.

Zielsetzung/Aim:

Der Zwergrost (*Puccinia hordei* Otth.) gehört neben dem Mehltau und der Netzfleckenkrankheit zu den wirtschaftlich bedeutenden Blatterkrankungen der Gerste in Mitteleuropa. In Europa wird gegenwärtig eine Zwergrostresistenz nur noch durch das Majorgen *Rph 7* vermittelt. Durch das Auftreten neuer Pathogenvirulenzen bzw. Virulenzgenkombinationen kann nur basierend auf einer breiten genetischen Grundlage eine dauerhafte, stabile Zwergrostresistenz bei Gerste erreicht werden.

Die Chance im Genpool der Kulturgerste neue, wirksame Resistenzen zu finden, wird als gering eingeschätzt.

Ziel dieses Forschungsprojektes ist es daher, in ausgewählten Kreuzungspopulationen der Kulturgerste mit Wildfor-

men mittels molekularer Marker neue Resistenzloci gegen pilzliche Schaderreger zu identifizieren und zu kartieren. Zur Unterstützung der konventionellen Züchtung sind diese Marker in praxisrelevante PCR-Marker zu überführen, die eine effiziente markergestützte Selektion im Zuchtprozess gestatten und eine schnelle Einlagerung von wirksamen Resistenzen in das aktuelle Zuchtmaterial gewährleisten.

Leaf rust, caused by the fungus *Puccinia hordei* Otth., powdery mildew and net blotch disease represent the important leaf disease on barley in Central Europe. In the present case only the leaf rust resistance gene *Rph 7* is still effective in Europe. Strength of new appearing virulent races and virulent gene combinations of the pathogen, resistance was gradually broken. For that reason, it is necessary to reach durable and robust leaf rust resistance on barley. The chance to find new resistance loci in the gen pool of cultivated barley is very low.

The aim of this project is to develop molecular markers linked to novel resistance genes against fungal pathogens in

wild types of barley by using different molecular techniques. In selected segregating populations should be located and mapped these genes. For effective marker-assisted selection in the breeding process it is important to convert these markers into practical PCR-markers and give the possibility to integrate new resistant genes into the breeding material rapidly.

**Ergebnisse:**

Für die molekularen Analysen wurden spaltende Nachkommenschaften bestehend aus jeweils 75 DH-Linien der Kreuzung *H. spontaneum* 677 x 'Krona' bzw. *H. spontaneum* 650 x 'Femina' verwendet. Neben AFLP-fingerprints wurden sowohl SSR- als auch RAPD-Analysen durchgeführt. Das Resistenzverhalten der Nachkommenschaften wurde an Keimpflanzen bzw. abgetrennten Gerstenblättern nach künstlicher Inokulation mit definierten Pilzisolaten unter klimatisierten Bedingungen bewertet. Die Spaltungsanalysen weisen darauf hin, dass an der Zwergrostresistenz in der Kreuzungspopulation *H. spontaneum* 677 x 'Krona' ein Resistenzgen beteiligt ist, während bei der Resistenz gegenüber dem Erreger der Netzfleckenkrankheit von mindestens zwei Genen ausgegangen werden muss.

Markeranalysen Gerste/Zwergrost

Beginnend mit einer bulked segregant analysis wurden ca. 60 RAPD Primer getestet. Im Ergebnis dieser Analyse wurden Primer selektiert, die einen Polymorphismus zwischen den Kreuzungseltern und den bulks aufwiesen. Nach Amplifikation konnte im Acrylamidgel nach Silberfärbung bei den Primern OPE11 zwei und bei OPB07 ein polymorphes DNA-Fragment detektiert werden, die eine Kopplung zum Merkmal Resistenz vermuten lassen.

Ferner wurden bei mindestens vier der eingesetzten Mikrosatelliten-Primer (EBmac 0557, EBmac 0558, EBmac 0521, Bmac 0093) polymorphe Amplifikationsprodukte zwischen den Kreuzungseltern und den bulks beobachtet (Abb. 1). Einzelpflanzenanalysen lassen eine Kopplung der SSR-Marker zum Resistenzlocus erkennen. Zwischen Marker und Phänotyp wurde eine gute Übereinstimmung beobachtet (Abb. 2). Gleichzeitig konnten durch den Einsatz der AFLP-Technik in der DH-Linienpopulation *H. spontaneum* 677 x 'Krona' zahlreiche polymorphe DNA-Fragmente zwischen den Kreuzungspartnern identifiziert werden. Bei den Primerkombinationen E39M58 und E37M33 geben die beiden DNA-Fragmente von 470 bp bzw. 350 bp erste Hinweise auf einen Resistenzmarker. Die vorliegenden Ergebnisse lassen vermuten, dass das Resistenzgen auf Chromosom 2H lokalisiert ist. In Kürze soll eine Kopplungskarte erstellt werden, die eine Einordnung des Resistenzlocus gestattet.

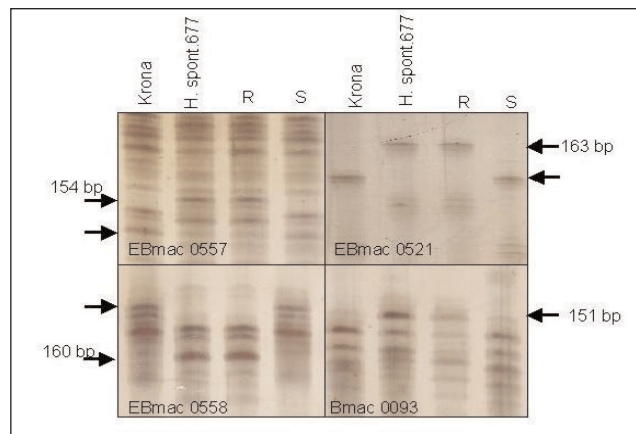


Abb. 1: Bulked segregant analysis mit verschiedenen Mikrosatelliten-Primern 'Krona'-anfälliger Elter, *H. spontaneum* 677-resistenter Elter, R-resistenter bulk, S-anfälliger bulk (Pfeile kennzeichnen die polymorphen DNA-Fragmente)

Fig. 1: Bulked segregant analysis using different microsatellite primers, 'Krona'-susceptible parent, *H. spontaneum* 677-resistant parent, R-resistant bulk, S-susceptible bulk (polymorphic DNA-fragments indicated by arrows)

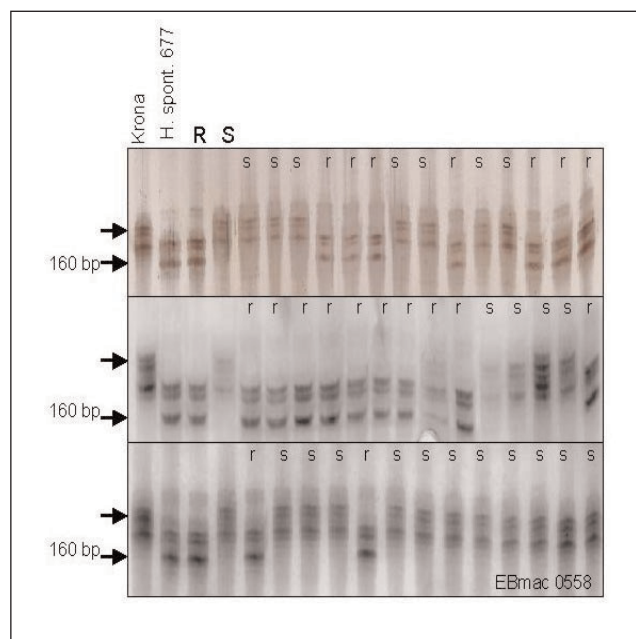


Abb. 2: PCR-Amplifikation mit dem Mikrosatelliten-Primer EBmac 0558 in einer DH-Linienpopulation der Kreuzung *H. spontaneum* 677 x 'Krona', 'Krona'-anfälliger Elter, *H. spontaneum* 677-resistenter Elter, R-resistenter bulk, S-anfälliger bulk

Fig. 2: SSR-profiles of different doubled haploid barley lines from a cross *H. spontaneum* 677 x 'Krona' using the primer EBmac 0558 'Krona'-susceptible parent, *H. spontaneum* 677-resistant parent, R-resistant bulk, S-susceptible bulk

### Markeranalysen Gerste/Netzflecken

Bei der Suche nach molekularen Markern für Netzfleckenresistenz wurden hauptsächlich SSR- und AFLP-Analysen durchgeführt. In der DH-Linienpopulation *H. spontaneum* 650 x 'Femina' wurden die Amplifikationsmuster verschiedener AFLP-Primerkombinationen verglichen. Mit den Primern E44M56, E45M58 und E33M60 wurden polymorphe DNA-Fragmente zwischen den Kreuzungspartnern und den bulks gefunden. Inwieweit diese Marker mit dem Resistenzlocus gekoppelt sind, kann erst nach erfolgreicher Kopplungsanalyse beantwortet werden. Mit dem Mikrosatelliten Bmac 0213 konnten zwei Amplifikationsprodukte detektiert werden, die eindeutig eine Unterscheidung zwischen resistenten und anfälligen Linien ermöglichen (Abb. 3).

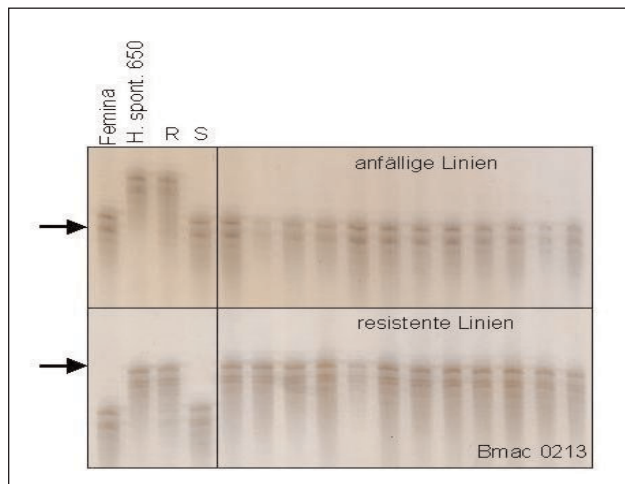


Abb. 3: PCR-Amplifikation mit dem Mikrosatelliten-Primer Bmac 0213 in einer DH-Linienpopulation der Kreuzung *H. spontaneum* 650 x 'Femina', 'Femina'-anfälliger Elter, *H. spontaneum* 650-resistenter Elter, R-resistenter bulk, S-anfälliger bulk

Fig. 3: SSR-profiles of different doubled haploid barley lines from a cross *H. spontaneum* 650 x 'Femina' using the primer Bmac 0213, 'Femina'-susceptible parent, *H. spontaneum* 650-resistant parent, R-resistant bulk, S-susceptible bulk

#### Abstract:

The investigations to identify molecular markers linked to fungal resistance genes on barley were continued. Crossing populations between cultivated barley (susceptible) and wild progenitor *H. spontaneum* (resistant) were used for molecular analysis. In addition to AFLP fingerprints SSR- and RAPD techniques were applied to screen doubled haploid barley lines for genes conferring resistance to *Puccinia hordei* and *Pyrenophora teres*.

#### Barley/leaf rust

The RAPD primers OPB07 and OPE11 amplify polymorphic DNA fragments that were revealed on polyacrylamide gels after silver staining. They are present only in resistant plants, but were absent in the susceptible samples. By us-

ing the SSR primers EBmac 0557, EBmac 0558, EBmac 0521 and Bmac 0093 polymorphisms were observed between the crossing parents and the bulks. In single plant analysis these markers showed an excellent agreement with the phenotype and it appears they are linked to the resistant locus. We may assume that the resistance gene is located on barley chromosome 2H. With AFLP primers E39M58 and E37M33 two polymorphic fragments (470 bp and 350 bp) were identified possibly linked to the resistance locus.

#### Barley/net blotch disease

First results to develop markers for resistance to net blotch disease in the crossing population *H. spontaneum* 650 x 'Femina' indicated polymorphic bands between susceptible and resistant bulks applying AFLP primers E44M56, E45M58 and E33M60. Using the microsatellite primer Bmac 0213 two fragments were obtained that allow a clear discrimination between susceptible and resistant barley lines, thus appearing linked to the resistance locus. In the SSR profile with the primer Bmac 0213 were determined two markers they are able to differentiate between resistant and susceptible barley lines and it appears they are linked to the resistant locus. Linkage analysis in the crossing populations will be performed by combining the SSR data with AFLP data.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben, Kopahnke, D. National Research Centre, Cairo, Saker, M.

(BAZ-2143)

### 1.3 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.

Gabler, J.

#### Zielsetzung/Aim:

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

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

#### Ergebnisse:

Sechs Testsysteme (Feldtest mit natürlichem Befall und künstlicher *Phomopsis*-Infektion, Gewächshaustest mit Ganzpflanzen und abgetrennten Dolden, Schalentest mit abgetrennten Keimblättern und Folgeblättern) wurden an 12 Einzelpflanzennachkommenschaften (EPN) von Kümmelzuchtstämmen erprobt und ausgewertet (Abb.1).

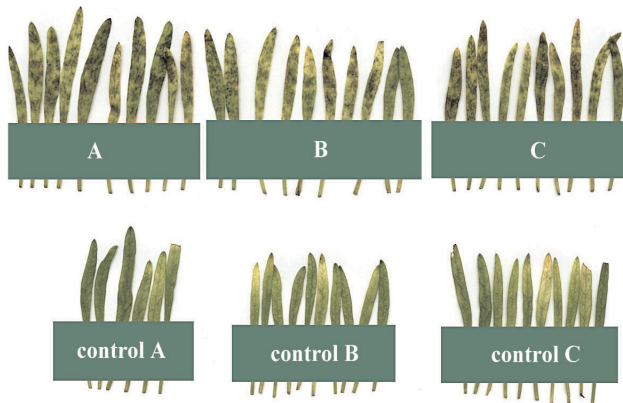


Abb. 1: Schalentest mit abgetrennten Keimblättern, sieben Tage nach Inokulation mit *Alternaria* spp.

Fig. 1: Lab. test using detached cotyledons seven days after inoculation with *Alternaria* spp.

Unter natürlichen Befallsbedingungen (2000 und 2001) wurden signifikante Unterschiede im Befallsgrad der EPN nachgewiesen, obgleich auch innerhalb der EPN eine erhebliche Variation bestand. Die Hälfte der EPN nahm in beiden Versuchsjahren annähernd den gleichen Rang ein. Bei 6 bzw. 8 EPN (2000 bzw. 2001) stimmte der Befallsgrad mit dem der Elternpflanzen überein. Zwei Varianten, den Befallsgrad visuell zu erfassen (Boniturnoten 1-9 nach Pank und Anzahl erkrankter Dolden pro Pflanze), ergaben annähernd gleichsinnige Resultate ( $r = 0,55-0,63$ ). Gute Übereinstimmung zeigte sich auch zwischen den Boniturergebnissen von vier Personen ( $r = 0,72-0,80$ ). Die künstliche Feldinfektion mit *P. diachenii* (2000) bewirkte eine signifikante Anhebung des durchschnittlichen Befallsniveaus, die Unterschiede in der Befallsstärke zwischen den EPN ließen sich jedoch aufgrund des kleinen Stichprobenumfangs (3 Pflanzen/ EPN) nicht sichern. Signifikante Unterschiede in der Symptomstärke der EPN waren auch im Gewächshaustest an Ganzpflanzen nach Inokulation mit *P. diachenii* und *Alternaria* spp. nachweisbar. Zwei Boniturvarianten (Boniturnoten 1 - 9 nach Pank sowie Mittelwert der Symptomstärke der Dolden pro Pflanze) ergaben auch hier gut übereinstimmende Resultate ( $r = 0,91-0,97$ ). Zwischen Boniturnoten und ELISA-Werten bestand in der Regel eine enge positive Korrelation, insbesondere bei Inokulation mit *Alternaria* spp. (Abb. 2). Eine deutliche Übereinstimmung mit dem Freilandverhalten zeigten die stark anfälligen EPN.

Bei Verwendung abgetrennter Dolden ließen sich ähnliche Tendenzen wie an Ganzpflanzen beobachten. Auch in diesem Testsystem stimmten die Boniturnoten mit den ELISA-Werten bei Inokulation mit *Alternaria* spp. meist besser überein ( $r = 0,69-0,91$ ) als bei Inokulation mit *P. diachenii* ( $r = 0,63-0,77$ ). Ähnlichkeiten mit dem Freilandverhalten waren bei den stark anfälligen EPN am deutlichsten ausgeprägt. Bei Inokulation von Keimblättern (Gemisch zweijähriger Kümmelsorten) mit *P. diachenii* zeigte sich eine enge positive Korrelation ( $r = 0,97$ ) zwischen Chlorosenlänge [cm] und ELISA-Werten, was bei *Alternaria* spp. (Genotypen 'Karzo', 'Ga21/90', 'Frankreich' und 'Israel')

nicht immer der Fall war (latente Infektionen). Unterschiede in der Symptomstärke der EPN waren auch an abgetrennten Folgeblättern feststellbar. Ähnlichkeiten mit dem Freilandverhalten ließen sich vor allem an den hochanfälligen EPN erkennen, bei *P. diachenii* verstärkt an den ELISA-Werten. Die starke Variabilität innerhalb der EPN stellte ein generelles Problem dar, das in allen Testsystemen die Aussagesicherheit und Reproduzierbarkeit der Ergebnisse beeinträchtigte. Bei Verwendung von Keimblättern störten zusätzlich latente Infektionen. Ein wesentlicher Nachteil bei Verwendung von Ganzpflanzen und abgetrennten Dolden bestand in der langen Wartezeit bis zur Verfügbarkeit blühender Dolden und in der Unterschiedlichkeit des Blühtermins. Unter diesem Aspekt ist der Schalentest mit abgetrennten Folgeblättern als das günstigste Testsystem anzusehen, sofern ihre Anfälligkeit das Resistenzverhalten der Genotypen im Freiland repräsentiert, was noch intensiver zu prüfen ist.

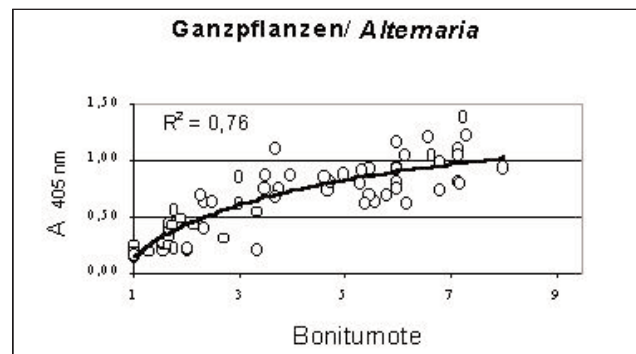


Abb. 2: Beziehung zwischen Symptomstärke und ELISA-Wert nach Inokulation von Ganzpflanzen mit *Alternaria* spp.

Fig. 2: Correlation between the symptom severity and the corresponding ELISA values after inoculation of intact plants with *Alternaria* spp.

#### Abstract:

Six test systems (field test under natural infection conditions and with artificial *Phomopsis* infection, greenhouse test using intact plants and detached umbels, lab. test using detached cotyledons and leaves) were tested using twelve breeding strains and compared regarding their suitability to assess the resistance degree of caraway genotypes to *P. diachenii* and *Alternaria* spp. Significant differences in the infection degree were found under natural infection conditions although the variation within the breeding strains was very high. Differences in the symptom severity could be also detected applying the other test systems but the high variability within the breeding strains proved to be a problem regarding the reproducibility and significance of the results. Additional disadvantages were the long and different duration until the availability of flowering umbels in case of intact plants and detached umbels. Latent *Alternaria* infections were a problem in case of the detached cotyledons. Using detached leaves could be the most favourable method if their symptom severity after inoculation with *P. diachenii* and *Alternaria* spp. represents the resistance re-

sponse of the genotype under field conditions. This important aspect should be investigated yet more intensively.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Pank, F.

(BAZ-2155)

#### 1.4 Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenerkrankungen des Arznei- oder bitteren Fenchels (*Foeniculum vulgare* Mill. subsp. *vulgare* var. *vulgare*). Nutzung natürlicher Resistenz

#### Development of methods to control the umbel die-seases on fennel (*Foeniculum vulgare* Mill. subsp. *vulgare* var. *vulgare*). Use of natural resistance

Taubenrauch, K.; Gabler, J.

Zielsetzung/Aim:

Der Anthraknoseerreger *Mycosphaerella anethi* Petr. [Anamorph *Passalora punctum* Lacroix (S. Petzoldt)] verursacht Probleme im Fenchelanbau, da weder zugelassene Fungizide noch resistente Sorten zur Verfügung stehen. Projektziel ist die Analyse des Krankheitskomplexes, die Charakterisierung und Differenzierung von Erregerisolaten, die exakte Erfassung der Anfälligkeit von Fenchelacces-sionen und die Entwicklung einer Resistenzprüfmethod-e.

The anthracnosis pathogen *M. anethi* Petr. [anamorph *Passalora punctum* Lacroix (S. Petzoldt)] causes economical-ly important problems in the cultivation of fennel, because neither approved fungicides nor cultivars with pathogen resistance are available. Therefore, the aim of the project is it to analyse the disease complex, to assess differences in the susceptibility of fennel accessions and to develop a resistance screening method.

Ergebnisse:

Der Pilz *P. punctum* galt bei Projektbeginn als nicht auf künstlichem Nährmedium kultivierbar. Dieses Problem konnte gelöst werden. Von infiziertem Pflanzenmaterial wurden zahlreiche Kulturen (ca. 360) aus unterschiedlichen Regionen Deutschlands angelegt und weiter vermehrt um Material für molekularbiologische Untersuchungen zur Verfügung zu haben (Abb.1).

*P. punctum* ist erst im Spätsommer zum Blühzeitpunkt des Fenchels an den untersten Blättern zu finden. Der Befall führt zunächst zu einem beschleunigten Absterben der Blätter und geht später auf die Dolden über. Die Ertragsausfälle werden hauptsächlich durch Gewebeerstörung während der Samenbildung verursacht. Eine exakte Erfassung der Befallsstärke war in diesem Pathosystem die erste wichtige Voraussetzung für die Entwicklung einer praxistauglichen Resistenzprüfmethode zur Auslese von weniger anfälligem bzw. resistentem Zuchtmaterial. Zur Präzisierung der Sichtbonitur des Blattbefalls wurde für die Auswertung der Versuche im Jahr 2000 - 2002 die Bild-analysesoftware 'BAfix' (GTA-Sensorik) eingesetzt. Bei der wöchentlichen Probenahme wurden Einzelblätter in

definierten Blattetagen gepflückt, eingescannt und die Befallsfläche durch eine symptomsspezifische Farbprofilauswertung erfasst. Es konnte so ein objektiver, prozentualer Befallswert der gesamten Pflanze an jedem Boniturtermin ermittelt werden. Mit Hilfe von zwei polyklonalen Antisere-n (IgG-M und IgG-K) konnten das Mycel innerhalb des Blattgewebes sowie die gebildete Konidienmenge von *P. punctum* erfasst werden.

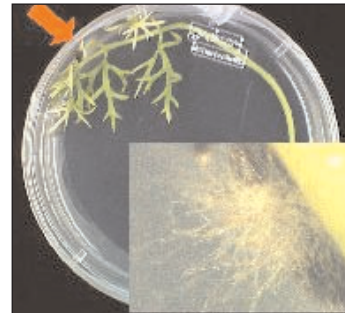


Abb. 1: Fenchelblatt in Gewebekultur mit aufsitzendem Pilzmycel von *P. punctum*

Fig. 1: fennel leaf in tissue culture inoculated with mycelium of *P. punctum*

Auf den Versuchsfeldern der BAZ Aschersleben und Quedlinburg wurden in den vergangenen 3 Jahren 10 Fenchelsorten im Parallelanbau auf ihre Anfälligkeit gegenüber *P. punctum* getestet. Besonders anfällig waren die überwiegend angebauten Sorten 'Magnafena' und 'Berfena', bei denen der schnellste Befallsverlauf nach dem Auftreten erster Symptome zu beobachten war und die auch die höheren Befallswerte an den Samen aufwiesen. Die Sorten 'Budakalasz', 'Moravskij' und 'Soroksari' haben im Vergleich zu den anderen angebauten Sorten eine sehr viel höhere Ausgangsbiomasse. Da die Anthraknose erst nach dem Absterben aller Blätter auf die Dolden übergreift, und die Dolden von Pflanzen mit größerer Biomasse (d. h. größere Blattfläche, höhere Blattanzahl) somit später befallen werden, traten an den Sorten 'Budakalasz', 'Moravskij' und 'Soroksari' geringere, auf Samenausfall durch Notreife beruhende Ertragsverluste auf.

Für eine genauere Untersuchung des Befallsverlaufs unter differenzierten Bedingungen wurden in jedem Jahr Infektionsversuche mit unterschiedlichen Inokulumkonzentrationen und -mengen an der anfälligen Sorte 'Magnafena' durchgeführt. Als Kontrolle dienten unbehandelte Pflanzen. Als weitere Variante wurden Einzelpflanzenparzellen jeder Infektionsvariante mit dem Fungizid 'Folicur' behandelt. Die künstlichen Infektionen bewirkten eine signifikante Verstärkung und Beschleunigung des Befalls im Vergleich zur natürlichen Infektion. In den isolierten 'Kontrollparzellen' trat eine starke natürliche Infektion auf, die sich ebenfalls schnell ausbreitete.

Die Ergebnisse der PTA-ELISA-Testung zeigten bei Umrechnung auf die ganze Pflanze bei allen Versuchen eine enge positive Korrelation mit der Scannerbefallsverrechnung.

Neben den Feldversuchen wurden zahlreiche Klimakammerversuche zur Abklärung der Samen- und Bodenübertragbarkeit durchgeführt. Das Erregerwachstum innerhalb

der Pflanzen wurde licht- und elektronenmikroskopisch untersucht und dokumentiert. Mittels PCR mit spezifischen Primern konnte der Erreger bereits im Endospermgewebe und in Keimpflanzen während der Latenzzeit nachgewiesen werden.

Die Selektion einer resistenten Arzneifenchellinie ist in diesem Pathosystem durch die aufwändige Boniturmethode schwierig. Nach den bisherigen Forschungsergebnissen existieren nur zeitliche Unterschiede in der Befallsentwicklung. Aus diesem Grund konnte keine positiv/negativ Bonitur durchgeführt werden. Außerdem gibt es noch keine Hinweise auf Resistenzquellen gegenüber *P. punctum*. Mit Hilfe der Methode des direct tissue blot immuno assays (DTBIA) wäre eine frühzeitige Selektion im Keimlingsstadium potentiell möglich (Abb. 2). Gegenwärtig wird an einem Wildpflanzensortiment geprüft, ob sich der Erreger mit dem DTBIA bereits in Keimpflanzen nachweisen lässt.

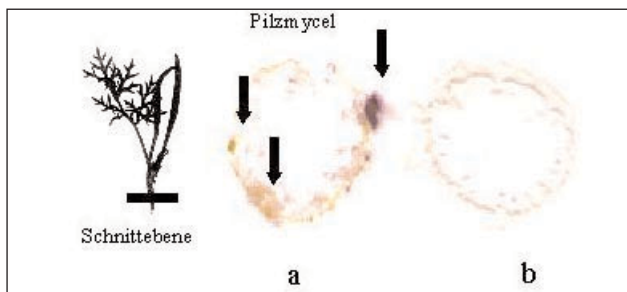


Abb. 2: Stängelquerschnitt einer infizierten Keimpflanze (a) und einer Kontrollpflanze (b) im DTBIA mit IgG-Mycel zum Nachweis von *P. punctum*

Fig. 2: Stem transverse section of an infected (a) and a control seedling (b) tested with IgG-Mycelium for protection of *P. punctum*

**Abstract:**

The visual scoring of the disease symptoms is very difficult. The computer program „BAfix“ (GTA Sensorik) was used to support the visual scoring. 10 fennel accessions were tested for their susceptibility to the fungus *M. anethi* in field experiments. The predominant grown cultivars ‘Magnafena’ and ‘Berfena’ were especially susceptible. On these cultivars, the fastest disease development to the appearance of the first symptoms was also observed, and the seed showed the advanced infestation values, too. Infection experiments with different inoculum concentrations and levels using the susceptible cultivar ‘Magnafena’ were performed for a more exact investigation of the infection progress under varied conditions. As a further variation, single plant lots of each infection variant were treated with the fungicide ‘Folicur’.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hannover, Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Hau, B.; BAZ, Institut für Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzenzüchtung, Quedlinburg, Pank, F.; Forschungsvereinigung der Arzneimittelhersteller, Bonn, Christian, B.; Kroth, E.; AGRI-MED, Trebur, Schubert, E.; Landespflanzenschutzamt Sachsen-Anhalt, Magdeburg, Mertens, K.; Krusche, M.;

Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau, Bad Neuenahr-Ahrweiler, Dehe, M.; LVA des Landes Sachsen-Anhalt, Bernburg, Reichardt, I.; Hessisches Landesamt für Regionalentwicklung und Landwirtschaft - Pflanzenschutzdienst, Wetzlar, Frosch, M.; Bundessortenamt Hannover, Heine, H.

(gefördert durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe, BAZ-2148)

**1.5 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 perspektivisch ein Verfahren zur Resistenzprüfung erarbeitet werden.

The first step to gain the aim includes the analysis of the disease causing agent, isolation, identification and characterization of pathogenic bacterial isolates from plants with leaf spots. Further more methods for resistance screening should be developed.

**Ergebnisse:**

Ab 1999 konnten erste Blattfleckensymptome am Feldsalat in Deutschland beobachtet werden. Seitdem ist hauptsächlich in der Pfalz ein verstärktes Auftreten dieser Blattsymptome zu beobachten. Daraus resultieren erhebliche Verluste der Anbauer, da befallene Partien nicht mehr vermarktet werden können. Von Feldsalatproben mit Blattflecken aus dem Freilandanbau (Abb.1) konnten Bakterien der Gattung *Pseudomonas* (*Acidovorax valerianellae*) isoliert und auf Feldsalat rückübertragen werden.



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





Abb. 2: Kultivierung von Feldsalat für die Saatgutgewinnung  
Fig. 2: Cultivation of corn salad for seed production

Im Vorjahr wurde das aktuelle Saatgutssortiment (15 Sorten) mit *A. valerianellae* infiziert. Alle Sorten erwiesen sich als anfällig. Signifikante Unterschiede im Befall traten nicht auf.

In diesem Jahr wurde ein umfangreiches (18 Prüfglieder) Sortiment von Wildarten, Zuchtnummern und z. Z. nicht im Anbau befindlichen Sorten auf ihr Resistenzverhalten gegenüber *A. valerianellae* untersucht. Bei einer Vorprüfung konnten zwei resistente Formen selektiert werden. Die Wildarten *Valerianella rimosa* und *V. dentata* erwiesen sich auch nach mehrfacher Prüfung als resistent.

Als mögliche Wege der Übertragung von *A. valerianellae* auf Feldsalat werden infiziertes Saatgut und eine Kontamination des Bodens diskutiert. Im Spätsommer des Jahres 2001 wurden Versuche zur Saatgut- und Bodenübertragung des Bakteriums angelegt. Die Kontamination des Bodens erfolgte durch Vergießen einer Bakteriensuspension ( $2 \times 20 \text{ ml } 1,6 \times 10^9 \text{ Zellen/ml}$ ) und Mischen von Erds substrat mit verrottetem infiziertem Pflanzenmaterial und Erde aus Infektionsversuchen. Die Inokulation der Blätter und Blüten erfolgte zweimal zu verschiedenen Zeitpunkten durch Sprühinokulation (Blätter nach Nadelstichverletzung) mit einer Bakteriensuspension von  $1,6 \times 10^9 \text{ Zellen/ml}$ . Feldsalat der Sorten 'Eurion', 'Jade', 'Juwabel' und 'Verte' wurden in die Testungen einbezogen. Während der Vegetation konnte kein Auftreten von Blattflecken beobachtet werden (Abb. 2). Die Ernte des Saatgutes erfolgte einzelpflanzenweise. Der Samen wurde getrocknet und bei  $4 \text{ }^\circ\text{C}$  bis zur Testung eingelagert.

Der Nachweis von *A. valerianellae* am Saatgut sollte in Vorversuchen zunächst nach künstlicher Infektion geführt werden. Nach der Kontamination der Samenkörner ( $30 \text{ g}$ ) mit einer Bakteriensuspension ( $10^9 \text{ Zellen/ml}$ ) wurde das Saatgut luftgetrocknet und 3 Wochen aufbewahrt. Daran schloss sich eine Schüttelinkubation in  $200 \text{ ml}$  sterilem Leitungswasser für  $17 \text{ h}$  bei  $28 \text{ }^\circ\text{C}$  an. Der Überstand wurde verdünnt und ausplattiert. Die Identifizierung der ge-

wonnenen Bakterienisolate erfolgte durch den Einsatz der Immunfluoreszenz Mikroskopie. Eine Reisolierung von *A. valerianellae* war möglich. In weiteren Versuchen soll die Nachweisgrenze ermittelt werden.

Eine Isolierung des Bakteriums aus handelsüblichem Saatgut bzw. Partieware der Züchter gelang uns bisher nicht.

Abstract:

*A. valerianellae* could be isolated from corn salad with leaf spots. In 2002 we examined 18 cultivars and selected basic breeding material of corn salad showing resistance to *A. valerianellae*. Two species (*Valerianella rimosa* and *V. dentata*) proved to be resistant against *A. valerianellae*. We were able to reisolated the bacterium from artificially contaminated seeds that had been stored for 3 weeks of room temperature. Till now we could not detect it in commercial seed samples

In Zusammenarbeit mit den Firmen HILD samen, Marbach am Neckar und Julius Wagner, Heidelberg

(BAZ- 2159)

#### 1.6 Untersuchungen zur epidemiologischen Bedeutung von Unkräutern als Überhälter und Infektionsquellen für *Ralstonia solanacearum* Investigations on epidemiological importance of weeds as a source for *Ralstonia solanacearum* Barchend, G.

Zielsetzung/Aim :

In den letzten Jahren trat verstärkt *R. solanacearum* im Wirtschaftsraum der Europäischen Union auf. Deshalb wurden epidemiologische Untersuchungen zu diesem gefährlichen Quarantäneerreger begonnen. Insbesondere soll geklärt werden, welche Unkräuter in Deutschland als Überhälter für diesen Erreger von Bedeutung sind.

Because *R. solanacearum* has been frequently detected in several EC countries during the last few years we started to investigate the epidemiology of this bacterium in more detail. Of particular interest is to answer the question which of the most common weed species in Germany can naturally serve as sources to maintain the pathogen.

Ergebnisse:

Für den Kartoffelbau wichtige Unkräuter (*Echinochloa crus galli*, *Elytrigia repens*, *Lycopus europaeus*, *Setaria viridis*, und *Tussilago farfara*) wurden auf ihre epidemiologische Bedeutung für *R. solanacearum* Rasse 3 Biovar 2 getestet. Für die Versuche verwendeten wir als Infektionsquelle Erde, die entweder mit einer Bakteriensuspension (2 x 200 ml 10<sup>9</sup> Zellen/ml) oder durch mit *R. solanacearum* infiziertem Tomatengewebe kontaminiert worden war. Die Rezipienten wurden in Container mit infizierter Erde gepflanzt. Der Nachweis von *R. solanacearum* erfolgte bei den gewonnenen Bakterienisolaten mittels Semiselektivmedium (SMSA) und Biotest. Die Ergebnisse der Versuchsjahre 2000/01 (Jahresbericht, Barchend 2000) zeigten, dass die getesteten Unkräuter als Überhälter und damit auch als Infektionsquellen von *R. solanacearum* fungieren können. Im Jahr 2002 wurden nur noch Töpfe überwintert, in denen das Bakterium in den vergangenen Versuchsjahren im Boden, in der Pflanze oder im Gießwasser nachgewiesen werden konnte. Alle in der Testung verbliebenen Unkräuter sind ausdauernd. Die Probenahme erfolgte sowohl von Stängel- als auch Wurzelmaterial der einzelnen Pflanzen und vom aufgefangenen Gießwasser. Der Nachweis von *R. solanacearum* wurde wiederum mittels Semiselektivmedium (SMSA) und Biotest geführt. Die Detektion von *R. solanacearum* in Pflanzen- und Wasserproben gelang (Tab. 1), obwohl das Bakterium in der Erde sehr ungünstigen Bedingungen (stauende Nässe, Trockenheit und starker, lang anhaltender Frost) ausgesetzt war. Bei *E. crus galli* stand nur noch eine Pflanze für die Testung zur Verfügung. Ein Bakteriennachweis konnte hier nicht geführt werden.

Tab. 1: Nachweis von *R. solanacearum* in Unkräutern mit SMSA

Table 1: Detection of *R. solanacearum* in weeds (SMSA)

Pflanzenart	Nachweis von <i>R. solanacearum</i> in Unkräutern/ Versuchsjahre		
	2000	2001	2002
<i>Echinochloa crus galli</i> (Hühnerhirse)	+	+	n.t.
<i>Elytrigia repens</i> (Quecke)	+	+	+
<i>Lycopus europaeus</i> (Wolfstrapp)	+	+	+
<i>Setaria viridis</i> (Borstenhirse)	+	+	+
<i>Tussilago farfara</i> (Huflattich)	+	+	+

Seit 1996 wird eine mit *R. solanacearum* infizierte *Solanum dulcamara* Pflanze in einem Kalthaus unter freilandähnlichen Bedingungen kultiviert. Seitdem ist es möglich, das Bakterium in der Pflanze nachzuweisen. Auch bei kühleren klimatischen Bedingungen sind die Unkräuter in Abwesenheit von Kartoffeln als wichtige Infektionsquelle und als Überhälter über mehrere Vegetationsperioden anzusehen.

Abstract:

Plants of several weed species were examined after artificial inoculation to determine whether they can act as hosts for *R. solanacearum* (race 3, biovar 2). Results obtained show that the pathogen is able to multiply within the weeds under test. That means that under field conditions these species can maintain the pathogen in the absence of potato and serve as sources for infection in following years.

(BAZ-2158)

**1.7 Biochemische Untersuchungen zur Resistenzinduktion an Tomate gegen *Clavibacter michiganensis* subsp. *Michiganensis* (Cmm) durch Vorinokulation mit dem avirulenten Cmm Stamm 3123**

**Biochemical investigations on induction of resistance in tomato against *Clavibacter michiganensis* subsp. *Michiganensis* (Cmm) by pre-inoculation of the avirulent strain Cmm 3123**

Reiss, E.

Zielsetzung/Aim:

Eine Vorinokulation des avirulenten Stammes NCPP 3123 von *Clavibacter michiganensis* subsp. *Michiganensis* (Cmm) in Tomatenjungpflanzen induziert systemische, persistente Resistenz gegen virulente Cmm Isolate, auch unter hohem Inokulationsdruck auf dem Feld. Es gibt vermehrt Hinweise, daß eine Resistenzinduktion begleitet wird, wenn nicht sogar bedingt wird, durch eine Akkumulation von PR (pathogenesis-related)-Proteinen, die in der Pflanze eine gewisse Abwehrbarriere gegen Folgeinokulationen konstituieren. Mit dem analytischen Nachweis von einigen für Tomate spezifischen PR-Proteinen wie P14 (PR-1 Protein), AP24 (PR-5 Protein), Chitinase und P69 wurde das Ziel verfolgt Beziehungen zwischen der Synthese dieser Proteine und der Resistenzinduktion aufzudecken. Aus Blättern und Stengeln junger Tomatenpflanzen wurden Proteine extrahiert, elektrophoretisch aufgetrennt, direkt gefärbt oder immunologisch nachgewiesen.

Pre-inoculation of the avirulent strain NCPP 3123 of *Clavibacter michiganensis* subsp. *Michiganensis* (Cmm) in young tomato plants induces a systemic, persistent resistance to virulent Cmm isolates, also under a strong infection pressure in the field. There are increasingly hints, that the appearance of PR (pathogenesis-related) proteins coincides with the induction of systemic disease resistance. The objective of the present study was to determine changes of the PR protein pattern in dependence on the type of interaction between young tomato plants and the

Cmm isolate. We used electrophoretic methods and Western analyses for the detection of the tomato PR proteins P14, AP24, chitinase and P69.

Ergebnisse:

In den Untersuchungen wurden Proteinextrakte von Blättern und Stängeln junger Tomatenpflanzen in verschiedenen elektrophoretischen Verfahren und nach Western Blot verglichen. Die Tomatenpflanzen waren 5 Tage vor der Probenahme entweder mit dem avirulenten, virulenten Stamm oder in der Kontrolle mit Wasser behandelt worden. Sowohl in der avirulenten als auch in der virulenten Variante konnte im Vergleich zur Kontrolle eine deutliche Akkumulation von PR-1 und PR-5 Proteinen nachgewiesen werden. Das Auftreten dieser PR-Proteine korreliert mit der Resistenzinduktion und der Erkrankung. Ein spezifischer Marker für die induzierte Resistenz konnte hier nicht entdeckt werden. Bei Chitinase ließ sich keine Veränderung zur Kontrolle beobachten und die in der nativen, sauren PAGE festgestellte Akkumulation von P69 in der avirulenten Kombination konnte nicht reproduziert werden. Da in der avirulenten Kombination kaum Krankheits-

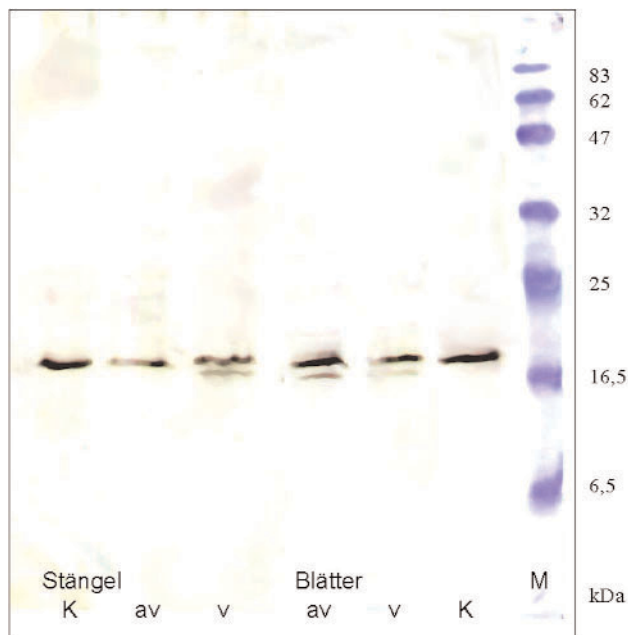


Abb. 1: Western-Blot-Analyse für PR-5 Proteine in Blatt- und Stängelextrakten von Tomatenpflanzen, die mit dem avirulenten Stamm Cmm 3123 (av), einem virulenten Cmm Stamm (v) oder mit Wasser (K, Kontrolle) inokuliert wurden. Die SDS-Elektrophorese lief unter nicht reduzierenden Bedingungen. Getestet wurde mit einem Antiserum gegen ein PR-5 Protein aus Tabak. M, Marker

Fig. 1: Western blot analysis for PR-5 proteins in leaf and stem extracts of tomato plants, inoculated by avirulent strain Cmm 3123 (av), a virulent strain (v) and water as control (K). SDS-PAGE was performed under nonreducing conditions. Used antiserum was produced against tobacco PR-5 protein. M, marker

symptome festgestellt wurden, muß der nachgewiesene Anstieg an PR-Proteinen eher der Resistenzreaktion als der Erkrankung zugeschrieben werden. Die PR-5 Proteine (Abb. 1) sind ein Beispiel dafür, daß offensichtlich manche Isomere eine Beziehung zur Pathogenese deutlich machen können, andere Isomere dagegen im Gehalt in allen Varianten unverändert bleiben und vermutlich andere Funktionen haben. Interessant ist auch die Beobachtung, daß die PR-5 Proteine erst nachgewiesen werden konnten, wenn die Pflanzen konstant bei höheren Temperaturen, hier 26 °C, gehalten wurden.

Auch bei den PR-1 Proteinen der Tomate kann man von mindestens zwei Isomeren ausgehen, wobei ebenfalls das Auftreten der etwas kleineren und im Gel schneller laufenden Isoform in den Stängeln, dem Besiedlungsort der Bakterien, gut mit der Inokulation korreliert, wobei die Erkrankung durch den virulenten Stamm ein deutlich stärkeres Signal verursacht als die Resistenzreaktion im Falle der avirulenten Kombination. In den Blättern dagegen sind die Reaktionen unspezifisch und die untere Bande kaum zu sehen.

Abstract:

Western blot analyses were successfully to detect induction of PR-1 and PR-5 proteins in tomato plants 5 days past inoculation with the avirulent strain 3123 or with a virulent strain of Cmm. In both cases this accumulation of the PR proteins was shown by a fast moving, new synthesized isoform. The induction was very similar in both avirulent and virulent interactions, except the accumulation of PR-1 protein became a little more pronounced in the avirulent interaction in the stems, whereas in the leaves no induction was observed. No specific marker for induced resistance by the avirulent strain was found.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, E. Griesbach; D. Kostoff Institute of Genetics, Sofia, A. Edreva.

(Fortsetzung von BAZ-2329)

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

### Development and application of methods for assessment of virus resistance of cereal species

Kastirr, U.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel des Projektes besteht darin, die Virusresistenz unterschiedlicher Getreidearten gegen pilzübertragbare Viren zu verbessern. Im Rahmen dieses Vorhabens werden Untersuchungen zur Epidemiologie und Virusdifferenzierung durchgeführt, Methoden zur Resistenzprüfung erarbeitet und Getreidearten hinsichtlich ihrer Virusresistenz evaluiert.

The aim of this project is to improve the resistance of different cereal species to fungus transmitted viruses. The Investigation of epidemiology and virus differentiation, the

development of methods for resistance screening and the evaluation of virus resistant cereal accessions have been carried out within the scope of this intention.

Ergebnisse:

Untersuchungen zur Epidemiologie des *Soil-borne cereal mosaic virus* (SBCMV)

Im Rahmen der Untersuchungen zur Virusepidemiologie wurden Erhebungen zur Verbreitung des Furovirus SBCMV und des Bymovirus *Wheat spindle streak mosaic virus* (WSSMV) in Sachsen-Anhalt durchgeführt, die Entwicklung der Virusinfektion im Verlaufe der Vegetation beobachtet und die Virusverbreitung in infizierten Pflanzen analysiert.

Verbreitung in Sachsen-Anhalt

In Sachsen-Anhalt wurden bisher in 3 Landkreisen 13 Felder gefunden, die mit dem SBCMV und WSSMV verseucht sind. Es handelt sich hierbei um typische Roggenanbauflächen mit enger Fruchtfolge und sandigen Böden mit einer Ackerwertzahl zwischen 30 und 40 Bodenknoten. In den meisten dieser Böden sind beide Viren verbreitet. In an Sachsen-Anhalt angrenzenden Gebieten wurden weiterhin in Sachsen 1, in Brandenburg 1 und in Thüringen 3 Befallsflächen für das SBCMV nachgewiesen.

Entwicklung der Virusinfektionen im Verlaufe der Vegetation

Mit dem Ziel, den optimalen Termin für die Bewertung des Virusbefalls zu erkennen, wurden Untersuchungen zum Verlauf der Virusinfektion an anfälligen Roggenstandards durchgeführt. Die Aussaat wurde im zeitigen Herbst an 3 Standorten in Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Brandenburg vorgenommen, um optimale Bedingungen für die Virusübertragung durch den pilzlichen Vektor *Polymyxa graminis* zu gewährleisten. Zwei Monate nach der Aussaat (28. Oktober bis 18. November) erfolgte die erste Beprobung von Einzelpflanzen. Mittels direct tissue blotting immuno assay (DTBIA) wurden der Virusbefall in den Wurzelballen von 351 Pflanzen und in den dazugehörigen Be-

stockungstrieben getestet. Der Virusnachweis in den Blättern wurde mittels DAS-ELISA durchgeführt. Die Wurzeln der Testpflanzen waren zu diesem Zeitpunkt mit dem SBCMV zu 82 % bis 86 % und mit dem WSSMV zu 28 % bis 96 % infiziert. Die Virusinfektion in den oberirdischen Pflanzenteilen war im Vergleich zur Wurzelinfektion wesentlich geringer. Die Bestockungstriebe oberhalb des Wurzelansatzes zeigten einen SBCMV - Befall von 20 % bis 33 % und einen WSSMV - Befall von 12 % bis 45 %. Die Blätter waren nur zwischen 3 % und 8 % mit dem SBCMV und nicht mit dem WSSMV infiziert. Diese Ergebnisse zeigen, dass bei früher Aussaat die Virusinfektion in den Pflanzenwurzeln bereits im November etabliert ist und eine Virusausbreitung in die oberen Pflanzenteile beginnt. Im weiteren Verlaufe der Vegetation wurde das Virusauftreten in den Blättern monatlich von Februar bis Mai in 6 Befallsflächen an jeweils 50 Einzelpflanzen je Feld mittels DAS-ELISA bonitiert. Bereits Anfang Februar zeigten sich die infizierten Pflanzen mit deutlichen Vergilbungssymptomen. In 5 von den 6 geprüften Standorten wurden hohe Raten von Mischinfektionen mit dem SBCMV und dem WSSMV nachgewiesen. Am 6. Standort dominierte das SBCMV. Während z.B. am Standort Niegripp 77 % der Pflanzen mit dem SBCMV und 98 % mit dem WSSMV infiziert waren, zeigten 60 % der Pflanzen am Standort Prödel Befall mit SBCMV und nur 2 % mit WSSMV.

Virusverbreitung in der Pflanze

Um eine korrekte Beprobung zu testender Pflanzen vornehmen zu können, wurde untersucht, wie gleichmäßig die Virusinfektion in erkrankten Pflanzen verteilt ist. Von 5 Befallsstandorten wurde der Virusbefall in 276 Bestockungstrieben von 38 Pflanzen analysiert. Wie aus Tabelle 1 ersichtlich wird, zeigt keine der beprobten Pflanzen ein einheitliches Befallsbild. In jeder Pflanze findet man virusfreie Triebe und Triebe, die entweder mit einem der beiden Viren oder mit beiden Viren infiziert sind. Diese Tat-

Tab. 1: Virusverteilung in den Bestockungstrieben infizierter Roggenpflanzen

Table 1: Virus distribution in different shoots infected plants

Standort	Anzahl		Virusnachweis mittels DAS-ELISA			
	Pflanzen	Bestockungstriebe	SBCMV	WSSMV	beide Viren	virusfrei
Walternienburg	12	90	62	79	52	1
Gödnitz 1	12	46	9	14	2	25
Gödnitz 2	6	80	72	41	35	2
Prödel	3	26	14	0	0	12
Niegripp	5	25	17	12	10	6
<b>gesamt</b>	<b>38</b>	<b>276</b>	<b>174</b>	<b>146</b>	<b>99</b>	<b>46</b>

sache erschwert die Probenahme unter Feldbedingungen an Pflanzen in fortgeschrittener Entwicklung.

Abstract:

The epidemiological investigations were focused on the dissemination of SBCMV in the main rye growing areas of the countries Saxony-Anhalt, Brandenburg, Thuringia and Saxony during the growing season. 13 infested fields were characterised in 3 districts of Saxony-Anhalt and 5 other virus infested regions were detected in the related federal countries Brandenburg, Saxony and Thuringia.

The infection progress was observed during the growing season. The virus infection was detectable in roots of susceptible plants of rye (SBCMV up 82 % to 86 % and WSSMV up 28 % to 96 %) two months after sowing. The virus transmission in shoots and leaves is beginning at this time.

Distribution of the viruses, separately or in combination, in different shoots of individual plants was analysed to ensure an optimal sampling for routine diagnosis. The SBCMV occurred in mix infection with the WSSMV in the most of infested regions. The virus transmission in infected plants doesn't be regularly. Single shoots of individual plant can contain the two viruses either separately or in combination, or lack the viruses completely.

In Zusammenarbeit mit: PSA Hannover, Heinicke, D.; PSA Magdeburg, Gippert, R., Sperling, U.; Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft, Rode; Staatliches Amt für Landwirtschaft Niesky, Noatsch, V.; BBA, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Huth, W., Nordsaat Saatzucht GmbH, Kuntze, L.; Saatzucht Hadmersleben GmbH, Hammann, T.; HYBRO GmbH & Co. KG, Saatzucht Langenbrücken, Wortmann, H.; Lochow-Petkus GmbH, Bergen-Wohlde, Wilde, P.

(BAZ - 2169, gefördert durch InnoPlanta)

### **1.9 Untersuchungen zur Resistenz von Getreidekulturen gegen den pilzlichen Virusvektor *Polymyxa graminis* und zum Auftreten von Biotypen des Vektors**

#### **Investigation of resistance of cereals to the fungal vector *Polymyxa graminis* and on occurrence of vector biotypes**

Kastirr, U.

Zielsetzung / Aim:

Das Ziel dieses Projektes besteht in der biologischen Charakterisierung des pilzlichen Virusvektors *Polymyxa graminis* hinsichtlich seiner Wirtsspezifität und Effizienz der Übertragung verschiedener Getreideviren auf unterschiedliche Wirte. Diese Untersuchungen sollen klären, ob es im Getreide Resistenz gegen diesen Vektor gibt und verschiedene Biotypen auftreten, die sich bezüglich ihrer Virusübertragung unterscheiden.

The aim of this project is to characterise biologically properties of the fungal vector *Polymyxa graminis* regarding his host specific reactions and efficiency of transmission

of different cereal viruses to several hosts. These investigations should help to answer the question whether vector resistance exists and biotypes differing in transmission ability occur.

Ergebnisse:

#### Untersuchungen von *Hordeum* - Wildformen auf Resistenz gegen *Polymyxa graminis*

Durch den pilzlichen Vektor *P. graminis* werden mehrere wirtschaftlich bedeutsame Viren auf verschiedene Getreidearten übertragen. Der Nachweis einer Resistenz gegen diesen Virusvektor wäre von großem züchterischen Interesse. Wie bisherige Erkenntnisse zeigen, haben *Hordeum* - Wildformen eine hohe genetische Variabilität hinsichtlich ihrer Resistenzen gegenüber unterschiedlichen Schädlingen und Krankheitserregern. Deshalb wurden *Hordeum* - Akzessionen (118 *H. vulgare*, 21 *H. spontaneum*, 54 *H. bulbosum* und 2 *H. agriocrithen*) aus verschiedenen geografischen Regionen auf ihre Anfälligkeit gegen *P. graminis* getestet. Die Wurzeln der Sämlinge dieser Herkünfte wurden mit *P. graminis* haltigem Wurzelmehl inokuliert und unter kontrollierten Bedingungen (18°C, 16 h Licht, Sandkultur) inkubiert. Der Pilzbefall wurde zum einen durch mikroskopische Bonitur des Dauersporenbefalls (DS) der Wurzelballen und zum anderen durch Amplifikation *P. graminis* spezifischer DNS - Fragmente in der PCR erfasst. Im Gegensatz zu den hochanfälligen Arten *H. vulgare* (anfälliger Standard - Wintergerste *Maris Otter*) und *H. spontaneum* ist die Mehrzahl der geprüften *H. bulbosum* - Akzessionen resistent gegen diesen Virusvektor. Nur in 6 von den 54 geprüften Herkünften wurde in einzelnen Pflanzen ein geringer *Polymyxa* - Befall beobachtet.

Diese Untersuchungsergebnisse zeigen, dass *H. bulbosum* ein Donor für *Polymyxa* - Resistenz ist und für die Züchtung von Gerstenmaterial mit diesem Merkmal eingesetzt werden kann.

Aus diesem Grund stellte R. Pickering Introgressionslinien von *H. vulgare* her, die Genabschnitte aus *H. bulbosum* enthalten. Diese Linien wurden auf ihre Reaktion gegen *P. graminis* überprüft. In den bisherigen Untersuchungen waren die meisten der Linien anfällig für den Virusvektor (Tab. 1). Nur eine der Rekombinanten mit einer Introgression auf dem Chromosom 2 HS ist resistent gegen *P. graminis*. Weitere 8 Linien zeigen eine niedrige Rate der Pilzinfektion.

Abstract:

Wild *Hordeum* species contain valuable genetic resistance to different pests and diseases of cultivated barley. To exploit these important breeding resources, this project is aimed at the selection of resistance to *Polymyxa graminis*, the fungal vector for barley mild mosaic virus and barley yellow mosaic virus (BaMMV and BaYMV).

Fifty-four accessions of *H. bulbosum* and 55 progeny from crosses between *H. vulgare* and *H. bulbosum* were screened for resistance to *P. graminis*. Most *H. bulbosum*

Tab. 1: Niveau der Resistenz gegen *P. graminis* in Kreuzungsnachkommen aus *H. vulgare* und *H. bulbosum*  
 Table 1: Level of resistance to *P. graminis* in progeny from crosses between *H. vulgare* and *H. bulbosum*

Resistenzreaktion	DS-Befall*	Anfällige Standards	Kreuzungsnachkommen
Resistent	0		1
Schwach anfällig	bis 1,0		8
Anfällig	1,0 bis 2,5		44
Hoch anfällig	über 2,5	Emir	2
		Golden Promise	
		Maris Otter	

\*Boniturskala für den DS-Befall im Wurzelballen: <25% - 1,0; 25% - 75% - 2,0; >75% - 3,0

accessions were resistant to the vector; only six of the 54 accessions that were tested showed a low level of *Polymyxa* infection and then in only a few of the plants. The variability of resistance in the progeny from the interspecific cross was high. Most of the recombinant lines were susceptible to *P. graminis*. However, one was fully resistant and eight appeared to be partially resistant to the fungus.

In Zusammenarbeit mit: Crop & Food Research, Christchurch, New Zealand, Pickering, R. ; IPK, Genbank Gatersleben, Grau, M.;

(BAZ - 2170)

**1.10 Untersuchungen zur Resistenz von Raps gegen das Turnip mosaic virus**  
**Investigation of resistance of oilseed rape to Turnip mosaic virus**  
 Schubert, J.; Krämer, R.

Zielsetzung/Aim:

In einem Feldversuch von 2000/2001 konnten wir nachweisen, dass alle getesteten Rapsorten anfällig für das *Turnip mosaic virus* (TuMV) sind. Die vorliegenden Versuche sollten klären, wie hoch die infektionsbedingten Ertragsverluste sind, um Aussagen treffen zu können, ob das Virus eine reale Bedrohung darstellen kann. Sie sind in enger Verbindung mit epidemiologischen Untersuchungen zum Auftreten des Virus in Raps zu sehen.

In a field trial in 2000/2001 we could demonstrate, that all tested commercial oilseed rape varieties are susceptible to *Turnip mosaic virus* (TuMV). We intended to investigate the level of yield losses which might be caused by TuMV infection to decide whether it could be a threat for crop production. The results have to be seen in close connection with epidemiological investigations performed for this virus in oilseed rape.

Ergebnisse:

Es wurde ein Feldversuch, bestehend aus acht Parzellen (3m x 1,5 m) mit der Sorte 'Express' in einem Gazehaus angelegt. Dies sollte eine Verfälschung der Ergebnisse durch gleichzeitigen Spontanbefall mit *Turnip yellows virus* (TuYV) verhindern. Vier der Parzellen wurden im September mechanisch mit einem Gemisch aus TuMV-Isola-

ten infiziert. Die Gaze wurde Ende November entfernt, da zu dieser Zeit keine Blattläuse mehr auftraten. Bereits jetzt waren starke Befallssymptome zu erkennen. Die Pflanzen waren in Ihrer Entwicklung deutlich gehemmt. Besonders im Frühjahr ließen die infizierten Pflanzen im Vergleich zu den gesunden eine deutliche Entwicklungsverzögerung erkennen (Abb. 1). Vereinzelt wiesen auch nicht inokulierte Pflanzen Symptome von Befall mit TuMV bzw. TuYV auf, so dass es doch teilweise zu einem spontanen Spätbefall gekommen war. Insgesamt war der Blühbeginn der infizierten Parzellen um 2 Wochen verzögert, die Abblüte erfolgte hingegen auf allen Parzellen etwa zur gleichen Zeit. Zu diesem Zeitpunkt wurde die Pflanzhöhen bestimmt.

Als weitere Parameter hinsichtlich Einflusses der Infektion wurden der Ertrag und die Tausendkorntmasse (TKM) bestimmt. Die Ergebnisse sind in Tabelle 1 zusammengefasst.

Tab. 1: Einfluss der TuMV-Infektion auf Ertragsparameter von Raps  
 Table 1: Influence of TuMV infection on yield parameters of oilseed rape

	TKM [g]	Pflanzhöhe [cm]	Parzellen-ertrag [kg]
gesund	4,14	105,0	1,382
infiziert	3,76	84,2	0,502
% von gesund	91	81	36

Während die TKM nur unwesentlich reduziert war, wies die Pflanzhöhe ein gut sichtbare Reduktion auf. Die Ertragsreduktion um 64 % fiel hingegen sehr drastisch aus. Sie übertrifft die durch das TuYV hervorgerufenen Verluste von 10 - 15 % bei weitem.

Für den ökologischen Landbau, der auf den Einsatz von Pflanzenschutzmitteln verzichtet, ergibt sich daraus, dass es bei einer Primärinfektion, die sich durch fehlende Beizung bei Vorliegen entsprechender Infektionsbedingungen schnell ausbreiten kann (vgl. JB 2001), zu erheblichen Ertragsausfällen kommen kann. Inwieweit der Befall auch Einfluss auf die Ölzusammensetzung hat, muss geprüft werden.

Nach Möglichkeit sollte daher bei Öko-Sorten versucht werden, geeignete Resistenzallele einzulagern. Es kann



Abb. 1: Links - Befallssymptome mit TuMV (Chlorosen), November 2001; rechts - unterschiedliche Wuchshöhen gesunder (Vordergrund, linke Parzelle) und TuMV-infizierter Rapspflanzen (Vordergrund, rechte Parzelle) im Mai 2002

Fig. 1: Left - symptoms of infection with TuMV (chloroses) in November 2001; right - differing plant height of healthy (foreground, left side) and TuMV infected plants of oilseed rape (foreground, right side) in May 2002

nicht ausgeschlossen werden, dass sich bei weiter verändernden klimatischen Bedingungen das Virus, welches bisher nur vereinzelt in Rapsbeständen nachgewiesen werden konnte, ausbreitet.

**Abstract:**

Early infection of oilseed rape with TuMV was shown to be extremely harmful. Onset of flowering was delayed, height of plants, one-thousand-kernel-mass and yield were reduced significantly. For this reason oilseed-rape varieties used for organic farming, where use of insecticides is omitted, should contain resistance alleles to TuMV.

**1.11 Stabilität der transgenen Resistenz von Kartoffeln unter Freilandbedingungen  
Stability of transgenic PVY-resistance under field conditions**

Schubert, J.; Supp, P.

**Zielsetzung/Aim:**

Die Stabilität der Resistenz verschiedener transgener Klone mit pathogen derived resistance (PDR) gegen das 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 Ausbreitung des Virus erfolgte über natürlichen Zuflug von Blattläusen. Es wurden Augenstecklingsprüfungen (Feldversuche 2001) und Tests auf Primärbefall (Feldversuche 2002) durchgeführt. Gleichzeitig erfolgten Testungen in einer Klimakammer mit verschiedenen Viren, um deren Einfluss auf die Resistenz überprüfen zu können.

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 tested under field conditions. Clones were grown with three replica-

tions. Infection occurred spontaneously by viruliferous aphids. Level of secondary (sprout testing of plants from 2001) and of primary infection (year 2002) has been investigated. In addition, experiments on influence of different viruses on resistance were performed in a climate chamber.

**Ergebnisse:**

Der Nachweis des PVY erfolgte serologisch mit einem Testsystem der Firma Bioreba. Die Ergebnisse der letzten Jahre sind in Tabelle 1 dargestellt.

Tab. 1: Ergebnisse der Testung transgener Kartoffellinien auf Befall mit PVY, Befall in %

Table 1: Results of testing of transgenic potato lines for infection with PVY, level of infection in %

Testjahr Befallsform Klone/Sorten	2000 primär	2000 sekundär	2001 primär	2001 sekundär	2002 primär
Linda	100	100	96	100	82
Linda Nb58	13	42	0	30	2
DH59	100	100	92	84	80
DH59 Nb93	100	0	82	7*	71
DH59 Nb146	100	0	58	0	31
DH59 Nb156	100	0	27	0	18
DH59 CP102	n.t.	n.t.	36	2*	4

\*Extinktionswerte > Mittelwert für gesunde Pflanzen +3s (Schwellwert), aber unter OD<sub>405nm</sub> 0,05

\*Absorbance > mean value for healthy plants +3s (threshold value), but less than OD<sub>405nm</sub> 0,05

Den Ergebnissen ist zu entnehmen, dass die DH59-Linien Resistenz vom Typ "recovery" aufweisen. Diese ist sehr stark ausgeprägt, kann aber trotzdem von einigen Isolaten überwunden werden. Diese resistenzbrechenden Isolate müssen näher charakterisiert werden, insbesondere, um festzustellen, ob es sich um neuartige Rekombinanten handelt. Bei der Linie Linda Nb58 tritt keine Recovery auf, die Pflanzen weisen im ELISA meist hohe Extinktionswerte auf und die Anzahl infizierter Pflanzen nimmt zu.

Im Jahre 2001 war der Infektionsdruck geringer als 2002, wie an den Befallswerten der nicht-transgenen Kontrollen zu erkennen ist. Aus diesem Grund kommt die "Basalresistenz" sowohl der DH59-Linien als auch bei Linda Nb58 zur Ausprägung. Allerdings reichert sich bei Linda Nb58 dann das Virus während der Lagerung/Keimung doch an.

Bei den bisher getesteten resistenzbrechenden Isolaten von Linda Nb58 handelt es sich in der Regel um Wilga-Stämme des PVY. Sie traten bereits 2000 auf und werden hiermit erstmalig für Deutschland beschrieben. Ihr Auftreten ist für die umliegenden Länder seit längerem bekannt.

Interessant ist, dass der Primärbefall 2002 geringer ausfiel als 2001 und das, obwohl die Besiedlung mit Aphiden 2002 wesentlich stärker war (vgl. Supp & Schubert, JB 2002). Somit scheint zwischen beiden Faktoren keine unmittelbare Korrelation zu bestehen.

Die Ergebnisse unterstreichen, dass es vor der Nutzung transgener Pflanzen mit Virusresistenz auf der Basis der PDR wichtig ist, ihre Stabilität gegen verschiedene Isolate des Zielvirus zu testen.

In Klimakammer-Experimenten wurde nachgewiesen, dass weder das *Potato virus S* (PVS) noch *Potato virus M* die transgene Resistenz beim Klon Linda Nb58 beeinflussen. Dafür hatten wir auch aus den Feldversuchen keine Anhaltspunkte bekommen, wo sehr häufig starker PVS-Befall auftrat.

Anders verhielt es sich bei homologen Isolaten, die in der Lage waren, die Resistenz zu brechen. Die Ergebnisse sind in Tabelle 2 dargestellt. Man erkennt, dass das Isolat 5 (ein untypisches Wilga-Isolat) die Resistenz durchbrechen kann (rot hinterlegt). Auch eine Vorinokulation mit dem PVY<sup>NTN</sup>-Stamm Hessen oder mit *Potato virus A* (PVA), gegen welche die Linie immun ist, die die Resistenzmechanismen aktivieren, verhindert den Befall nicht, schwächt ihn aber ab. Somit ist dieses Isolat in der Lage, aktiv die Resistenzreaktion zu unterdrücken. Allerdings kommt es zu keinem PVA-Befall (grün hinterlegt). Eine Vorinokulation mit dem Isolat 5 hebt jedoch die Resistenz auch gegen das PVA auf (blau hinterlegt).

Umfangreiche Versuche mit definierten N-, O-, Wilga- und C-Stämmen zeigten, dass es keine Korrelation zwischen dem Grad der Sequenzhomologie Transgen/invadierendes Virus und der Resistenz gibt. Bestes Beispiel ist die Stabilität der Resistenz gegen das PVA oder aber verschiedene O-Stämme. Somit spielen andere Gene des Virus als das Homolog zum Transgen eine Rolle beim Durchbrechen.

Tab. 2: Unterdrückung der Resistenzreaktion bei Linda Nb58 durch das PVY-Isolat 5

Table 2: Suppression of resistance reaction of Linda Nb58 by PVY isolate 5

Isolate	PVY		PVA	
	7 dpi	35dpi	7dpi	35dpi
PVY <sup>NTN</sup>	0,001*	0,005	-	-
Isolat 5	0,041	3,017	-	-
PVY <sup>NTN</sup> + Isolat 5	0,006	0,310	-	-
PVA+ Isolat 5	0	0,350	0,040	0,030
Isolat 5 + PVA	0,135	>3,0	0,040	0,183

\*Extinktion bei 405 nm im DAS-ELISA

\*Adsorbance at 405 nm in DAS\_ELISA

Abstract:

Results of the field experiments confirmed, that several isolates may exist which are able to overcome the resistance. Thus extended resistance testing of plants with PDR is necessary to confirm its stability. Resistance of some lines with recovery type of resistance remained stable. Unrelated viruses can not suppress resistance reaction as shown for PVS and PVM. Isolates able to overcome transgenic resistance can actively suppress resistance mechanism thus enabling infection of the plants by related isolates/viruses which normally can not infect the 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).

### 1.12 Einfluss transgener Kartoffelpflanzen mit Resistenz 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. Recombination on RNA level.

Supp, P.\*; Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Potyviren treten als Quasispezies mit zahlreichen kleinen Abweichungen in der Sequenz auf. Besonders variabel unter ihnen ist das PVY. Neue, stark pathogene Stämme wie der PVY<sup>NTN</sup>-Stamm sind durch mehrfache Rekombination zwischen N- und O-Stämmen entstanden. Über die Häufigkeit von Rekombinationen viraler RNA mit einer homologen RNA aus Transgenen in Abwesenheit von Selektionsdruck gibt es keine Daten. Um diese zu erhalten, wurde die RNA verschiedener PVY-Isolate aus infizierten transgenen Pflanzen analysiert und mit der bekannten Sequenz des Transgens verglichen. So sollten Anhaltspunkte über mögliche Rekombinationen gefunden werden.



Potyvirus form quasispecies which show a high degree of sequence deviants. Especially PVY is a highly variable virus among them. New, more pathogenic strains like PVY<sup>NTN</sup> appeared by multiple recombination between PVY<sup>N</sup>- and PVY<sup>O</sup>-strains. Data on recombination frequency between viral RNA and that of a homologous transgenic RNA in the absence of any selection pressure are missing. To obtain corresponding data RNA of PVY-isolates from transgenic potato lines was analysed and compared to the sequence of the transgene. Thus data about possible recombination should be obtained.

**Ergebnisse:**

Aus mit PVY infizierten transgenen Kartoffeln wurde mittels IC-RT-PCR virale cDNA gewonnen. Sequenzabweichungen konnten durch CDGE identifiziert werden. Die entsprechenden Banden wurden isoliert, reamplifiziert und sequenziert. Durch dieses Verfahren erhält man Hinweise, wie zahlreich Mutanten auftreten. Sequenzvergleiche der viralen RNA-Varianten mit der des Transgens ergaben bisher keinen Hinweis auf eine Rekombination.

Es wurden jedoch zahlreiche Sequenzvarianten des PVY detektiert. Besonders interessant sind in diesem Zusammenhang Rekombinationsereignisse zwischen Virusstämmen. Diese sind in den Abbildungen 1 und 2 dargestellt.

Während im Fall des in Abb. 1 dargestellten Ereignisses der 3'-terminale Bereich des Hüllproteingens gegen den entsprechenden Bereich eines O-Stammes ausgetauscht war, liegt im in Abb. 2 dargestellten Fall bei der Virus-RNA aus der transgenen Linie DH59CP102 eine Insertion bzw. partielle Duplikation in der 3'-UTR vor.

Außerdem wurde der 3-terminale Bereich der viralen RNA dieses O-Stammes durch den eines N-Stammes ersetzt. Diese Rekombinante des PVY ist wahrscheinlich nur lebensfähig, weil sich die Insertion in der 3'-UTR befindet, und nicht in der kodierenden Region des Polyproteingens. Ob diese Insertionsmutante/Rekombinante einen selektiven Vorteil in der Umgebung der transgenen virusresistenten Linie DH59CP102 hat (Klon mit Recovery-Resistenz), es ihr also ermöglicht, die Resistenz zu durchbrechen, muss in folgenden Untersuchungen abgeklärt werden. Man kann sich aber vorstellen, dass eine solche Insertion in die virale Sequenz die Erkennungsstelle für eine siRNA (small interfering RNA) verändert, so dass diese Sequenzvarianten dem auf dem Mechanismus des post-transkriptionellen Gen-silencing (PTGS) basierenden RNA-Abbau entgehen. Da dieselbe Insertion gleich zweimal im selben Block gefunden wurde (Klon 2.3.2.5 mit einigen weiteren Mutationen, aber gleichem Insert, nicht gezeigt), scheint sie zumindest keine wesentlich verminderte Fitness des Virus zu verursachen.

Daher werden im Rahmen der Augenstecklingsprüfung 2003 weitere CP-Gensequenzen viraler Isolate untersucht und sequenziert werden, um zu klären, inwieweit solche Insertionen regelmäßig auftreten.

Der Umfang der gewonnenen Daten lässt keine Rückschlüsse darüber zu, ob auf transgenen Pflanzen mit einem erhöhten Rekombinationsrisiko zwischen Virusisolaten zu rechnen ist. Dazu müssen nicht-transgene Pflanzen in die Untersuchungen einbezogen werden.

NTN "Hessen"	TTTGATGGAT	GCTTATGGGA	AGAGCTTGTT	AAATAGAGAA	GCATACATAA
CH605	.....	.....	.....	.....	.....
O-Stamm	.....	..G.....	.A..T...C.	G.....T	.....C.
Konstrukt Nb88	.....	.....	.....	.....	.....T..T.
3-2W_21.DNA	.....	.....	.....	.....	.....T....
3-2W_22.DNA	.....	.....	.....	.....	.....T....
3-2W_23.DNA	.....	.....	.....	.....	.....T....
NTN "Hessen"	AGGACATAAT	GAAATACTCA	AAGCCTATTG	ATGTTGGAAT	AGTAGACTGC
CH605	.....	.....	.....	.....	.....
O-Stamm	.....	..G...T...	..A.....A.	.....T..	C..G.....
Konstrukt Nb88	.....	.....	.....A.	.....	.....
3-2W_21.DNA	.....	.....	.....	.....C	.....
3-2W_22.DNA	.....	.....	.....	.....C	.....
3-2W_23.DNA	.....	..G...T...	..A.....A.	.....T..	C..G.....

Abb. 1: Rekombination zwischen einem PVY<sup>N</sup>- und PVY<sup>O</sup>-Stamm

NTN 'Hessen' und CH605 - zwei PVY<sup>N</sup>-Stämme; Konstrukt Nb88 - Sequenz der transgenen cDNA in der Kartoffellinie Nb88; 3-2W\_21; 3-2W\_22; 3-2W\_23 - drei identifizierte Sequenzvarianten des PVY, wobei 3-2W\_23 eine Rekombinante zwischen einem N-Stamm (hellblau) und einem O-Stamm (grün) darstellt.

Fig. 1: Recombination event between PVY<sup>N</sup>- and PVY<sup>O</sup>-strain.

NTN 'Hessen' and CH605 - two PVY<sup>N</sup>-strains; Konstrukt Nb88 - sequence of transgenic cDNA in potato line Nb88; 3-2W\_21; 3-2W\_22; 3-2W\_23 - three identified sequence variants of PVY. 3-2W\_23 is a recombinant between a N-strain (pale blue) and a O-strain (green).

3'UTR						
N-Stamm	GTGAAGAACA	TG TGA TTGTA	GTGTCTTTCC	GGACGATATA	TAGATATTTA	
O-Stamm	--c-----	-----	-----c---	-----	--ag-----	
2.3.3.12	--c-----	-----	-----c---	-----	--ag-----	
N-Stamm	TGTTTGCAGT	AAGTATTTTG	GCTTTTCCTG	TACTACTTTT	ATCGCAATT	.
O-Stamm	ca-a-----	-----	-----	-----	---at-----	
2.3.3.12	ca-a-----	-----	-----	-----	---a-----t	
N-Stamm	AATAATC.GT	TTGAATAT..	.....	.....	.....	
O-Stamm	-----a--	-----	.....	.....	.....	
2.3.3.12	-----	-----aa	<u>atggcagata</u>	<u>gggtagtat</u>	<u>agcgattccg</u>	
N-Stamm	.....	.....	.....	....TACTGG	CAGATAGGGG	
O-Stamm	.....	.....	.....	-----aa	t-----a--	
2.3.3.12	<u>tcgtttagt</u>	<u>gaccttagct</u>	<u>gtcgtttctg</u>	<u>ttat</u> --a---	-----	
N-Stamm	TGGTATAGCG	ATTCCGTCGT	TGTAGTGACC	TTAGCTGTCTG	TTTCTGTATT	
O-Stamm	---c-gg-t-	---t----a-	---g----t-	c--t----ta	a-a-c-c---	
2.3.3.12	--a-----	-----	-----	-----	-----	

Abb. 2 : Rekombinationsereignis (partielle Duplikation) beim Isolat 2.3.3.12.  
 Grün hinterlegt: inserierte RNA, einfach unterstrichen - möglicher Ursprung der Duplikation.  
 Rot hinterlegt: Stopp-Kodon des Hüllproteingens

Fig. 2: Recombination event (partial duplication) for isolate 2.3.3.12.  
 Green background: inserted RNA, underlined - possible origin of duplication.  
 Red background: stop codon of coat protein gene

Abstract:

Three recombination events between PVY<sup>O</sup>- and PVY<sup>N</sup>-strains were identified, originating from a transgenic Nlb-clone and a CP-clone. In the first case the recombination breakpoint is located in the 3'-terminal region of the CP and consequently not related to the transgenic feature. Two other isolates identified on a CP-transgenic clone were characterised by an insertion/partial sequence duplication. As both are showing slightly different sequences of the core molecule the insertions of the sequence appeared independently from each other. No recombination between viral and transgenic RNA could be identified, though more than 200 pre-selected sequence variants have been investigated. Further investigations have to demonstrate whether one can expect an enhanced risk of recombination in transgenic plants.

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)

**1.13 Einfluss transgener Kartoffelpflanzen mit Resistenz 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:

Verschiedene Blattlausarten sind Vektoren für die wichtigsten Kartoffelviren. Die Besiedelung transgener Kartoffellinien mit Blattläusen im Vergleich zu kommerziellen, nicht-transgenen Kartoffelsorten sollte untersucht werden. Hintergrund ist die Fragestellung, ob die transgenen Pflanzen eine unterschiedliche Attraktivität für Blattläuse oder einzelne Spezies besitzen als herkömmliche Sorten. Die Untersuchungen von 2001 wurden fortgeführt.

Aphids are vectors for most important potato viruses. Settlement of transgenic potato lines with aphids compared to non-transgenic lines/varieties should be investigated to get an answer whether transgenes are more attractive for them or not. Investigations started in 2001 were continued.

Ergebnisse:

Der im Jahr 2001 begonnene Vergleich des Aphidenspektrums und -dominanzgefüges wurde im Jahre 2002 fortgeführt. Das Versuchsfeld umfasste 36 Parzellen mit je 15

Pflanzen (mindestens 3 Wiederholungen). Insgesamt handelte es sich um 540 Pflanzen, von denen 270 aus sechs transgenen Linien und der Rest aus fünf nicht-transgenen Sorten stammte (dabei 'Arosa' mit 4 und 'Hansa' mit 5 Blöcken).

Die Blattläuse wurden wöchentlich von der 25. bis zur 31. Kalenderwoche (KW) bonitiert. Für die Aphidenzählung erfassten wir bei jeder der sieben Bonituren alle 15 Einzelpflanzen eines Blockes. Hierbei wurden die Aphiden von 5 zufällig ausgewählten Fiederblättern jeder Pflanze gesammelt. Dieser hohe Aufwand war erforderlich, um gesicherte Daten zu erhalten.

Für die Auswertung wurden die Werte für die Blöcke zusammengefasst.

Zum Vergleich: 2001 traten die ersten Blattläuse in der 27. KW auf und die Population brach nach der 31. KW zusammen. Es überwog *Macrosiphum euphorbiae*. Die geringste Gesamtzahl an Aphiden trat auf Linda Nb58 sowie DH59 Nb146 bzw. 156 auf, obwohl diese Unterschiede zu den nicht-transgenen Pflanzen nicht zu sichern waren (Mattern & Schubert, JB 2001).

Blattläuse traten im Jahr 2002 bereits in der 25. KW auf und damit 2 Wochen früher als 2001. In der 31. KW war die Population zusammengebrochen und es konnten nur noch vereinzelt Exemplare gefunden werden. Die Zählung der Aphiden ergab eine Gesamtzahl von 36.502 Exemplaren im Vergleich zu 3.551 Exemplaren im Jahre 2001. Die Besiedlung der einzelnen Kartoffelsorten/Linien mit Aphiden insgesamt ist in Abbildung 1 wiedergegeben.

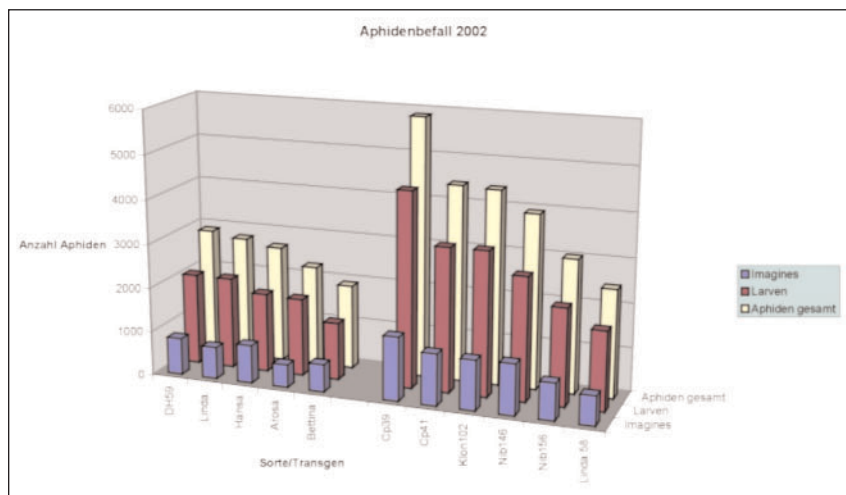


Abb. 1: Gesamtzahl der erfassten Aphiden (Larven und Imagines) bei transgenen Kartoffellinien und kommerziellen Kartoffelsorten für die 25.-31. KW 2002

Fig. 1: Total number of detected aphids (larvae and imagines) on transgenic potato lines and varieties for 25<sup>th</sup> to 31<sup>st</sup> week in 2002

Vergleicht man die Besiedlung transgener und nicht-transgener Pflanzen ohne Differenzierung der Sorten respektive Klone, so scheinen die transgenen Pflanzen im Jahr 2002 stärker von Aphiden besiedelt worden zu sein als die nicht-transgenen Kontrollpflanzen; im Jahr 2001 war dieses Ver-

hältnis umgekehrt. Auch der stark schwankende relative Befall der Sorte 'Bettina', die 2001 die höchste Anzahl Aphiden aufwies, zeigt, dass hier noch andere Faktoren als die Kartoffelsorte, transgen oder nicht, eine Rolle spielen könnten. Erst nach mehrjährigen Beobachtungen werden gesicherte Aussagen möglich sein.

Bei den großen Unterschieden des Aphidenbefalls der Jahre 2001 und 2002 scheint sich lediglich eine Tendenz für die transgenen Linien abzuzeichnen, nämlich eine Abstufung des Aphidenbefalls innerhalb der transgenen Linien. Betrachtet man die Werte für die transgenen Pflanzen der Jahre 2001 und 2002, so haben die Klone DH59 CP39, DH59 CP41 und DH59 CP102 jeweils den höchsten Aphidenbefall, die Klone Linda Nib58 und DH59 Nib156 jeweils den geringsten. Hier könnte sich also ein Trend abzeichnen.

Die Verteilung der Aphiden innerhalb des Feldes schwankt zwar von Block zu Block stark, aber ohne erkennbares Muster. Ein systematischer, verzerrender Einfluss (benachbarte Kleingärten, Bäume), wie wir ihn zuvor vermutet hatten, liegt demnach nicht vor. Das Anlegen einer Um- saat würde somit wahrscheinlich keine „Normalisierung“ der Daten bewirken, soll aber im nächsten Jahr trotzdem praktiziert werden.

Die Bestimmung der Aphidenarten soll weiteren Aufschluss über eine etwaige Präferenz aller oder bestimmter Blattlausarten für die transgenen Kartoffellinien geben. Aufgrund der hohen Zahl gesammelter Blattläuse nimmt die Bestimmung des Dominanzgefüges jedoch noch geraume Zeit in Anspruch; es zeichnet sich aber bereits jetzt ab, dass wie 2001 *Macrosiphum euphorbiae* auch im Jahre 2002 eudominant ist.

Die gewonnenen Daten könnten ein erster Hinweis darauf sein, dass transgene Pflanzen Veränderungen aufweisen, die vom Menschen nicht erfasst werden, jedoch ökologisch bedeutsam sind. Um diese Hypothese bestätigen zu können, reichen die gewonnenen Daten jedoch nicht aus.

#### Abstract:

Population of aphids on transgenic potato lines and commercial cultivars was compared. Despite many differences judged to the results of 2001, the transgenic lines Linda Nib58 and DH59 Nib156 attracted less aphids in both years, compared to the other transgenic lines. In 2002 the transgenic plants have been settled more

intensively by aphids than non-transgenic. This is in contrast to 2001 when transgenic plants revealed a density of the population as high as non-transgenic plants or slightly lower. The statistical significance of this result has to be evaluated.

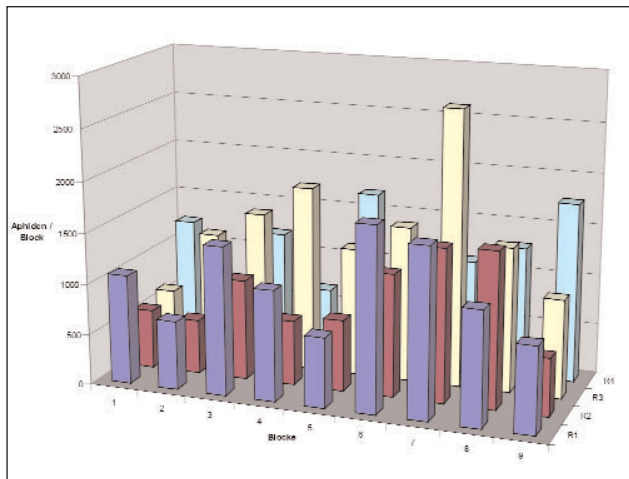


Abb. 2: Räumliche Verteilung des Aphidenbefalls (Gesamtzahl). Jede Säule stellt den Aphidenbesatz eines Blockes á 15 Pflanzen dar in einem Feld mit 4 Reihen (R<sub>1</sub>-R<sub>4</sub>) zu je neun Blöcken (1 - 9)

Fig. 3: Spatial distribution of aphids (total number). Every column represents the number of aphids on each plot of fifteen potato plants in a field with 4 rows (R<sub>1</sub>-R<sub>4</sub>) and 9 plots in each (1 - 9)

In Zusammenarbeit mit: 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)

#### 1.14 Einfluss transgener Kartoffelpflanzen mit Resistenz 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:

Transgene Kartoffellinien, die unter Gewächshausbedingungen unterschiedlich ausgeprägte Resistenz gegen das *Potato virus Y* (PVY) zeigten, wurden in mehrjährigen Freilandversuchen unter natürlichem Infektionsdruck auf Befall mit dem PVY und insbesondere mit anderen aphidenübertragbaren Viren getestet. Es sollte überprüft werden, ob sich durch die genetische Veränderung ein Einfluss auf die Resistenz gegen Nicht-Zielviren ergibt.

Infection of several PVY-resistant transgenic potato clones with different aphid transmitted viruses was tested under field conditions over three years. Results should indicate whether resistance to non-target viruses is influenced by genetic modification.

##### Ergebnisse:

Es wurden in den Jahren 2000, 2001 und 2002 Freilandversuche mit gegen das PVY resistenten transgenen Kartoffellinien durchgeführt. Die Resistenz der transgenen Linien beruht auf der pathogen derived resistance (PDR); durch 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) wurden die Pflanzen gegen das entsprechende Virus resistent. Die eingebauten Sequenzen stammen bei den hier verwendeten Linien vom PVY-Isolat CH605 (PVY<sup>N</sup>-Stamm).

Es wurde die Stabilität der Resistenz gegen das PVY geprüft als auch der Befall mit den Kartoffelviren *Potato virus S* (PVS), *Potato leafroll virus* (PLRV) und *Potato virus A* (PVA) getestet. Als Kontrolle dienten die nicht-transgenen kommerziellen Sorten 'Bettina', 'Linda', 'Hansa' und 'Ute'. Alle Tests wurden mittels DAS-ELISA Ende Juli-Anfang August jeden Jahres durchgeführt. Die Ergebnisse zeigt Tabelle 1.

Beim Vergleich der Primärinfektion zeigten sich am Standort Aschersleben in den drei Jahren starke jahresbedingte Unterschiede im Infektionsdruck, die jedoch nicht mit der Stärke der Aphidenpopulation korrelierten; so war im Jahr 2002 ein weitaus stärkerer Aphidenbefall als 2001 zu verzeichnen, die Infektion mit PVY und den anderen aphidenübertragbaren Viren war aber meist deutlich geringer als 2001. Weiterhin zeigte sich, dass der Befallsgrad mit PVY zwischen in unmittelbarer Nähe gelegenen Parzellen variieren kann (vgl. Supp & Schubert, JB 2002; dort auch Diskussion Relevanz PVY-Befall). Das PVY-infizierte transgene Material wird sowohl für Untersuchungen zur Rekombination auf RNA-Niveau eingesetzt als auch zur Untersuchung von Verschiebungen im Stammspektrum. Da der Befall mit PVY starken jährlichen Schwankungen unterworfen war, kann man davon ausgehen, dass die infektiösen Aphiden in allen drei Jahren mit unterschiedlichen Isolaten beladen waren, von denen einige die Resistenz gegen das PVY besser überwinden konnten als andere. Dies ist ein Hinweis auf die hohe jährliche Variabilität des Virus.

Interessant war in diesen Versuchen zu beobachten, dass mit einem speziellen Ziegen-Antiserum PVY-Befall auf den extrem resistenten Sorten 'Bettina' und 'Ute' zu verzeichnen war. Z. T. ließen sich diese Ergebnisse über IC-RT-PCR bestätigen. Allerdings gelang es uns nicht, entsprechende Isolate auf Tabak zu übertragen.

Klare Aussagen für eine erhöhte Anfälligkeit oder Resistenz der transgenen Linien gegen Nicht-Zielviren lassen sich nicht treffen. Es zeichnet sich jedoch ab, dass es genau wie beim PVY beim PVA Isolate zu gegeben scheint, die die Resistenz der Linie Linda NIB58 brechen können.

Gegen PVS scheinen die Linien DH59 CP102 und NIB146 eine erhöhte Resistenz, die Linie Linda NIB58 hingegen eine erhöhte Anfälligkeit aufzuweisen. Es deutet sich an, dass gegen das PLRV einzig bei der Linie DH59 CP41 ei-

ne Veränderung der Resistenz auftritt und zwar in Richtung Anfälligkeit.

Die Versuche der letzten drei Jahre zeigen, dass es bei den transgenen Pflanzen offenbar doch eine Beeinflussung der Resistenz gegen andere Viren geben kann, sowohl in positiver als auch negativer Richtung. Dies hängt in jedem Fall vom konkreten Isolat des Virus und der konkreten transgenen Pflanze ab. Da die Virusisolate sich wahrscheinlich wie beim PVY von Jahr zu Jahr ändern, ändern sich auch die Befallswerte.

Somit ist bei der Selektion transgener Pflanzen auf jeden Fall zu untersuchen, ob sich die Anfälligkeit für bestimmte Viren verändert. Dies kann nur durch mehrjährige und mehrortige Versuche erfolgen.

Tab. 1: Primärinfektion PVY-resistenter transgener Kartoffelklone für die Jahre 2000/2001/2002 mit PVY, PVS, PLRV und PVA (% befallener Pflanzen)

Table 1: Primary infection of PVY-resistant transgenic potato lines in 2000/2001/2002 with PVY, PVS, PLRV and PVA (% of infected plants)

Sorte/Linie	Virus			
	PVY	PVS	PLRV	PVA
<b>DH59 CP39</b>	52/73/29	nt/7/24	11/13/14	11/0/18
<b>DH59 CP41</b>	50/98/51	nt/0/7	57/21/10	2/0/0
<b>DH59 CP102</b>	nt/90/7	nt/12/17	nt/2/7	nt/2/17
<b>DH59 Nib146</b>	48/82/50	0/2/4	14/13/4	7/0/2
<b>DH59 Nib156</b>	34/98/4	20/7/7	27/2/0	14/2/0
<b>Linda Nib58</b>	29/73/7	58/3/80	44/0/0	0/18/11
<b>Ute</b>	27/80/nt	60/20/nt	9/20/nt	4/2/nt
<b>Bettina</b>	22/95/95	13/18/14	11/9/14	11/11/10
<b>Hansa</b>	52/80/70	45/13/73	33/4/4	4/22/0

Pflanzen, deren  $E_{405nm}$ - Wert (DAS-ELISA) das Doppelte der Gesundheitskontrolle überstieg, galten als infiziert

Plants were considered as infected, if the  $E_{405nm}$  value (DAS-ELISA) was twice as high as the healthy control

Abstract:

Primary infection of transgenic potato lines and commercial cultivars with PVY was lower in the year 2002 than in 2001 though aphid population was more dense indicating that no correlation between both parameters exists. Resistance of transgenic plants to non related viruses seems to be effected in some cases but no clear tendency can be detected so far. As to PVY the resistance/susceptibility to other viruses seems to be influenced by the virus strains/isolates which change from year to year.

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)

### 1.15 Abwehrproteine der Gerste: Resistenzprüfung von transgenen Kartoffel- und Rapspflanzen, die ein basisches PR-5 Protein überexprimieren

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

Reiss, E.

Zielsetzung/Aim:

Zur Funktion der PR-5 Proteine (Thaumatococcus-ähnliche Proteine, TLPs) in der Pflanze gibt es nur Hinweise für eine gewisse Rolle in der Abwehr, z. B. konnte bei einigen Vertretern *in-vitro* eine antifungale Wirkung nachgewiesen werden, wobei eine Penetration pilzlicher Strukturen diskutiert wird. Des Weiteren korreliert ihre starke Akkumulation in zuckerreichen Früchten und Speicherorganen mit einer Resistenzhöhung. Interessant ist auch ihre Adsorption an bestimmten polymeren  $\beta$ -1,3-Glukanen, die ein Zusammenwirken mit  $\beta$ -1,3-Glukanasen vermuten lässt.

Wir versuchen am Beispiel eines basischen PR-5 Proteins (PR-5h oder TLP8) durch eine Überexpression des Gens in Raps- und Kartoffelpflanzen zunächst antifungale Eigenschaften nachzuweisen, um diese durch weitere Transformationen zu brauchbaren Resistenzen ausbauen zu können.

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. 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.

Ergebnisse:

Kartoffel- und Rapspflanzen, transformiert mit dem basischen TLP8-Gen der Gerste, wurden regeneriert und vermehrt, um sie auf Expression des PR-5 Proteins im Western blot zu prüfen. Pflanzen, die eine hohe Expression zeigen, werden schließlich einer Resistenzprüfung unterzogen. Bei der Prüfung transgener Kartoffelpflanzen (Sorte 'Linda' und DH-Linie 59) auf Resistenz gegen *Phytophthora infestans* mit der Virulenzgenkombination 1-11 bei

einer Inokulationsdichte von 9000 bis 12000 Sporangien/ml konnten nur relative Resistenzen gefunden werden, die einen Boniturwert von 5 auf der Skala von 1 bis 9 nicht überschritten und damit nur knapp über den Werten für die nicht transformierten Kontrollen lagen ('Linda' 4,5; DH-Linie 59 2,5).

Eine weitere Prüfung ausgewählter transgener Kartoffelpflanzen, gewonnen aus den Knollen der primären transgenen Pflanzen, auf Phytophthora-Resistenz mit einer Inokulationsdichte von 8000 Sporangien/ml eines Isolates mit der gleichen Virulenzgenkombination erbrachte eine bessere Differenzierung mit Resistenznoten, die in mehreren Fällen den Wert 7,0 überschritten und bis zu 8,4 gingen, wobei die resistente Standard-Kontrolle eine Boniturnote von 9,0 erhielt (Tab. 1). Hierzu muss angefügt werden, dass sich keine Korrelation der Boniturnoten mit der Signalstärke im Western blot aufbauen ließ.

Tab. 1: Resistenzbewertung transgener Kartoffelpflanzen nach Infektion mit *Phytophthora infestans*  
 Table 1: Evaluation for resistance of transgenic potato plants infected with *Phytophthora infestans*

Klon	Boniturwert	Standardabweichung
Linda 4	8,4	0,21
Linda 12	7,9	1,12
Linda 14	6,9	1,63
Linda 38	6,9	0,83
Linda 8	6,6	1,69
Linda 35	6,4	2,51
Linda 34	5,8	1,97
Linda 32	4,5	2,19
DH 59.42	8,2	0,74
DH 59.186	8,0	0,75
DH 59.180	7,0	1,19
DH 59.57	6,6	1,87
DH 59.41	6,3	1,54
DH 59.126	6,2	1,29
DH 59.9	5,5	2,00
DH 59.131	4,5	1,77
resistenter Standard	9	

Transgene Rapspflanzen, die eine hohe Expression des TLP8 Gens zeigen, werden demnächst auf Resistenz gegen relevante pilzliche Pathogene geprüft.

**Abstract:**

In SDS-PAGE Western blotting we have shown that the basic TLP8 gene can be overexpressed in transgenic potato and rape plants. Second generation potato plants were produced from tubers harvested from primary transgenic plants, which expressed high amounts of TLP8. They were assayed for resistance to *Phytophthora infestans*. For inoculation with 8000 sporangia per ml, leaflets were taken from the plants. The wild type plants are known to be susceptible for infections by *P. infestans*, scored with about 2,5 (DH59) and about 4,5 ('Linda'). The assessment of the

transgenic clones (Table 1) shows that the resistance is enhanced in some of the potato plants. But, mostly no correlation exists with the intensity of the signals in immunoblotting. The resistance of transgenic rape plants still needs to be analysed.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, U. Darsow und K. Sonntag.

(BAZ-2164)

**2. Pathodiagnostik  
 Pathogen Diagnostics**

**2.1 Untersuchungen an Weizenproben aus Feldversuchen zur Korrelation des serologischen Nachweises von *Fusarium culmorum*-Antigenen, DON-Gehalt und Symptombewertung  
 Investigations on wheat samples from field experiments to correlation of the serological detection of *Fusarium culmorum* antigens, DON content and symptom assessment**

Rabenstein, F.

**Zielsetzung/Aim:**

Für 113 Weizengenotypen sollen die Boniturwerte (Skala 1 bis 9), die Pilzmyzelmenge (gemessen mit einem indirekten ELISA) und die Konzentration des Mykotoxins Deoxynivalenol (DON) (bewertet mit einem kompetitiven ELISA) ermittelt werden. Insbesondere die Korrelation zwischen DON Gehalt -und Myzelmenge dieser Genotypen, die mit einem aggressiven Isolat von *Fusarium culmorum* inokuliert und an zwei Orten in Feldversuchen getestet werden, soll in diesem Zusammenhang kalkuliert werden.

For 113 wheat genotypes the means and ranges of head blight rating (1-9), the fungal mycelium content (measured by an indirect ELISA), and the mycotoxin (DON) content (calculated by a competitive ELISA) have to be estimated. Especially the correlation between mycelium amount and DON content for these wheat genotypes inoculated with an aggressive isolate of *Fusarium culmorum* and tested in two locations have to be calculated in this connection.

**Ergebnisse:**

Es wurden insgesamt 113 Weizengenotypen einschließlich der 6 Weizensorten 'Ambras', 'Arina', 'Kontrast', 'Pegasos', 'Piko' und 'Ronos' nach künstlicher Inokulation mit einem hoch aggressiven *F. culmorum* Isolat an zwei Standorten über zwei Jahre auf Symptomentwicklung (Bewertung mittels einer Boniturskala von 1 bis 9), Myzelmenge und DON Gehalt untersucht. Die relative Myzelmenge wurde mit einem neu entwickelten, indirektem ELISA Format (plate trapped antigen = PTA-ELISA) gemessen und der DON Gehalt mit einem kommerziell erhältlichen, kompetitiven ELISA (Testkit RIDASCREEN™FAST DON) der Firma R-Biopharm AG bestimmt. Die immunologischen Untersuchungen erfolgten an Doppelproben in

zweifacher Wiederholung. Über alle Genotypen reichte die Boniturskala von 2,1 bis 6,6; der PTA-ELISA ergab Extinktionswerte von 0,61 bis 1,68 und der DON Gehalt lag zwischen 10 und 110 mg/kg.

Tab. 1: Mittelwerte der Bonitur auf Befall mit *Fusarium*, Myzelmenge und DON Gehalt von sechs Weizensorten, die mit *Fusarium culmorum* an zwei Standorten inokuliert wurden

Table 1: Means of head blight rating, mycelium and DON content of six wheat varieties inoculated with an isolate of *Fusarium culmorum* in two environments

Sorte	Mittelwert Bonitur (1-9)	PTA-ELISA ( $E_{405nm}$ )	DON Gehalt (mg kg <sup>-1</sup> )
Piko	2.08	0.84	25.38
Arina	3.24	0.79	14.57
Ambras	4.08	1.28	75.68
Pegassos	4.55	1.23	56.53
Kontrast	5.45	1.33	98.57
Ronos	6.59	1.68	85.72
LSD <sub>5%</sub>	1.09	0.31	29.44

Die Weizensorte 'Arina' wies bei einem relativ geringen Befall von 3,24 im Mittel die geringste Myzelmenge und gleichzeitig den niedrigsten DON Gehalt auf (Tab. 1).

Alle geprüften Merkmale zur Interaktion von Umwelt und Genotypen waren über beide Versuchsjahre signifikant korreliert. In Abb. 1 ist der Zusammenhang zwischen mittels DON-ELISA bestimmter Mykotoxinkonzentration und der mit dem PTA-ELISA gemessenen relativen Myzelmenge an insgesamt 113 Weizengenotypen dargestellt.

Der Korrelationskoeffizient zwischen DON Bestimmung und *Fusarium* spezifischen PTA-ELISA betrug in diesen Untersuchungen 0,76. Die Sorten 'Arina' und 'Piko' hatten die niedrigsten DON- und Myzelgehalte und zeigten gleichzeitig den geringsten Befall in der Symptombewertung. Die Sorte 'Ronos' ergab von allen geprüften Sorten die höchsten Mittelwerte im PTA-ELISA und hatte den zweithöchsten DON Gehalt. Aus den Ergebnissen kann geschlossen werden, dass in der Resistenzprüfung von Weizengenotypen ein Screening auf reduzierten Befall gleichzeitig in einer Selektion auf eingeschränkte Pilzbesiedlung und reduzierten Mykotoxingehalt resultiert. Weitere Untersuchungen müssen zeigen, ob die sehr teuren immunologischen Bestimmungen der DON Konzentrationen im Erntegut von Weizengenotypen in einem Vorscreening durch den kostengünstigeren PTA-ELISA zur Messung der gebildeten Pilzmenge ersetzt werden können.

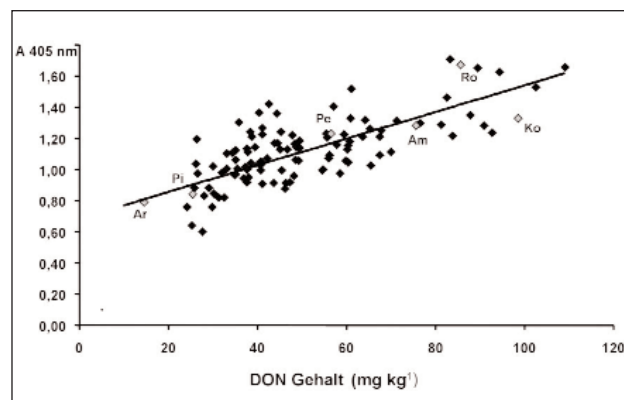


Abb. 1: Beziehung zwischen den DON Gehalten im Korn, die mit einem kommerziell verfügbaren Testkit bestimmt wurden, und der mittels *Fusarium* spezifischen PTA-ELISA ermittelten Myzelmenge für 113 Genotypen über zwei Umwelten. Die Sortennamen sind durch ihre Anfangsbuchstabe gekennzeichnet: (Am = 'Ambras', Ar = 'Arina', Ko = 'Kontrast', Pe = 'Pegassos', Pi = 'Piko', Ro = 'Ronos')

Fig. 1: Relationship between the accumulated grain DON contents analyzed by a commercially available immunotest and the mycelium amount analyzed by a *Fusarium*-specific PTA-ELISA for 113 wheat genotypes across two environments. Varieties are designated by their initials (Am = 'Ambras', Ar = 'Arina', Ko = 'Kontrast', Pe = 'Pegassos', Pi = 'Piko', Ro = 'Ronos')

Abstract:

For quantification of the severity of *Fusarium* head blight (FHB) in cereals a simple, inexpensive and consistent method is essential for selection, because the resistance is inherited quantitatively. We analysed 113 wheat genotypes for their symptom development, mycelium and DON contents after artificial inoculation with a highly aggressive isolate of *F. culmorum* in two location-year combinations. Mycelium content has been analyzed by a *Fusarium*-specific PTA-ELISA, DON content by a commercially available immunoassay. A medium disease severity resulted in mycelium contents ( $E_{405 nm}$ ) of 0.79 to 1.68 and DON contents of 10 to 110 mg/kg. The coefficient of correlation between DON determination by the competitive immunoassay and the *Fusarium*-specific ELISA for mycelium amount was 0.76. Therefore in wheat resistance evaluation, 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 Zusammenarbeit mit: Universität Stuttgart Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt, Miedaner, T.

(BAZ-2177)

## 2.2 Serologischer Nachweis von *Fusarium*-Befall in Triticale-Kreuzungen (Eltern und F1-Nachkommenschaften)

### Serological detection of *Fusarium* attack in triticale crossings (parents and F1 pedigrees)

Rabenstein, F.

#### Zielsetzung/Aim:

Um quantitative genetische Parameter als Grundlage für ein effizientes Resistenzzuchtprogramm abschätzen zu können, wurden 10 Triticale Genotypen und 45 F1 Generationen in verschiedenen Umwelten nach künstlicher Inokulation mit *Fusarium culmorum* getestet. Die visuelle Symptombonitur (Skala von 1 bis 9), die für die Bewertung Ährenfusariose benutzt wurde, soll mit der durch einen *Fusarium* spezifischen PTA-ELISA in den Triticalekörnern gemessenen Pilzmenge verglichen werden.

To assess quantitative genetic parameters as a basis for an efficient breeding program for resistance, 10 triticale genotypes and 45 F1-generations were tested in 3 different environments after artificial inoculation with *Fusarium culmorum*. The visual rating (1 to 9 scales) used to assess head blight infection should be compared with the amount of fungus mycelium in triticale grains detected by a *Fusarium* specific PTA-ELISA.

#### Ergebnisse:

Ährenfusariosen führen auch bei Triticale zu einer für Tier und Mensch gefährlichen Kontamination der Körner mit dem Mykotoxin Deoxynivalenol (DON). Eine schnelle, kostengünstige und sichere Methode für die Bewertung der Befallsstärke ist besonders für diese Getreideart wichtig, da auch hier die Resistenz quantitativ vererbt wird, eine exakte visuelle Bonitur aber schwieriger als beim Weizen ist. Es wurden insgesamt 55 Genotypen von Triticale auf Befall mit *Fusarium* nach einer Boniturskala von 1 bis 9 nach künstlicher Inokulation mit einem hoch aggressiven Isolat von *Fusarium culmorum* über 6 verschiedene Umwelten bewertet und anschließend der Myzelgehalt in den Kornproben untersucht.

Tab. 1: Mittelwerte der Bonitur auf Befall mit *Fusarium* und Myzelmenge von 6 Triticale-Sorten, die mit einem *Fusarium culmorum* Isolat an 6 Standorten inokuliert wurden

Table 1: Means of head blight rating and mycelium content of six triticale varieties inoculated with an isolate of *Fusarium culmorum* in six environments

Sorte	Mittelwert Bonitur (1 - 9)	Mittelwert PTA-ELISA (E <sub>405nm</sub> )
Lasko	2.80	0.63
Moreno	3.33	0.78
Trimaran	3.91	1.32
Malno	3.84	0.96
Modus	4.34	1.58
Binova	5.27	1.44
LSD 5%	0.44	0.42

Die geprüften 55 Genotypen bestanden aus 10 Eltern (bestehend aus 6 zugelassen Sorten und 4 Zuchtlinien) und 45 F1-Kreuzungen. Der relative Myzelgehalt in den Körnern der Eltern und Kreuzungsnachkommen wurde mit einem neu entwickelten *Fusarium* spezifischen plate trapped antigen (PTA)-ELISA bestimmt. Die Ergebnisse der geprüften Sorten sind in Tabelle 1 dargestellt.

Die Sorten 'Lasko' und 'Moreno' zeigten den geringsten Befall mit *F. culmorum* und hatten auch die niedrigsten Messwerte im PTA-ELISA, während 'Binova' mit 1,44 einen hohen relativen Myzelgehalt und den höchsten sichtbaren Befall aufwies. Insgesamt war aber die Korrelation über alle Eltern mit  $r = 0,58$  relativ gering (Abb. 1).

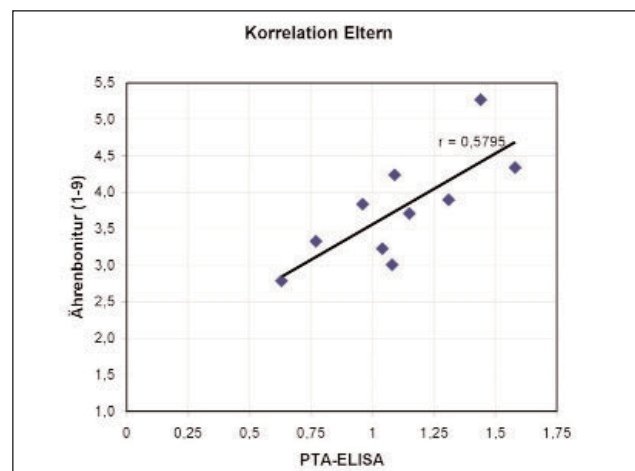


Abb. 1: Beziehung zwischen Ährenbonitur und der im Korn gebildeten Myzelmenge für 10 Triticale Eltern, die mit einem *Fusarium* spezifischen PTA-ELISA über sechs Umwelten ermittelt wurde

Fig. 1: Relationship between *Fusarium* head blight rating and the cumulated grain mycelium amount analyzed by a *Fusarium*-specific PTA-ELISA for 10 triticale parents used in the crossing experiments across six environments

Eine sehr geringe Wechselbeziehung zwischen Bonitur und Myzelmenge wurde jedoch für die F1 Nachkommen festgestellt (Abb. 2). Hier lag der Korrelationskoeffizienten lediglich bei 0,52. Die vorläufige Prüfung der Korrelation zwischen Myzelmenge und DON Gehalt ergab jedoch mit 0,63 einen deutlich besseren Korrelationskoeffizienten über alle geprüften Genotypen. Die Ursache hierfür könnte in einer vergleichsweise ungenauen Bonitur des Befalls mit *Fusarium* bei den Triticale F1-Kreuzungen liegen. Im Zuchtprozess auf *Fusarium*-Resistenz kann neben der Symptombonitur zur Unterstützung eine Selektion auf verringerte Pilzmyzelmenge mittels PTA-ELISA empfohlen werden.

#### Abstract:

*Fusarium* head blight (FHB) leads in triticale, as well as in many other cereals, to contamination of the grain with the mycotoxin deoxynivalenol (DON) that is harmful to animals and man. A fast, cheap and reliable method for quantification of FHB severity is indispensable for selection,



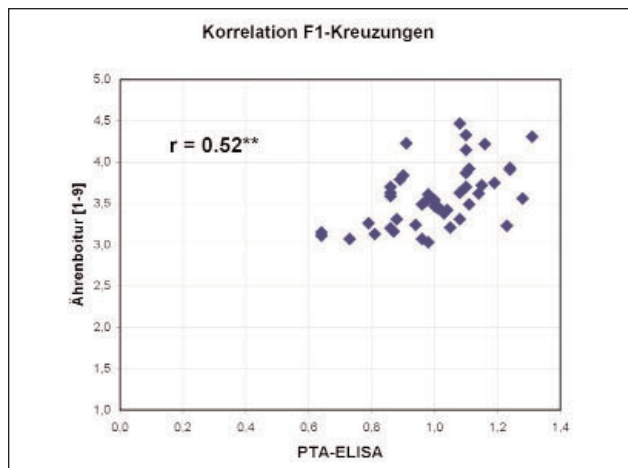


Abb. 2: Beziehung zwischen Ährenbonitur und der im Korn gebildeten Myzelmenge für 45 F1-Kreuzungen (Triticale), die mit einem *Fusarium* spezifischen PTA-ELISA über sechs Umwelten ermittelt wurde

Fig. 1: Relationship between *Fusarium* head blight rating and the cumulated grain mycelium amount analyzed by a *Fusarium*-specific PTA-ELISA for 45 triticale F1 crossings across six environments

because the resistance is inherited quantitatively however the visual symptom rating in triticale is relatively crucial. We analysed in total 55 triticale genotypes for their symptom development and mycelium contents after artificial inoculation with a highly aggressive isolate of *Fusarium culmorum* in altogether six location-year combinations. Mycelium content has been analysed by a newly developed *Fusarium*-specific PTA-ELISA (plate trapped antigen enzyme-linked immunosorbent assay) Coefficient of correlation between visual scoring on a scale from 1 to 9 and the *Fusarium*-specific ELISA was 0.58 for the 10 parent used in the crossing experiments, however only 0,52 for 45 F1-crossings. In contrast to wheat, in the triticale field experiments the correlations between traits were lower. Here, genotypes with both, less FHB symptoms and less fungal mycelium in the grains should be selected.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hohenheim, Landesaussaatanzuchtanstalt, Heinrich, N., Oettler, G. und Miedaner, T.

(BAZ-2178)

### 2.3 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 eine wichtige Voraussetzung für die Bewertung der Resistenz von gentechnisch verbesserten Kartoffeln. Besonders für Potyviren ist ein empfindlicher Nachweis und eine verbesser

te Charakterisierung der unter Feldbedingungen vorkommenden Virusstämme von Interesse. Hierfür sollen monoklonale Antikörper entwickelt werden, die geeignet sind, unter Routinetestbedingungen eine Unterteilung in PVY Stammgruppen zu ermöglichen. Diese werden kommerziell nicht als rein monoklonale Testsysteme angeboten und stehen auch nicht in ausreichender Spezifität für den Nachweis aller Stammgruppen zur Verfügung.

Specific serological detection methods are an important requirement for resistance assessment of genetically improved potatoes. Especially for potyviruses is a sensitive detection and an improved characterisation of virus strains occurring in potatoes under field conditions is of interest. To this aim monoclonal antibodies applicable for routine large scale testing have to be developed which allow a subdivision into potato virus Y strain groups.

Ergebnisse:

Es wurden 3 Zellfusionen zur Gewinnung von monoklonalen Antikörpern (MAbs) gegen PVY Isolate durchgeführt, die bisher insgesamt 15 stabile, unabhängige Zelllinien ergaben. Die Selektion der produzierenden Klone erfolgte unter Verwendung von virushaltigen Pflanzensäften und gereinigtem Antigen im TAS-ELISA- bzw. PTA-ELISA-Format. Nach zweimaliger Klonierung und anschließender Massenproduktion wurden aus den Kulturüberständen die monoklonalen IgG gereinigt und mit alkalischer Phosphatase markiert. Alle Antikörper wurden im Western blot geprüft und im DAS-ELISA sowohl in homologer als auch in heterologer Kombination erprobt. Überdies erfolgte eine Prüfung aller gereinigten MAbs auf Stammspezifität im TAS-ELISA unter Verwendung von mindestens 35 PVY Isolaten der Stammgruppen PVY<sup>N</sup>, einschließlich PVY<sup>NTN</sup> und PVY<sup>N</sup>-Wilga, PVY<sup>O</sup> und PVY<sup>C</sup>. Anhand der bisherigen Ergebnisse kann geschlussfolgert werden, dass mit dem vorhandenen Spektrum an MAbs mindestens 5 Epitope (A bis F) auf dem coat protein (CP) von PVY-Isolaten unterschieden werden können. Zusammenfassend sind einige Eigenschaften der ausgewählten MAbs und die Ergebnisse ihrer Prüfung in der Tabelle 1 dargestellt.

Überraschenderweise gehören fast alle MAbs dem Isotyp IgG 1/k an. MAb 2A4 war nur im PTA-ELISA-Format einsetzbar und ist offensichtlich gegen die „core region“ des CP gerichtet. Mit Ausnahme von MAb 7C5 reagierten alle anderen Antikörper im Western blot mit PVY in Pflanzenproben. MAb 1B8 war von allen geprüften Antikörpern hierfür am besten geeignet, da eine sehr starke, deutlich sichtbare CP-Bande gebildet wurde. Es werden jedoch nicht alle PVY-Isolate mit diesem Antikörper erfasst.

Nach Kopplung mit alkalischer Phosphatase (AP) reagierte nur noch ein Teil der Antikörper in verschiedenen DAS-ELISA Varianten. Am besten waren die Antikörper 1A2, 3E11 und 5H3 als AP-Konjugat geeignet, wobei MAb 3E11 als rein monoklonale Testkombination (coating Antikörper und Konjugat) im DAS-ELISA eingesetzt werden konnte, um alle geprüften N-Isolate zu erfassen.

Ein auf MAb 5H3 basierender DAS-ELISA reagierte, bis

Tab. 1: Zusammenfassende Darstellung ausgewählter monoklonaler Antikörper gegen PVY und Ergebnisse der Prüfung auf Eignung im DAS-ELISA und Western blot sowie zur Stammdifferenzierung

Table 1: Summarizing representation of selected monoclonal antibodies to PVY and results of the examination to suitability in DAS-ELISA, Westernblotting and for strain differentiation

Fusion	Antigen	Zellklon	Subklasse	Eignung als AP-Konjugat	Western-blotting	Stammdifferenzierung im TAS-ELISA	Epitop
1	PVY-To1	2A4	IgG 2b/κ	- (nur im PTA)	(+)	alle Stämme nur im PTA-ELISA	E
		7C5	IgG 1/κ	-	-	bestimmte Isolate	F
2	PVY <sup>N</sup> + PVY <sup>C</sup>	1A2	IgG 1/κ	+++	+	N spezifisch	C/1
		1B8	IgG 1/κ	-	+++	bestimmte Isolate	D/2
		1E10	IgG 1/κ	-	++	schwache Reaktion	?
		2H3	IgG 1/κ	-	++	meist N spezifisch	C/1
		3E11	IgG 1/κ	+++	++	N spezifisch	C/2
		5B6	IgG 1/κ	++	++	N spezifisch	C/2
		5H3	IgG 1/κ	+++	+	alle Isolate	A
		6E6	IgG 1/κ	-	++	bestimmte Isolate	B
		8A11	IgG 1/κ	++	(+)	bestimmte Isolate	D/1
		8C4	IgG 1/κ	+	++	N spezifisch	C/1
3	PVY <sup>O</sup>	1H10	IgG 1/κ	(+)	(+)	schwache Reaktion	?
		6C1	IgG 1/κ	-	++	bestimmte Isolate	?
		8G3	IgG 1/κ	(+)	+++	fast alle Isolate	?

- ungeeignet (keine Reaktion), (+) schwache Reaktion bzw. hoher background, + bedingt, ++ gut, +++ sehr gut geeignet

auf Isolat PVY<sup>NTN</sup> 12/94, mit allen untersuchten Isolaten. Die Ursache für diese Ausnahme ist noch nicht geklärt. Im Elektronenmikroskop konnten in den infizierten Pflanzen, neben vereinzelt gestreckten Partikeln, zahlreiche isometrische Virionen beobachtet werden.

Erste Untersuchungen zur praktischen Erprobung der beiden favorisierten rein monoklonalen Testsysteme an 102 Augenstecklingen aus dem Ökolandbau zeigten für Mab 5H3 sehr gute Ergebnisse. Im Unterschied ergab ein polyclonaler ELISA mit einem Antiserum aus Ziege bei diesem Vergleich 3 falsch positive Resultate. Die vergleichende Prüfung des spezifischen DAS-ELISA Systems auf der Basis von Mab 3E11 ergab, dass in 81 von 102 Proben PVY<sup>N</sup> vorhanden war und in den restlichen Proben ausschließlich PVY<sup>O</sup>-Isolate oder Wilga-Typen auftraten. PVY<sup>C</sup>-Isolate konnten in diesen Proben nicht gefunden werden.

Abstract:

Altogether 15 monoclonal antibodies (MAbs) to *Potato virus Y* (PVY) were selected from three independent fusion experiments. These antibodies were evaluated both for the detection of all PVY strains and for the specific distinction of PVY<sup>N</sup> isolates. For the development of improved DAS-ELISA systems which are only based on MAbs two antibodies (3E11 and 5H3) were selected. By application of Mab 3E11 as coating antibody and enzyme conjugate a specific detection of isolates belonging to the PVY<sup>N</sup> strain group was achieved. On the basis of Mab 5H3 a sensitive DAS-ELISA was developed which reacted with all tested PVY containing samples, irrespectively of the type of strains.

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.; Universität Kassel, Fachgebiet Ökologischer Pflanzenschutz, Finckh, R. und Döring, T.

(BAZ-2171)

#### 2.4 Entwicklung und Optimierung serologischer und molekularbiologischer Methoden zur Erfassung der Resistenz gegen Viren in Zucht- und Genbankmaterial von *Poaceae* (Getreide und Gräser). 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). Rabenstein, F.

Zielsetzung/Aim:

Getreide- und Gräser-Arten aus der Familie der *Poaceae* können durch eine Vielzahl von Viren infiziert werden. Hierzu gehören Viren, die durch Blattläuse, Zikaden, Milben und Pilze übertragen werden. Gegenwärtig ist sowohl in Deutschland als auch in anderen europäischen Ländern ein vermehrtes Auftreten bisher unbekannter Viren zu beobachten. Voraussetzung für eine zukünftige Resistenzbewertung von Pflanzenmaterial sind genaue Kenntnisse der vorkommenden Virus-Arten bzw. -stämme. Hierfür sind kontinuierlich serologische und molekularbiologische Nachweismethoden zu entwickeln, die eine schnelle Erfassung und Bewertung der Resistenz von Zucht- und Genbank-Material gegen Gramineen infizierende Viren erlauben.

Cereal and grass species become infected by a great number of viruses. On this belong viruses which are transmitted by aphids, leafhoppers, mites and fungi. Recently an increasing number of hitherto unknown viruses is being observed for Germany and several other European countries. Sensitive and specific detection methods are an important requirement for the evaluation of breeding material and are necessary for the discrimination of virus species and for characterisation of isolates occurring naturally on cereals and grasses. To this aim sensitive detection techniques for viruses infecting cereals and grasses based on serological and molecular biological methods have to be continuously developed which allow a quick compilation and evaluation of resistance in breeding and gene bank material.

#### Ergebnisse:

Aus Genbankmaterial der Futtergräser-Arten *Festuca* und *Poa* wurden zwei, bisher wenig charakterisierte Viren näher untersucht.

In Zusammenarbeit mit dem Institut für Botanik in Vilnius wurde in *Festuca pratensis* L. ein Virus entdeckt, das in seiner Partikelmorphologie und Übertragbarkeit durch Aphiden dem zur Familie *Closteroviridae* gehörenden *Festuca necrosis virus* (FNV) stark ähnelte (Abb. 1). Die etwa 2000 nm langen, fadenförmigen Viren ließen sich durch *Rhopalosiphon padi* (L.) in semipersistente Weise auf die Hafersorte 'Solidor' übertragen. Die jedoch beobachteten Symptome entsprachen jedoch nicht den von Schmidt et al. (1963) beschriebenen starken Nekrosen, die zum Absterben der Pflanzen führen. Lediglich feine chlorotische Strichel konnten an Haferpflanzen von uns beobachtet werden. Die FNV-ähnlichen Partikeln aus *F. pratensis* waren durch mechanische Inokulation auf folgende Testpflanzen nicht übertragbar: *Agrostis stolonifera* L., *A. sativa* L., *Dactylis glomerata* L., *F. pratensis* L., *Hordeum distichon* L., *Lolium perenne* L., *Phleum pratense* L., *T. aestivum* L., *Zea mays* L., *Chenopodium amaranticolor* Coste et Reyin, *C. quinoa* L. und *Gomphrena globosa* L.

In *Festuca x Lolium*-Hybriden aus der Genbank des IPK Gatersleben traten häufig Pflanzen mit starken Nekrosen auf, aus denen sich Stämme des *Ryegrass mosaic virus* isolieren ließen. *Chlosterovirus*-ähnliche Partikeln konnten in diesen Pflanzen nicht beobachtet werden.

In Genbankmaterial von Wiesenrispe (*Poa pratensis* L.), das über mehrere Jahre im IPK ausschließlich vegetativ vermehrt wurde, verursachte das *Oat necrotic mottle virus* (ONMV) erhebliche Probleme bei der Erhaltung von wertvollen Einzelpflanzen. Das neu gewonnene Virusisolat ONMV-Pp hatte den gleichen engen Wirtspflanzenkreis wie der Type-Stamm dieses Virus, das bisher nur aus Kanada bekannt war. Die Sequenzanalysen der CP Cistrons und flankierenden Genomregionen von ONMV-Type und des ONMV-Pp (GenBank Accessions AF454461 und AF454461) ergaben untereinander eine Identität von 99,9 %. Die Sequenzanalyse zeigte weiterhin, dass ONMV und *Wheat streak mosaic virus* (WSMV) verwandte Virus-

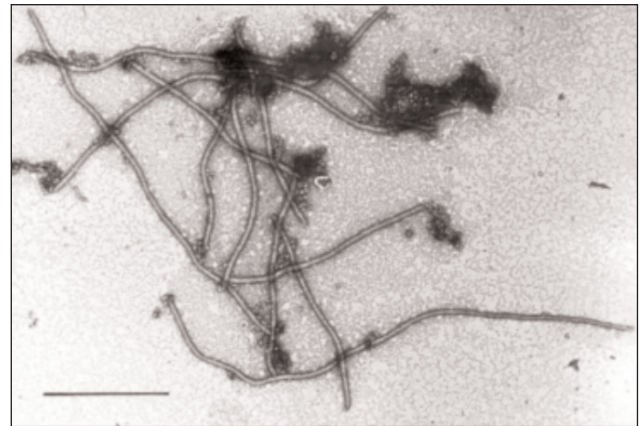


Abb. 1: Elektronenmikroskopische Abbildung von langen, fadenförmigen Partikeln im Saft einer *Festuca*-Probe nach Negativkontrastierung, Bar entspricht 500 nm.

Fig. 1: Electron micrograph of long, filamentous particles in sap of a *Festuca* sample after negative staining, bar represents 500 nm.

arten sind, die 74.2 - 76.2 % Nukleotid- und 79.2 - 81.0 % Aminosäure-Identität aufweisen. Die NIB/CP Schnittstelle für das ONMV mit der Aminosäuresequenz KYCVE/S war der des WSMV sehr ähnlich. Die komplette Nukleotidsequenz des ONMV soll ermittelt werden.

#### Abstract:

A virus resembling the chlosterovirus *Festuca necrosis virus* (FNV) in particle morphology and aphid transmissibility has been found recently in a *Festuca* sp. sample from Vilnius (Lithuania), however, symptoms on oats cv. 'Solidor' after transmission by *R. padi* was limited to faint chlorotic streaks that did not progress to necrosis. On the other hand, in *Festuca x Lolium* hybrids with such necrotic symptoms we have often isolated *Ryegrass mosaic virus* but never observed closterovirus-like particles.

The chlosterovirus-like virus from *Festuca* spec. was not transmissible by mechanical inoculation to following test-plants: *Agrostis stolonifera* L., *A. sativa* L., *Dactylis glomerata* L., *F. pratensis* L., *Hordeum distichon* L., *Lolium perenne* L., *Phleum pratense* L., *T. aestivum* L., *Zea mays* L., *Chenopodium amaranticolor* Coste et Reyin, *C. quinoa* L., and *Gomphrena globosa* L.

The *Oat necrotic mottle virus* (ONMV) may cause serious problems in maintaining of *Poa pratensis* L. breeding clones propagated vegetatively for several years in a gene bank. The coat protein (CP) gene and part of the nuclear inclusion protein (NIB) gene of the type strain (ONMV-Type; ATTC PV-107) and a German isolate from *P. pratensis* (ONMV-Pp) were sequenced (GenBank accessions: AF454460, AF454461). Genome analysis of both isolates revealed nearly identical nucleotide sequences. The deduced NIB-CP junction for ONMV (KYCVYE/S) was very similar to that of *Wheat streak mosaic virus*. The complete nucleotide sequence of ONMV have to be determined.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben, Ehrig, F.; Plant Virus Laboratory, Institute of Botany, Vilnius, Lithuania, Urbanaviciene, L. und Stanulis, J.; USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Lincoln, USA, Stenger, D. C. und French, R.; IPK Gatersleben, F. Matzk;

(BAZ-2156)

## 2.5 Herstellung einer genomischen Bank von *Polymyxa graminis*

### Preparation of a genomic library of *Polymyxa graminis*

Subr, Z.; Kastirr, U.; Kühne, T.

#### Zielsetzung/Aim:

Es soll eine genomische Bank des obligaten Endoparasiten *Polymyxa graminis* angelegt werden. Durch Sequenzierung einzelner Klone sind spezifische Primer abzuleiten, die den Nachweis des Erregers in Pflanzenwurzeln mittels PCR und die Unterscheidung möglicher Genotypen erlauben.

A genomic bank of the obligate root endoparasite *Polymyxa graminis* has to be prepared. Based on the sequence of selected clones pairs of specific primers have to be designed that enable detection of the parasite in plant roots and discrimination between different genotypes.

#### Ergebnisse:

*P. graminis* ist als Vektor für zahlreiche bodenbürtige Getreideviren von großer epidemiologischer Bedeutung. Für die Isolierung seiner genomischen DNA wurden zunächst Dauersporenballen unter dem Mikroskop aus befallenen Gerstenwurzeln herauspräpariert und in der Zentrifuge angereichert. Hierbei lässt sich eine erhebliche Verunreinigung der Präparate mit pflanzlichem Material nicht vermeiden.

Nach Isolation der Gesamt-DNA wurde diese mit EcoRI verdaut. Parallel hierzu wurde aus gesunden Gerstenblättern ebenfalls DNA gewonnen und mit dem Restriktionsenzym AluI geschnitten. Beide Präparate wurden anschließend subtraktiv hybridisiert, um für die Ligation in

einen mit EcoRI linearisierten und dephosphorylierten Vektor bevorzugt pilzspezifische DNA-Fragmente bereitzustellen. Nach der Transformation wurden 28 willkürlich ausgewählte Klone sequenziert und einer BLAST-Analyse unterzogen. Von diesen Sequenzen erwiesen sich 5 als gerstenspezifisch, 14 hatten Ähnlichkeit mit verschiedenen pro- und eukaryotischen Sequenzmotiven und 9 zeigten keine Homologie zu bisher veröffentlichten Daten. Ausgehend von diesen 9 Klonen wurden zunächst 5 Primerpaare abgeleitet und hinsichtlich ihrer Spezifität in der PCR getestet (Tab. 1)

Im Unterschied zum Primerpaar pgVII führten die anderen vier Paare zu Amplifikationsprodukten der erwarteten Größe nur mit DNA-Präparaten aus *Polymyxa*-infizierten Pflanzen (Gerste, Roggen, Zuckerrübe). Dabei ist eine unterschiedliche Spezifität erkennbar (Abb. 1).

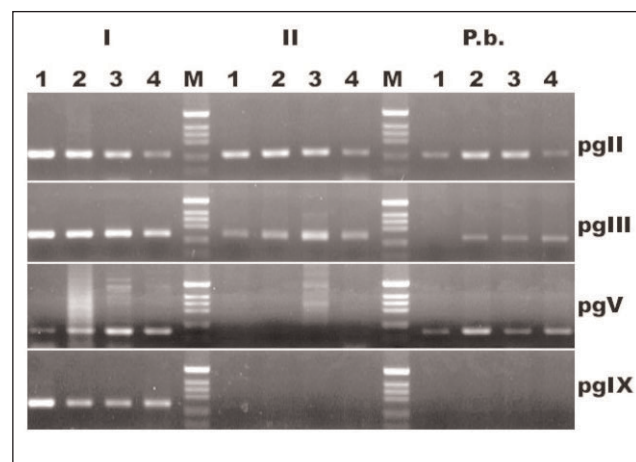


Abb. 1: PCR-Analyse von DNA aus Gerste, infiziert mit *P. graminis* Typ I (I), aus Roggen, infiziert mit *P. graminis* Typ II (II) und aus Zuckerrübe, infiziert mit *P. betae* (P. b.) unter Verwendung *P. graminis*-spezifischer Primer

Fig. 1: PCR analysis of DNA from barley infected by *P. graminis* type I (I), from rye infected by *P. graminis* type II (II) and from sugar beet infected by *P. betae* (P. b.) using primer pairs specific to *P. graminis*

Tab. 1: PCR-Spezifität von Primerpaaren, abgeleitet aus einer genomischen Bank von *P. graminis*

Table 1: Specificity in PCR of primer pairs derived from a genomic bank of *P. graminis*

	Primer		Amplicon (bp)	Spezifität				
				PgI	PgII	Pb	gG	gR
pgII	cgaacgacaagaccaacctt	gccaacactgggacagaact	222	+	+	+	-	-
pgIII	cactgcgtcacaacaggact	aaaggcttctcggctcttc	241	+	+	(+)	-	-
pgV	caccaggtcagattcaaca	tgctctctcgaacagc	170	+	-	(+)	-	-
pgVII	agtgcctgtgggggatgt	tgttgcttccgagtgatg	137	-	-	-	+	-
pgIX	cacaggaagtcgacgaatag	cgaccgaatcaagcgac	244	+	-	-	-	-

PgI/II - *P. graminis* Typ I/II, Pb - *P. betae*, gG - gesunde Gerste, gR - gesunder Roggen

Da die PCR mit DNA aus pilzf freien Pflanzen nicht zu Amplifikationsprodukten führte, kann davon ausgegangen werden, dass die 4 Primerpaare *Polymyxa*-spezifisch sind.

Abstract:

Using the approach of pre-selection by subtractive hybridisation of total DNA preparations from concentrated resting spores of *P. graminis* and healthy barley leaves restricted with EcoRI and AluI, respectively a genomic bank of the endoparasite was prepared. In a first round 28 clones were arbitrarily selected for sequencing; according to BLAST analysis 9 clones are different to any published sequence. Based on these data 5 pairs of primers were designed and analysed for target specificity in PCR. All but one led to amplicons of expected size using DNA preparations of *Polymyxa* infected plants. No products were obtained with DNA from healthy material. The primer pairs clearly differ in specificity towards type I and II of *P. graminis* and *P. betae*.

(BAZ-2170)

## 2.6 Identifizierung bakterienähnlicher Objekte in Ultradünnschnitten von mit *Polymyxa graminis* infizierten Gerstenwurzeln

### Identification of bacterium like objects in ultrathin sections of *Polymyxa graminis* infected barley roots

Ehrig, F.

Zielstellung/Aim:

Aufklärung des Übertragungsmechanismus des BaMMV durch seinen pilzlichen Vektor *Polymyxa graminis*.

Explanation of transmission process of BaMMV by the fungal vector *Polymyxa graminis*.

Ergebnisse:

Bei der elektronenmikroskopischen Untersuchung des Wirt-Pathogen-Wechselverhältnisses ist die genaue Identifizierung der Zellen von Pflanze und Pilz in Ultradünnschnitten der Wurzel von großer Bedeutung. Die Unterscheidung der Pilzorgane (Dauersporen, Plasmodien) von den Wurzelzellen ist relativ einfach und auch Zoosporen können immunelektronenmikroskopisch sicher identifiziert werden. In Ultradünnschnitten wurden wiederholt Objekte beobachtet, die keinem der beiden Organismen zugeordnet werden können. Dabei handelt es sich um Strukturen, die eine bakterienähnliche Form und Größe aufweisen und hauptsächlich im Interzellularraum, mitunter aber auch in den Wurzelzellen anzutreffen sind. Diese Objekte traten sowohl im apikalen als auch im zentralen Bereich der Wurzel auf. Zuweilen konnte ihr Übergang von einer Zelle in die Nachbarzelle beobachtet werden (Abb. 1). Eine Dekoration mit Antiserum gegen *Polymyxa graminis* gelang nicht.

Die Organe von *Polymyxa graminis* werden fast ausschließlich im apikalen Bereich der Wurzel, vereinzelt auch in der Endodermis gefunden. Ein Übergang in den

zentralen Bereich der Wurzel erfolgt offenbar nicht. Diese Erkenntnisse und die Tatsache, dass die bakterienähnlichen Objekte mit Antiseren gegen *Polymyxa graminis* nicht dekoriert werden konnten, lässt vermuten, dass es keine pilzlichen Organe sind. Zur Überprüfung einer bakteriellen Natur der Objekte wurden pilzinfizierte Gerstenwurzeln oberflächensterilisiert und mazeriert. Das Mazerat wurde auf Agar verbracht und inkubiert. In mehreren Wiederholungen wurden insgesamt fünf unterschiedliche Isolate gewonnen. Neben *Pseudomonas fluorescens*, welches in allen Proben gefunden wurde, konnten die anderen Isolate bisher nicht bestimmt werden. Sie wuchsen auf den üblichen Medien sehr schlecht. Eine Identifizierung mit dem Biolog-System gelang auch nicht annäherungsweise.

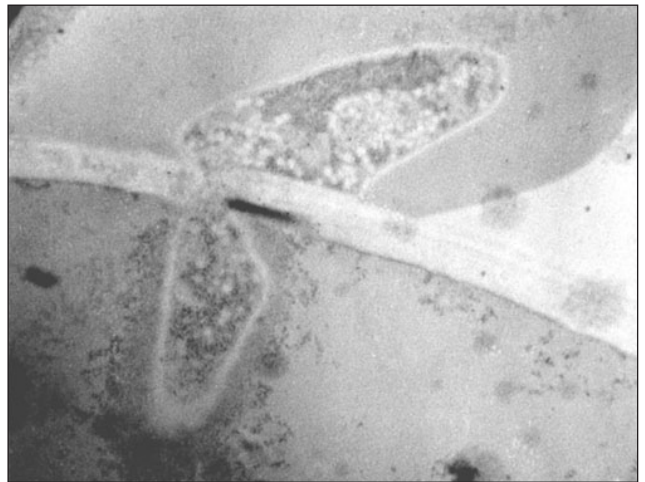


Abb. 1: Bakterienähnliches Objekt beim Übergang zwischen zwei Zellen im zentralen Bereich einer Gerstenwurzel

Fig. 1: Bacterium like object at the transfer between two cells in the central region of a barley root

Gegen die Bakterienisolate wurden polyklonale Antiseren von Kaninchen hergestellt. Nach Prüfung und Charakterisierung der Antiseren werden immunhistochemische Untersuchungen erfolgen, um festzustellen, ob sich die bakterienähnlichen Strukturen in den Wurzelschnitten einem der isolierten Bakterienstämme zuordnen lassen.

Abstract:

Bacterium like objects were found in ultrathin sections of barley roots infected with *Polymyxa graminis*. For identification small barley roots were macerated and cultivated on agar. Five different bacteria were found. *Pseudomonas fluorescens* was identified in all samples. The other bacteria were growing very bad. Until now it was not possible to identify those bacteria.

(BAZ-2156)

## 2.6 Untersuchungen zur Biologie von Bymoviren in Getreidearten

### Investigations on biology of bymoviruses in cereal crops

Kühne, T.

Zielsetzung /Aim:

Vor mehr als 15 Jahren wurde erstmals nachgewiesen, dass im Unterschied zum BaYMV1 der Pathotyp BaYMV2 des *Barley yellow mosaic* virus die bis heute in der Wintergerste fast ausschließlich genutzte Resistenz (*rym4*) überwinden kann. Trotz zahlreicher Bemühungen konnte das BaYMV2 vom BaYMV1 bisher nur anhand der Reaktion von resistenter Gerste unterschieden werden. Mit dem Vorhaben soll geklärt werden, welche der beiden genomischen RNA's die spezifische Pathogenität des BaYMV2 determiniert und wie sich diese Eigenschaft in der Nukleotidsequenz widerspiegelt.

More than 15 years ago it became clear that in difference to the *Barley yellow mosaic* virus1 the pathotype BaYMV2 is able to overcome the predominantly used resistance gene (*rym4*) in winter barley. Despite numerous attempts the biotest is still the only experimental possibility to discriminate between the two forms of the virus. It was to investigate which of the two genomic RNA determines the specific pathogenicity of BaYMV2 and how this property is reflected on nucleotide sequence level.

Ergebnisse:

Gerstensämlinge von anfälligen und resistenten Sorten und Herkünften wurden mit je einem Isolat des BaYMV1 und BaYMV2 sowohl einzeln als auch mischinokuliert. Die beiden Virusisolate waren in ihrer RNA2 unterscheidbar. Nach ELISA-Analyse des Infektionsstatus ließ sich mittels IC-RT-PCR nachweisen, dass in Einzelblättern mischinokulierter anfälliger Pflanzen die RNA2-Moleküle beider Isolate sowohl einzeln als auch gemeinsam vorhanden waren. Gleiches wurde auch für die resistenten Genotypen beobachtet.

Im Unterschied zur RNA2 konnte in mischinokulierten resistenten Pflanzen immer nur die RNA1 des BaYMV2 nachgewiesen werden, woraus sich ableiten lässt, dass die Pathogenität gegenüber dem Resistenzgen *rym4* durch diese Genomkomponente determiniert wird und die RNA1 des BaYMV2 in resistenten Pflanzen auch die Replikation der RNA2 des BaYMV1 unterstützt. In einem nächsten Schritt wurden durch vergleichende Sequenzierung verschiedener Isolate, die nach ihrer biologischen Reaktion als BaYMV1 bzw. BaYMV2 eingestuft worden waren, nach einem Genombereich gesucht, der Unterschiede mit möglichem Bezug zur unterschiedlichen Pathogenität aufweist. Ein solcher Bereich konnte identifiziert werden.

Abstract:

By analysing the virus RNA patterns in susceptible and resistant (*rm4*) barley plants after mixed inoculation with BaYMV1 and BaYMV2 it turned out, that the specific property of BaYMV2 is obviously determined by RNA1. Sequence analyses and alignments of several isolates that

had been previously typed as BaYMV1 or BaYMV2 based on reaction on resistant barley varieties revealed a genomic region with possible significance for pathogenicity.

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

(BAZ-2167)

## 2.7 Untersuchungen zur Bildung kristalliner zytoplasmatischer Einschlusskörper in Gerstenzellen nach Infektion mit unterschiedlichen Isolaten des *Barley mild mosaic bymovirus*

### Investigations to the formation of crystalline cytoplasmic inclusions in barley cells after infection with different isolates of *Barley mild mosaic bymovirus*

Ehrig, F.

Zielsetzung/Aim:

Aufklärung pathogenbedingter Veränderungen in Zellen der Gerste nach Infektion durch verschiedene Isolate des *BaMMV*.

Explanation of pathogenic induced modifications in cells of barley after infection with different isolates of *BaMMV*.

Ergebnisse:

Das *Barley mild mosaic virus* (BaMMV) induziert in infizierten Zellen von Gerstenpflanzen die Bildung zytoplasmatischer Einschlusskörper. Neben den zylindrischen Einschlusskörpern (pinwheels), die zum Beispiel auch von Potyviren gebildet werden, treten auch kristalline zytoplasmatische Einschlusskörper (KZE) auf. Diese entstehen durch eine extreme Proliferation des Endoplasmatischen Retikulums und weisen eine deutlich regelmäßige Struktur auf ( Abb. 1).

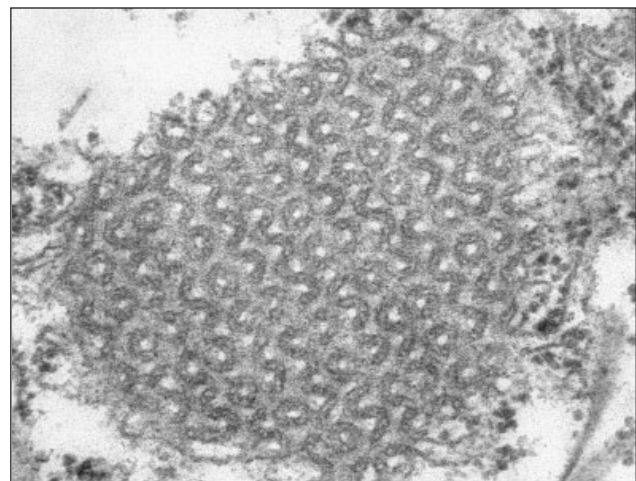


Abb. 1: Kristalliner zytoplasmatischer Einschlusskörper im Zytoplasma einer Blattparenchymzelle der Gerste nach Infektion mit dem BaMMV (Isolat Jäger-Gussen)

Fig. 1: Crystalline cytoplasmic inclusion in the cytoplasm of leaf parenchym cell of barley after infection with BaMMV (isolate JG)

In früheren elektronenmikroskopischen Untersuchungen wurde gezeigt, dass nicht alle Isolate des BaMMV befähigt sind, die Bildung der KZE in infizierten Zellen zu induzieren. Ein Vergleich dieser Beobachtungen mit molekulargenetischen Befunden ergab, dass durch das Auftreten einer größeren Deletion im Bereich der RNA 2, der das P2 kodiert, die Bildung der KZE unterbleibt. Während besonders in späteren Infektionsstadien bei Isolaten mit kompletter Nukleinsäure oder solchen mit einer kleinen Deletion immer großflächige KZE gefunden werden, sind ähnliche Strukturen bei Isolaten mit einer größeren Deletion nicht beobachtet worden. Es besteht also anscheinend eine enge Korrelation zwischen der Synthese des kompletten P2 und der Bildung der KZE. Da das P2 auch bei Isolaten mit einer größeren Deletion, wenn auch in veränderter Form, gebildet wird, ergibt sich die Frage, ob dieses zu anderen spezifischen zytologischen Veränderungen in infizierten Zellen führen kann.

Zur Klärung dieses Problems wurden folgende Isolate des BaMMV vergleichend auf die Fähigkeit zur Induktion zytologischer Veränderungen in den Zellen untersucht:

- JG: kleinere Deletion (153 nt) KZE vorhanden
- ASL 2: keine Deletion KZE vorhanden
- ASL 1: größere Deletion (921 nt) KZE fehlen

Gerstenpflanzen der Sorte 'Maris Otter' wurden mit den Isolaten infiziert. Zu unterschiedlichen Zeiten nach der Inokulation (3, 7, 12 Wochen) wurden von Blättern mit Symptomen Proben genommen und einer üblichen Präparation für die Ultradünnschnitttechnik unterzogen. Das Material wurde dann im Transmissionselektronenmikroskop untersucht.

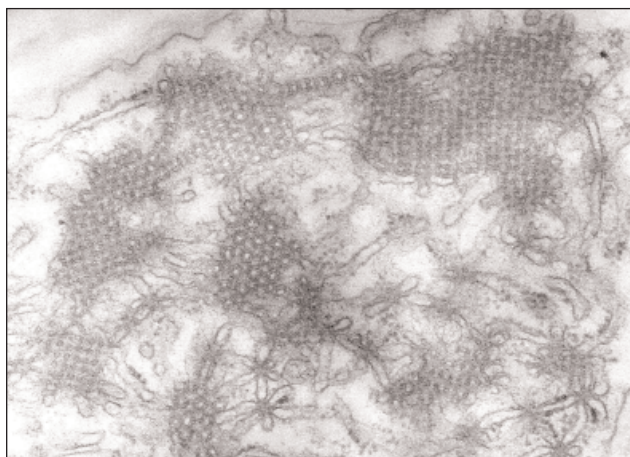


Abb. 2: Proliferation des Endoplasmatischen Retikulums und Bildung kristalliner zytoplasmatischer Einschlusskörper im Zytoplasma einer Blattparenchymzelle der Gerste nach Infektion mit dem BaMMV (Isolat JG)

Fig. 2: Proliferation of the endoplasmic reticulum and formation of crystalline cytoplasmic inclusion in the cytoplasm of leaf parenchym cell of barley after infection with BaMMV (isolate JG)

JG: 3 Wochen nach Inokulation wurden in den Zellen Pinwheels und zahlreiche Viruspartikeln gefunden. Daneben gab es Zytoplasmabereiche mit stark proliferiertem Endoplasmatischen Retikulum und kleinflächige KZE (Abb. 2).

Ein ähnlicher Befund ergab sich sowohl 7 als auch 12 Wochen nach Inokulation. Allerdings waren die KZE flächenmäßig größer und deutlicher strukturiert (Abb. 3). In einigen Fällen wurden KZE mit abweichender Morphologie beobachtet (Abb. 4).

Isolat ASL-2: Die morphologischen Veränderungen, die durch das Isolat ASL 2 hervorgerufen wurden, entsprachen denen, die bei Jäger-Gussen beobachtet wurden. Allerdings wurden erste Proliferationserscheinungen des Endoplasmatischen Retikulums erst 7 Wochen nach Inokulation registriert.

Isolat ASL 1: Neben Pinwheels und Viruspartikeln wurden 7 Wochen nach Inokulation in einigen Regionen des Zytoplasmas Hinweise für eine Proliferation des Endoplasmatischen Retikulums gefunden (Abb. 5).

Die Kanäle waren gerichtet, aber an Stelle einer regelmäßigen, kristallähnlichen Struktur umgaben sie mehr oder weniger amorphe, unregelmäßige Strukturen. 12 Wochen nach Inokulation waren diese Strukturen im Zytoplasma nicht mehr nachweisbar.

Außerdem wurden an den Zellorganellen in den Proben aller Versuchsvarianten infektionsbedingte degenerative Veränderungen festgestellt. Die Chloroplasten waren besonders in späteren Infektionsstadien stark vakuolisiert. Bei Mitochondrien wurden häufig Membrandefekte beobachtet. In späteren Infektionsstadien waren außerdem wiederholt Microbodies mit Peroxidasekristallen nachweisbar.

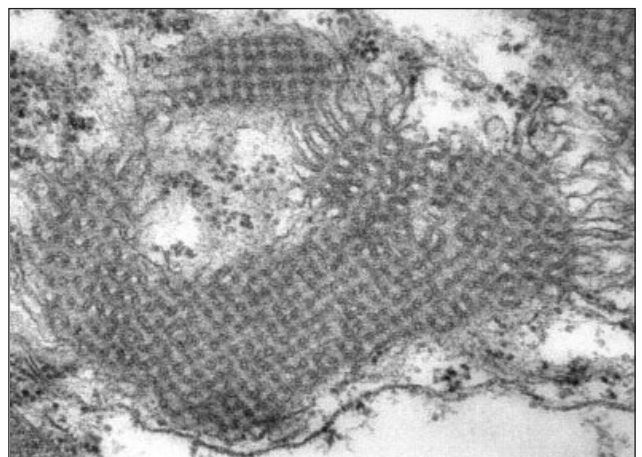


Abb. 3: Großflächige kristalline zytoplasmatische Einschlusskörper im Zytoplasma einer Blattparenchymzelle der Gerste nach Infektion mit dem BaMMV (Isolat JG)

Fig. 3: Wide crystalline cytoplasmic inclusion in the cytoplasm of leaf parenchym cell of barley after infection with BaMMV (isolate JG)

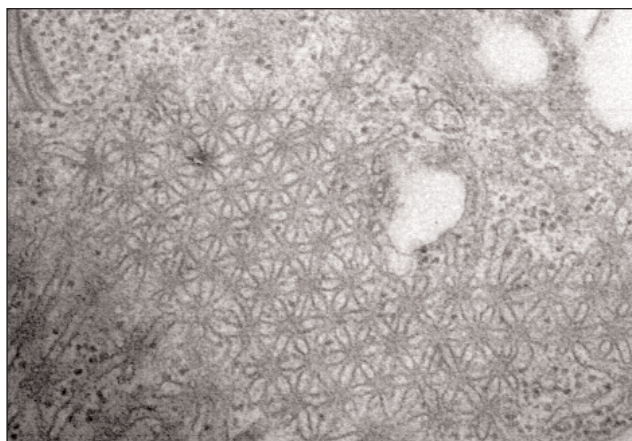


Abb. 4: Kristalliner zytoplasmatischer Einschlusskörper mit besonderer Struktur im Zytoplasma einer Blattparenchymzelle der Gerste nach Infektion mit dem BaMMV (Isolat JG)

Fig. 4: Crystalline cytoplasmic inclusion with special structure in the cytoplasm of leaf parenchym cell of barley after infection with BaMMV (isolate JG)

Die Zellkerne waren auch in späten Infektionsstadien relativ unauffällig. Obwohl diese Veränderungen bei allen Isolaten gefunden wurden, waren sie in Zellen, die von ASL 1 infiziert waren, besonders stark ausgeprägt. In sehr späten Infektionsstadien waren Chloroplasten und Mitochondrien auf Grund von Membrandefekten häufig völlig zerstört.

Die Untersuchungen zeigen, dass das Isolat ASL 1 in geringem Umfang in der Lage ist, eine Proliferation des Endoplasmatischen Retikulums zu induzieren. Allerdings kommt es nicht zur Bildung von KZE. Über die Natur der amorphen Einschlüsse am Proliferationsort können keine Aussagen getroffen werden. Die Konzentrationen des Endoplasmatischen Retikulums verschwinden während des weiteren Krankheitsverlaufes dann wieder.

Die Schwierigkeit derartiger Untersuchungen besteht darin, dass man zwar den Inokulationszeitpunkt der Pflanzen exakt bestimmen kann, der Zeitpunkt der Infektion der Einzelzelle aber nur schwer einzuschätzen ist. Deshalb ist es notwendig, ein umfangreiches Material zu untersuchen. Das bedeutet im Falle der Elektronenmikroskopie einen erheblichen Aufwand. Aus diesem Grund wurde begonnen, eine lichtmikroskopische Methode zum Nachweis von Einschlusskörpern zu etablieren.

Abstract:

The BaMMV is able to induce the formation of cylindrical and crystalline cytoplasmic inclusions in cells of barley plants. Earlier electron microscopic investigations demonstrated, that isolates with a bigger deletion on the RNA2 in the region encode the P2 less the ability to induce the formation of crystalline cytoplasmic inclusions. Recent investigations show, that after infection of barley plants by isolates with complete RNA2 (ASL 2) or a small deletion

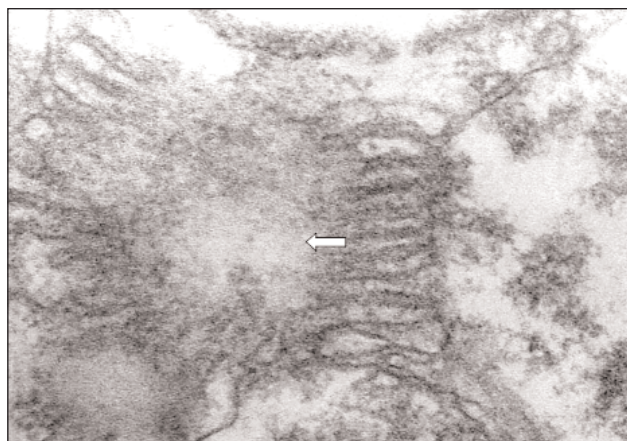


Abb. 5: Konzentration von Kanälen des Endoplasmatischen Retikulums um eine amorphe Masse (Pfeil) im Zytoplasma einer Blattparenchymzelle der Gerste nach Infektion mit dem BaMMV (Isolat ASL 1)

Fig. 5: Concentration of tubes of endoplasmic reticulum around amorphous mass (arrow) in the cytoplasm of leaf parenchym cell of barley after infection with BaMMV (isolate ASL 1)

(JG) 3, 7 and 12 weeks after infection in the ultrathin sections crystalline cytoplasmic inclusions are detectable. In the case of an isolate with a bigger deletion (ASL 1) these inclusions were not observed. Here 7 weeks after inoculation in the cells proliferated tubules of endoplasmic reticulum around amorphous masses are present. The function of these structures is still unknown.

(BAZ-2156)

## 2.8 Lichtmikroskopischer Nachweis zytoplasmatischer Einschlusskörper in Zellen von Gerstenpflanzen nach Infektion mit dem *Barley mild mosaic bymovirus* (BaMMV)

Light microscopic detection of cytoplasmic inclusion bodies in barley cells infected with *Barley mild mosaic bymovirus* (BaMMV)

Ehrig, F.

Zielsetzung/Aim:

Erarbeitung einer Methode zum schnellen, einfachen Nachweis zytoplasmatischer Einschlusskörper in pflanzlichen Geweben.

Development of a simple, rapid method for detection of cytoplasmic inclusion bodies in plant tissues.

Ergebnisse:

Der Nachweis von zytoplasmatischen Einschlusskörpern erfolgt normalerweise elektronenmikroskopisch. Bei Untersuchungen zur Dynamik ihrer Bildung im System Gerste/*Barley mild mosaic virus* erwies es sich, dass dazu die Bearbeitung eines umfangreichen Probenmaterials notwendig ist. Auf Grund der methodenspezifischen Besonderheiten sind elektronenmikroskopische Untersuchungen



bei der Lösung einer solchen Fragestellung sehr aufwändig. Deshalb wurde geprüft, ob eine lichtmikroskopische Methode (Christie, R.G. und Edwardson, J.R. 1986, Plant Disease 70, 273-279) für diese Aufgaben einsetzbar ist. Bei diesem Verfahren dienen Epidermisabrisse von Blättern infizierter Pflanzen als Untersuchungsmaterial. Solche Abrisse haben den Vorteil, dass man ein einschichtiges Gewebe zur Verfügung hat, welches sehr gut mikroskopiert werden kann. Auf die Herstellung von Schnitten kann verzichtet werden. Die Darstellung der Einschlusskörper kann mit unterschiedlichen Färbemethoden erfolgen.

In vorbereitenden Arbeiten konnten bei Tabak und Kohl relativ einfach Epidermisabrisse hergestellt werden. Die Darstellung der Einschlusskörper gelang am Besten durch Anfärbung mit einem Gemisch alkoholischer Lösungen von Calcomine Orange 2RS und Luxol Brilliant Green BL. Die Einschlusskörper sind in enger Nachbarschaft der Zellkerne zu finden. Als wesentlich schwieriger erwies sich die Herstellung von Epidermisabrissen bei Gramineen. Auf Grund des von zweikeimblättrigen Pflanzen abweichenden Blattaufbaus können nur sehr kleine Epidermisabrisse gewonnen werden. Nach Anfärbung konnten in den Präparaten weder Zellkerne noch Einschlusskörper nachgewiesen werden. Weitere Untersuchungen zeigten, dass bei der Präparation nicht die Epidermis, sondern nur ihre äußere Zellwand und die Kutikula abgerissen werden, während das Zytoplasma der Epidermiszellen am Blatt verbleibt. Danach wurde versucht, die Epidermis durch Mazeration freizulegen. Hierzu wurden von einem Blattstück zuerst die obere Epidermis und anschließend die Mesophyllzellen durch Abkratzen entfernt. Eine vollständige Entfernung aller Mesophyllzellen gelang nicht, wodurch

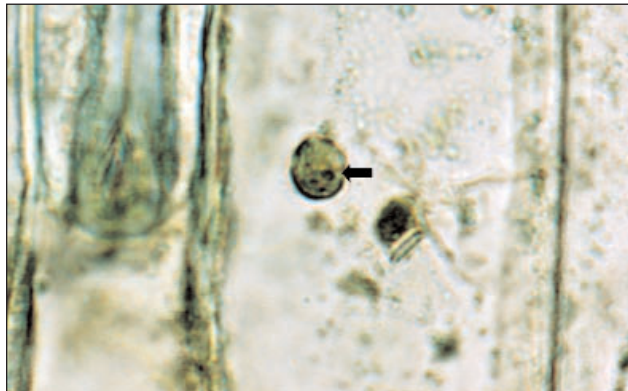


Abb. 1: Epidermiszelle einer gesunden Gerstenpflanze, Zellkern mit Nukleolus (Pfeil)

Fig. 1: Epidermal cell of a healthy barley plant, nucleus and nucleolus (arrow)

die mikroskopische Auswertung der Präparate wesentlich erschwert war. Durch verschiedene Behandlungen wurde versucht, die verbliebenen Mesophyllzellen zu beseitigen. Die besten Ergebnisse erbrachte eine Behandlung der Präparate für einige Minuten im Ultraschallbad. Die Mesophyllzellen lösen sich dabei vollständig von der Epidermis. Die Struktur der Kerne und der Einschlusskörper veränderte sich bei der Behandlung nicht. Mit dieser Metho-

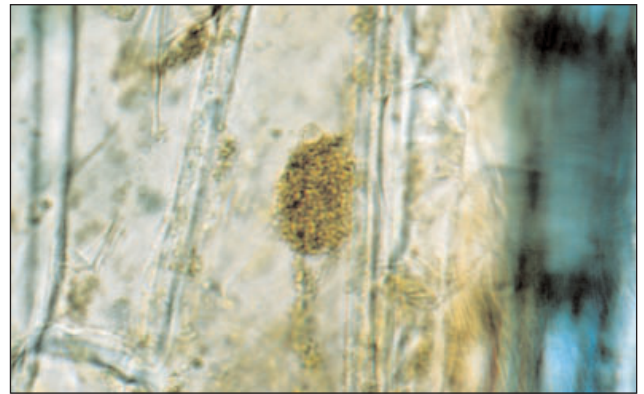


Abb. 2: Epidermiszelle einer Gerstenpflanze nach Infektion mit dem BaMMV (Isolat ASL 2), Kern von angelagertem Komplex zytoplasmatischer Einschlusskörper umgeben

Fig. 2: Epidermal cell of a barley plant after infection with BaMMV (isolate ASL 2), nucleus surrounded by a complex of cytoplasmic inclusion bodies

de lassen sich bei der Gerste Präparate gewinnen, die aus mehreren Hundert Zellen bestehen und die Einschlusskörper sehr gut erkennen lassen.

Die Abbildung 1 zeigt eine Epidermiszelle einer gesunden Gerstenpflanze. Der Zellkern und der Nukleolus (Pfeil) sind gut erkennbar. In Abbildung 2 ist eine Epidermiszelle einer Gerstenpflanze nach Infektion mit dem *Barley mild mosaic virus* dargestellt. Der Kern wird vollständig vom unregelmäßigen Komplex der Einschlusskörper bedeckt. Eine Unterscheidung der zylindrischen und der kristallinen Einschlusskörper ist derzeit nicht möglich. Zukünftig sollen dazu immunhistochemische Verfahren zur Anwendung kommen.

Abstract:

A method was developed to the detection of cytoplasmic inclusion bodies in barley cells by light microscopy. Epidermal strips were prepared by maceration of leaf pieces and stained with Calcomine Orange 2RS und Luxol Brilliant Green BL. Both nuclei and, inclusion bodies as well as are clear visible.

(BAZ-2156)

## 2.9 Immunologischer Nachweis der Replikase des *Turnip yellows virus* (TuYV) *in vivo*

### Imunodetection *in vivo* of *Turnip yellows virus* (TuYV) encoded replicase

Fomitcheva, V.W. \*; Sukhacheva E.A.; Efimova, N.A.; Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Das *Turnip yellows virus* (TuYV) weist eine RNA-abhängige RNA-Polymerase (RdRp) auf, die von der viralen RNA über einen (-1)-Frameshift-Mechanismus (ORF1→ORF2) translatiert wird. Die katalytisch aktive Region der RdRp befindet sich dabei auf dem ORF2. Wir vermuteten, dass Ihre Konzentration sehr gering ist, da das

Virus zum einen Phloem-gebunden ist und zum anderen der Frameshift-Mechanismus nicht effektiv arbeitet. Um diese Vermutung zu bestätigen, wurde vom ORF2 ein *E. coli*-Expressionsklon hergestellt und das resultierende Protein für die Gewinnung von monoklonalen Antikörpern (MAb) genutzt. Mit deren Hilfe sollte die RdRp *in vivo* nachgewiesen werden.

*Turnip yellows virus* (TuYV) codes for a RNA-dependent RNA-polymerase (RdRp) which is translated from viral RNA via a (-1)-frameshift mechanism (ORF1→ORF2). Catalytically active region of RdRp is contained on ORF2. We assumed that its concentration is extremely low because virus is phloem limited an efficiency of frameshifting is low. To confirm this assumption an *E. coli* expression clone for ORF2 was produced and the resulting recombinant protein was used to obtain monoclonal antibodies (MAb). With their help RdRp was to be detected in infected plants.

**Ergebnisse:**

Das *Turnip yellows virus* (TuYV) zählt zum Genus *Polevirus*, Familie *Luteoviridae*. Sein Genom besteht aus einer einzelsträngigen positiven RNA von ca. 5,7 kb. Es wird persistent von Blattläusen übertragen und ist auf das Phloem beschränkt. Das Genom des Virus besteht aus 6 bekannten ORF (Abb. 1). Bislang ist nicht bekannt, wie die RdRp prozessiert wird.

Der für den ORF2 codierende Genombereich des Isolates TuYV-5 wurde über RT-PCR amplifiziert, kloniert und sequenziert. Basierend auf der gewonnenen Sequenzinformation wurde der interessierende Bereich reamplifiziert, wobei über die Primer Schnittstellen für Restriktionsenzyme integriert wurden, um ihn in das Plasmid pThioHis (In-vitrogen) integrieren zu können. Die Expression erfolgte in *E. coli* TOP10. Das erwartete relative Molekulargewicht beträgt unter Einbeziehung des fusionierten Thioredoxins

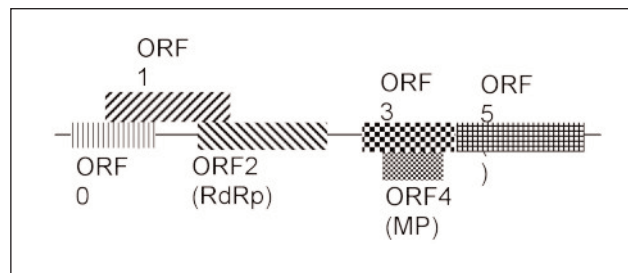


Abb. 1: Genomorganisation des TuYV (*Polevirus*)  
 ORF0 - Symptomausprägung, Wirtskreis,  
 ORF1/2 -Protease, Helicase, RdRp;  
 ORF3 - Hüllprotein(CP);  
 ORF4 - Transportprotein;  
 ORF5 - Durchgelesener Abschnitt des CP

Fig. 1: Genome organisation of TuYV (*Polevirus*)  
 ORF0 - symptome expression, host range;  
 ORF1/2 - Protease, Helicase, RdRp;  
 ORF3 - coat protein (CP);  
 ORF4 - movement protein;  
 ORF5 - Read through domain of CP

80 kD. Das exprimierte rekombinante Protein wies die erwartete Größe auf. Es wurde über IMAC gereinigt und für die Immunisierung von Mäusen eingesetzt. Die Gewinnung der MAb erfolgte nach Standardverfahren. Zwei stabile Hybridomlinien (MAb 2H4 und 6B11) wurden erhalten, die im ELISA und Western Blot mit dem ursprünglichen Antigen reagierten. Ihre Reaktion wurde auch mit verkürzten Bereichen des ORF2 getestet - der 5'-Region (N-Terminus, Position nt 28-449) und 3'-Region (C-Terminus, Position nt 782-1477). Beide MAb reagierten dabei nur mit dem Protein des C-terminalen Bereichs, das auch die konservierte GDD-Domäne, das katalytische Zentrum des Enzyms, enthält (Abb. 2).

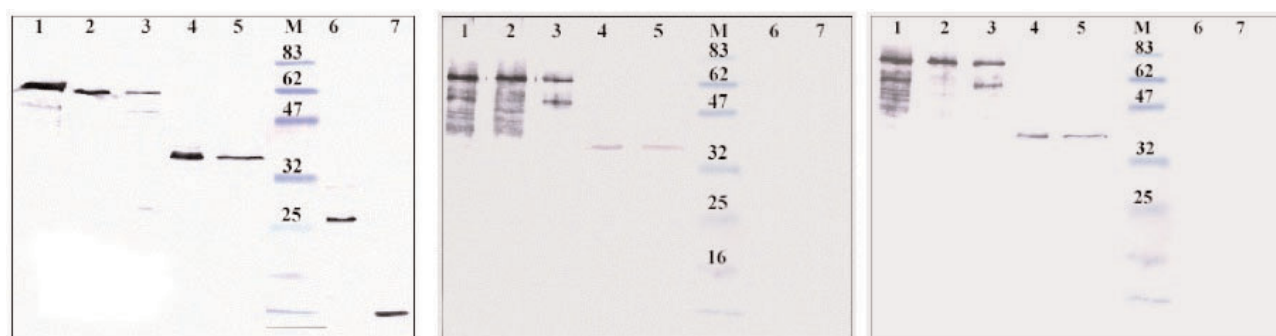


Abb. 2: Nachweis der mit dem Plasmid pThioHis exprimierten rekombinanten RdRp mit verschiedenen MAb nach Induktion mit IPTG. A: MAb 1F12 (spezifisch für das fusionierte Thioredoxin), B, C: MAb 2H4, 6B11 (spezifisch für virales Protein, reagiert daher nicht mit Thioredoxin der Probe 7); Bahn 1 - 3: kompletter ORF2; Bahn 4 - 5: ORF2/5'-Terminus; Bahn 6: ORF2/3'-Terminus; Bahn 7: Thioredoxin; M - Molekulargewichtsmarker (Größe in kD)

Fig. 2: Detection of recombinant RdRp expressed by plasmid pThioHis with different MAb after induction with IPTG. A: MAb 1F12 (specific for fused Thioredoxin), B, C: MAb 2H4, 6B11 (specific for viral protein, consequently, does not react with thioredoxin in lane 7); Lane 1 - 3: complete ORF2; lane 4 - 5: ORF2/5'-terminus; lane 6: ORF2/3'-terminus; lane 7: thioredoxin; M - molecular weight marker

Über einen Western Blot wurde getestet, ob die MAb auch mit dem nativen Protein reagieren. Diese Versuche würden Aussagen zulassen, ob und wenn ja wie das Protein prozessiert wird. Über eine Phenol-Extraktion wurden Proteine aus infizierten Rapspflanzen 4, 7, 9, 11 und 14 dpi angereichert und im Western Blot analysiert (Abb. 3). Mit beiden MAb konnte ein Protein von ca. 70 kD nachgewiesen werden, was ein Indiz für die Spezifität der Reaktion ist. Dieses Ergebnis zeigt, dass die proteolytische Spaltung des Fusionsproduktes ORF1/2 und damit die Freisetzung der RdRp in unmittelbarem Anschluss an den Bereich des Translations-Frameshifts erfolgt. Die Konzentration des Proteins nimmt kontinuierlich ab, ein Hinweis auf die Pathogenese-abhängige Regulation seiner Bildung. Offensichtlich wird die RdRp nicht weiter prozessiert, denn die mit dem C-terminalen Bereich des Proteins reagierenden MAb wiesen keine kleineren Proteine nach. Das Enzym kommt nur in äußerst geringen Spuren in der Pflanze vor und muss daher für den Nachweis angereichert werden.

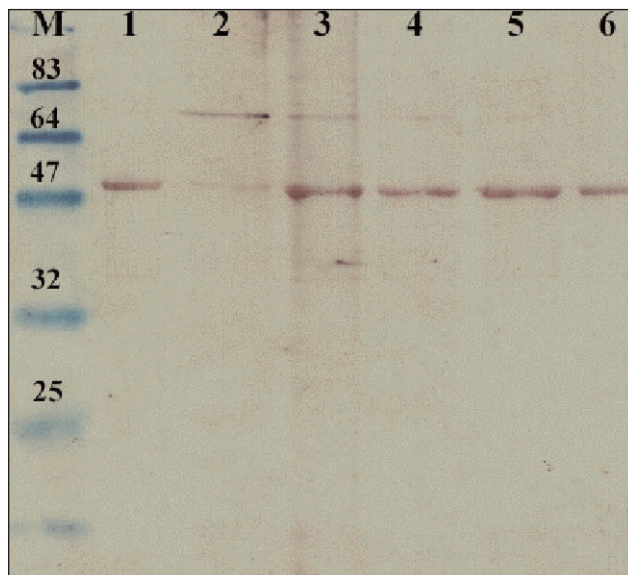


Abb. 3: Nachweis der RdRp in infiziertem Raps mit dem MAb 2H4. M: Molekulargewichtsmarker (kD), 1: gesund, 2 - 6: infiziert, 4, 7, 9, 11 und 14 dpi, entsprechend. Pfeil: RdRp-Bande

Fig. 3: Detection of RdRp in infected oilseed rape by MAb 2H4. M: Molecular weight marker (kD), 1: healthy, 2 - 6: infected, 4, 7, 9, 11 and 14 dpi, respectively. Arrow-RdRp band

#### Abstract:

Two MAb to RdRp of TuMV were obtained using a recombinant protein expressed in *E. coli*. It was shown that both MAbs were directed to the C-terminal part of the viral replicase. By means of these MAb a protein with a relative molecular mass of about 70 kD was detected in extracts from TuMV-infected, but no healthy plants. This result is the first successful attempt to detect a luteoviral RdRp in infected plant material. It was demonstrated that the RdRp is not further processed, expressed depending on process of pathogenesis and reaches only trace amounts.

In Zusammenarbeit mit: Inst. für Bioorganische Chemie, Moskau, Sukhacheva, E.A., Efimova, N.A.; BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Paetsch, C.; \*gefördert mit Mitteln des BMBF, FKZ 0301604

(BAZ: 2163)

#### 2.10 Sequenzanalyse der genomischen RNA des Deutschen *Barley yellow dwarf virus*-PAV Isolates ASL-1 Sequence analysis of the genomic RNA of the German *Barley yellow dwarf virus*-PAV isolate ASL-1 Fomitcheva, V. W. \*; Schubert, J.; Habekuß, A.

##### Zielsetzung/Aim:

Die Sequenzdaten sollten darüber Aufschluss geben, ob deutsche Isolate des Virus sich in ihrer Sequenz von Kanadischen oder Australischen Isolaten unterscheiden. Dies ist von Bedeutung in Hinblick auf Strategien zur genetischen Verbesserung der Resistenz.

Sequence data shall provide information whether German isolates of this virus differ from Canadian or Australian isolates. This is of importance in respect of strategies for genetic improvement of resistance.

##### Ergebnisse:

Das *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) ist der Typenvertreter des Genus *Luteovirus*. Zum Genus gehören verschiedene wichtige Schadviren. Von diesen ruft das BYDV weltweit die bedeutendsten Ertragsverluste hervor. Das Virus hat eine einzelsträngige positive RNA, ist phloemgebunden und nur aphidenübertragbar.

Ausgehend von einem gereinigten Viruspräparat wurde die Virus-RNA gewonnen und für die RT-PCR-gestützte Amplifikation von Genomsegmenten des Virus genutzt. Die Primer wurden auf der Grundlage beschriebener Sequenzen gewonnen. Die RNA des Isolates ASL-1 weist 5674 Nucleotide (nt) auf, die erwartungsgemäß für 6 offene Leserahmen (ORF) kodiert (Abb. 1). Die ORF1a und 1b weisen Motive auf, die charakteristisch für RNA-abhängige RNA-Polymerasen sind. Der ORF1a hat eine relative Molekülmasse von 39kD. Durch eine (-1)-Frameshift-Translation entsteht ein Fusionsprotein aus ORF1a/1b mit einer Molekülmasse von 99kD. Beide Proteine weisen im N-Terminus ein Proteasemotiv auf. Diese Protease scheint das Fusionsprotein weiter zu prozessieren. Im C-terminalen Bereich des Fusionsproteins ist ein Polymerasemotiv (Gly-Asp-Asp, GDD) zu finden. Der ORF3 kodiert für das Hüllprotein (CP). Darin eingeschlossen ist ein separater Leserahmen für das 17kD-Transportprotein (MP). Durch Überlesen eines amber-stop-codons entsteht ein Fusionsprotein mit dem ORF5. Im 3'-Bereich des Genoms befindet sich ein ORF, der für ein 6kD-Protein unbekannter Funktion kodiert.

Sowohl auf Nukleinsäure- als auch Aminosäure-Niveau besteht zwischen dem Isolat ASL-1 und dem australischen Isolat sowie den von uns ebenfalls gewonnenen partiellen Sequenzen eines kanadischen Isolates eine sehr hohe Ho-

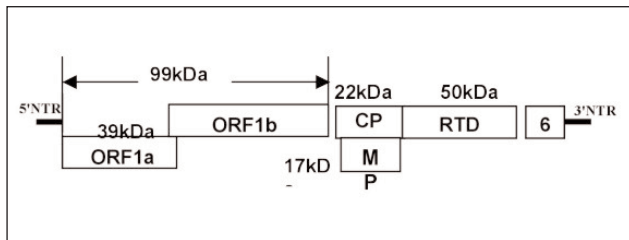


Abb. 1: Genomorganisation des BYDV  
Fig. 1: Genome organisation of BYDV

mologie (Abb. 2, Tab. 1). Dies unterstreicht die extreme Stabilität des Genoms dieses Virus.

Da die publizierten Sequenzinformationen zum BYDV begrenzt sind, ist eine Analyse der Variabilität seines Genoms nicht möglich. Daher klonierten und analysierten wir diese für die ORF1b, CP und RTD von verschiedenen deutschen Isolaten. Die entsprechenden Genomfragmente wurden über RT-PCR amplifiziert (Abb. 3), kloniert und

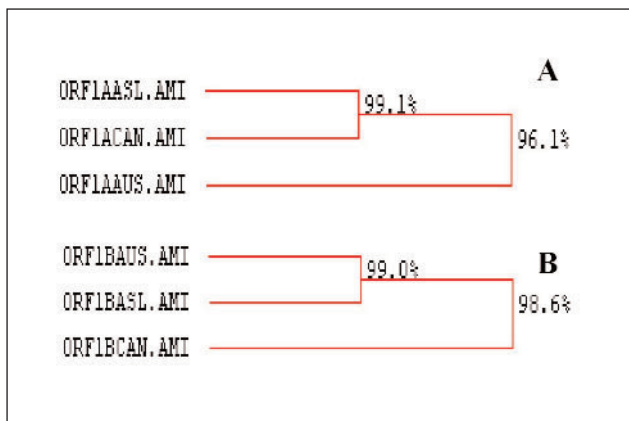


Abb. 2: Homologie der Aminosäuresequenzen zwischen drei BYDV-Isolaten. A-ORF1a, B -ORF1b  
Fig. 2: Amino acid sequence homology between BYDV isolates. A-ORF1a, B-ORF1b

sequenziert. Als Beispiel sind die Homologiecluster für das CP in Abbildung 4 dargestellt. Für die beiden anderen untersuchten Genomabschnitte lag die Sequenzhomologie bei fast 100%. Somit kann man davon ausgehen, dass das BYDV-PAV eine sehr geringe Variabilität des Genoms aufweist.

**Abstract:**

Starting from a virus preparation, the RNA was extracted and used as a template for RT-PCR amplification of specific genomic segments covering the whole genome of the virus. By this way the complete nucleotide sequence of the RNA of isolate BYDV-PAV ASL-1 has been determined. Comparison of nucleic and amino acid sequences of different isolates of BYDV (PAV serotype) indicated their low variability. This was confirmed including sequences for ORF1b, CP and RTD of some additional isolates originating from Saxony-Anhalt.

Tab. 1: Homologiegrad zwischen Nukleinsäuresequenzen eines deutschen und australischen Isolates des BYDV

Table 1: Degree of nucleic acid homology between sequences of a German and Australian BYDV isolates

Genomabschnitt	Homologiegrad [%]
5'-NTR	94
ORF1a	96
ORF1b	99
CP	89
MP	91
RTD	87
ORF6	89
3'-NTR	95

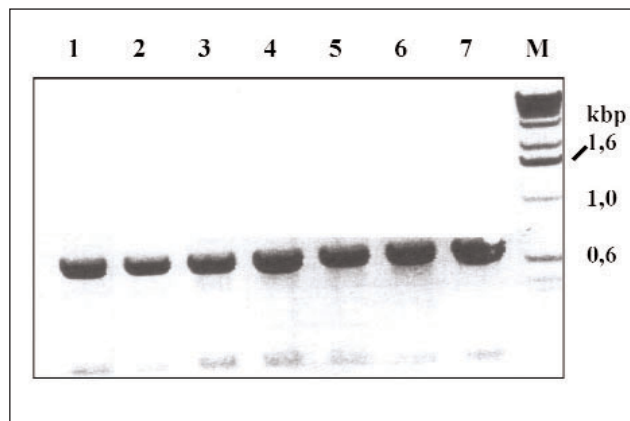


Abb. 3: RT-PCR-Amplifikation des CP-Genomabschnittes verschiedener BYDV-Isolate. 1 - ASL-1; 2 - Kanada; 3 - Schackstedt; 4 - Alsleben-Saale; 5 - Bäumchen; 6 - Hinterköhler; 7 - Friedeburger Hütte.

Fig. 3: RT-PCR amplification of CP region of different BYDV isolates. 1 - ASL-1; 2 - Canada; 3 - Schackstedt; 4 - Alsleben-Saale; 5 - Bäumchen; 6 - Hinterköhler; 7 - Friedeburger Hütte

In Zusammenarbeit mit : BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Habekuß, A.; IPK Gatersleben, Conrad, U., Kumlehn, J.; Inst. für Bioorganische Chemie, Moskau, Sukhacheva, E.

(\*gefördert mit Mitteln des BMBF, FKZ 0301604)

(BAZ-2163)

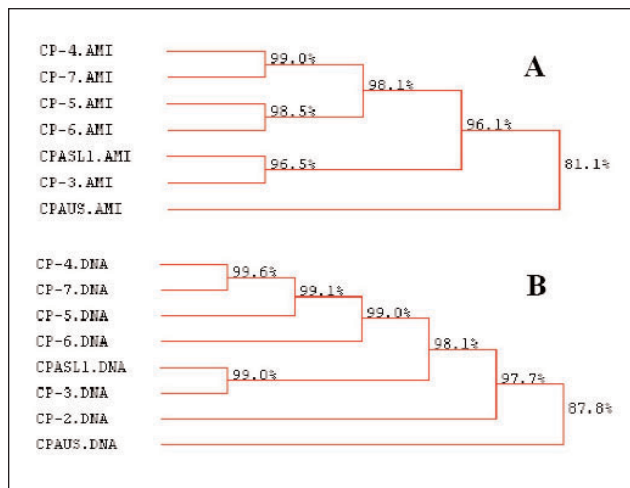


Abb. 4: Sequenzhomologie für das Hüllproteingen auf Aminosäure- (A) und Nukleinsäure-Niveau (B) für verschiedene Isolate des BYDV aus Sachsen-Anhalt

Fig. 4: Sequence homology for the coat protein gene on amino (A) and nucleic acid (B) level of different isolates from Saxony-Anhalt

## 2.11 Molekulare Analyse von WDV-Isolaten Molecular analysis of WDV-isolates

Schubert, J., Habekuß, A.

### Zielsetzung/Aim:

In Fortführung der Charakterisierung von WDV-Isolaten sollte die DNA weiterer Gersten- aber auch Weizenformen des Virus kloniert und analysiert werden. Diese Arbeiten sollen die Grundlage für die Entwicklung differenzierender PCR-Primer liefern, die in epidemiologischen Analysen eingesetzt werden.

Continuing characterisation of WDV isolates the DNA of further barley and wheat forms of this virus should be cloned and analysed. This work would enable us to develop differentiating PCR-primers, which can be used in epidemiological studies.

### Ergebnisse:

Neben den bereits im Vorjahr analysierten Sequenzen wurde die DNA weiterer Gerstenformen des WDV analysiert und es wurden auch Weizenformen des Virus eingeschlossen. Die Ergebnisse der ersten Untersuchungen ließen sich bestätigen. Danach bilden die Sequenzen der Gersten- und Weizenformen des Virus für alle Genomabschnitte voneinander unabhängige Cluster. Ein solches Cluster ist in Abbildung 1 für die Gesamt-DNA der analysierten Formen dargestellt. Diese Gruppierung wird auch über eine Bootstrap-Analyse bestätigt. Ein derartiges Cluster gilt mehr oder weniger ausgeprägt ebenfalls für die anderen Genomabschnitte. Auch den neu analysierten Gerstenformen fehlte der ORF  $C_X$ , der stets bei den Weizenformen vorkommt.

Anhand der ermittelten Sequenzen ließen sich formenspezifische Primer herstellen. Mit ihrer Hilfe gelang ein sicherer Virusnachweis, wie die Sequenzanalyse der amplifi-

zierten Genomabschnitte bewies. Die Analysen zeigten, dass bei den untersuchten Proben von Gerste, Weizen und *Lolium* stets beide Formen des Virus in Mischinfektion vorkamen. Berichte, dass Weizenformen nur Weizen und Gerstenformen nur Gerste befallen, konnten somit nicht bestätigt werden. Obwohl in Mischinfektion vorkommend und eine hohe Sequenzhomologie aufweisend, konnten nie Rekombinanten zwischen beiden Formen nachgewiesen werden.

Da bisher ein Multiplex-Nachweis beider Formen nicht gelang, soll die Methode optimiert werden. Der Multiplex-Nachweis bildet die Grundlage für geplante epidemiologische Untersuchungen. Die gewonnenen Daten geben insgesamt zu der Vermutung Anlass, dass es sich bei beiden Formen um zwei unterschiedliche Viren handelt.

Um das Antigen für die Gewinnung diagnostischer Antisera gegen dieses sehr schwierig zu reinigende Virus zu gewinnen, wurde sein Hüllproteingen in *E. coli* exprimiert. Zwar gelang die Expression, wie in Abbildung 2 zu erken-

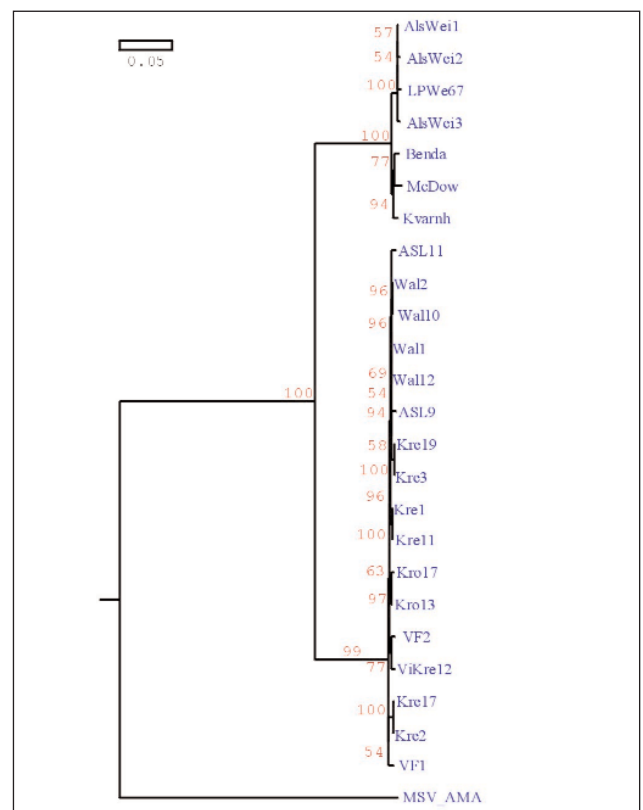
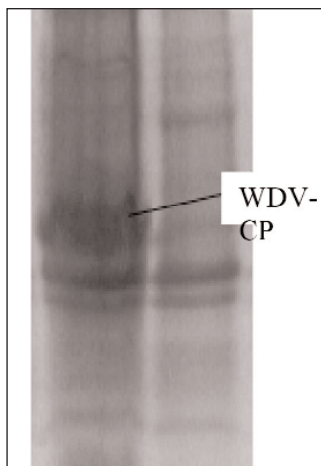


Abb. 1: Bootstrap-Analyse der gesamtgenomischen DNA von WDV-Formen (Trial number 1.000). Baum bewurzelt mit Sequenz des *Maize streak virus*, Amara-Stamm. Das obere Cluster enthält alle Weizenformen, das untere alle Gerstenformen

Fig. 1: Bootstrap-analysis of genomic DNA of forms of WDV (trial number 1.000). Tree rooted with sequence of *Maize streak virus*, Amara strain. Upper cluster contains all wheat forms, lower all barley forms



nen ist, war das Protein jedoch unlöslich, selbst als Fusion mit Thioredoxin. Es erwies sich als instabil in Harnstoff sowie Guanidin-Hydrochlorid, die für das Lösen derartiger Proteine verwendet werden. Somit kann das Protein nur aus Gelen extrahiert und dann für die Immunisierung eingesetzt werden.

Abb. 2: Expression des WDV-CP in *E. coli*/ET30a

Fig. 2: Expression of WDV-CP in *E. coli*/pET30a

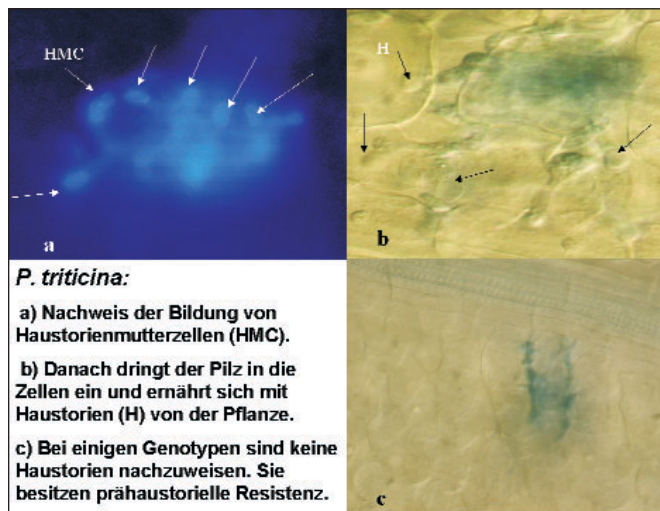
**Abstract:**

Analysing further WDV isolates from barley and wheat as well as *Lolium* we could detect mixed infection by both forms of this virus. Specific primers were developed to distinguish between both forms. This will enable us to perform epidemiological investigations on their appearance. Phylogenetical analysis based on sequence data supported the viewpoint that one deals with two different viruses rather than two forms of a virus.

In Zusammenarbeit mit: Shemjakin-Institut für Bioorganische Chemie Moskau, Sukhacheva, E.

(BAZ-2163)

Resistente Sorten stellen die kostengünstigste sowie umwelt- und verbraucherfreundlichste Art des Pflanzenschutzes dar und sind essentieller Bestandteil einer umweltschonenden Landwirtschaft sowohl im ökologischen Landbau als auch in der konventionellen Landwirtschaft. Forschungsziele des Institutes sind daher - definiert durch die Aufgaben und Schwerpunkte des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) - einerseits die Erfassung von Virulenzen in landwirtschaftlich bedeutenden Schaderregerpopulationen (Pilze, Viren, Bakterien, Insekten) sowie andererseits - unter Anwendung optimierter Testverfahren - die Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen zur Erweiterung der genetischen Basis der Resistenz. Basierend auf Untersuchungen zur Genetik der Resistenz und Virulenz der Erreger werden unter Einbeziehung molekularer Techniken Verfahren und Strategien zur effizienten züchterischen Nutzung qualitativer und quantitativer Resistenzen erarbeitet, um auf diese Weise die wissenschaftliche Grundlage für die Züchtung von Sorten zu schaffen, welche eine ökologisch verträgliche und nachhaltige Landwirtschaft gewährleisten. Entsprechende Ziele, zu deren Realisierung in Kooperation mit nationalen und internationalen Partnern klassische, biotechnologische und molekulare Methoden eingesetzt werden, können aufgrund einer ständigen Anpassung der Erreger an die Resistenzen und des Auftretens neuer Pathogene nur durch eine langfristige und kontinuierliche Bearbeitung erreicht werden. In diesem Zusammenhang wird z. B. jährlich eine europaweite Virulenzanalyse der Roste (*P. hordei*, *P. triticina*) durchgeführt und aktuelle Rassen im Rahmen der am Institut durchgeführten Wertprüfungen bei Weizen, Gerste und Triticale eingesetzt.



molekularer Techniken Verfahren und Strategien zur effizienten züchterischen Nutzung qualitativer und quantitativer Resistenzen erarbeitet, um auf diese Weise die wissenschaftliche Grundlage für die Züchtung von Sorten zu schaffen, welche eine ökologisch verträgliche und nachhaltige Landwirtschaft gewährleisten. Entsprechende Ziele, zu deren Realisierung in Kooperation mit nationalen und internationalen Partnern klassische, biotechnologische und molekulare Methoden eingesetzt werden, können aufgrund einer ständigen Anpassung der Erreger an die Resistenzen und des Auftretens neuer Pathogene nur durch eine langfristige und kontinuierliche Bearbeitung erreicht werden. In diesem Zusammenhang wird z. B. jährlich eine europaweite Virulenzanalyse der Roste (*P. hordei*, *P. triticina*) durchgeführt und aktuelle Rassen im Rahmen der am Institut durchgeführten Wertprüfungen bei Weizen, Gerste und Triticale eingesetzt.

Entsprechend der Schaderreger ist das Institut in die Arbeitsgruppen „Viren und tierische Schädlinge“, „Pilze“, „Bakterien“ sowie die integrierende Arbeitsgruppe „Molekulare Markeranalyse“ untergliedert, deren gegenwärtige Forschungsschwerpunkte sich wie folgt zusammenfassen lassen:

- Evaluierung und genetische Analyse der Resistenz der Gerste gegen *Barley mild mosaic virus* (BaMMV), *Barley yellow mosaic virus* (BaYMV, BaYMV-2) bzw. Toleranz gegenüber *Barley yellow dwarf virus* (BYDV), *Cereal yellow dwarf virus* (CYDV) bzw. *Wheat dwarf virus* (WDV) sowie Untersuchungen zur Epidemiologie und Resistenz virusübertragender Aphiden;
- Untersuchungen zu wirtschaftlich wichtigen Bakteriosen bei Obst (*Erwinia amylovora*), Gemüse (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) und Zierpflanzen (*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*);
- Resistenzevaluierung und genetische Analysen bei der Gerste in bezug auf *Puccinia hordei* und *Pyrenophora teres* bzw. beim Weizen gegen *P. tritici-repentis*, *Puccinia triticina* und *Pseudocercospora herpotrichoides* beim Weizen;
- Molekulare Charakterisierung von Resistenzressourcen und Pathogenen sowie Entwicklung molekularer Marker für entsprechende Resistenz- bzw. Virulenzgene sowie Lokalisierung von QTL.

Da für eine effektive Resistenzevaluierung und -züchtung Pathogene mit definierter Virulenz benötigt werden, betreut das Institut entsprechende Sammlungen von Viren, Bakterien und Pilzen sowie von Nematoden, Spinnmilben und insbesondere Blattlausarten, die in Dauerzucht gehalten werden. Diese Pathogene, welche in zunehmendem Maße molekular charakterisiert werden, stehen anderen Instituten der BAZ sowie wissenschaftlichen Einrichtungen zur Verfügung.

Im vergangenen Jahr wurde das EU-Projekt „Evaluation and conservation of barley genetic resources to improve their accessibility to breeders in Europe (GENRES, CT98-104)“ abgeschlossen, dessen biotischer Teil vom Institut für Epidemiologie und Resistenz koordiniert wurde. Dabei wurden insgesamt 51029 Datensätze mit Evaluierungsergebnissen zu den verschiedensten Krankheiten und Schädlingen generiert. Einzelheiten zu diesem Projekt sind unter <http://barley.ipk-gatersleben.de> zu finden. Auf nationaler Ebene werden koordiniert vom Institut für Epidemiologie und Resistenz und der ZADI in Zusammenarbeit mit privaten Pflanzenzüchtern entsprechend Weizen und Gerste in dem Projekt „EVA II - Nationales Evaluierungsprogramm pflanzengenetischer Ressourcen“ bearbeitet. Weiterhin konnten mit dem Ziel eine beschleunigte Introgression entsprechender Resistenzen in adaptiertes Zuchtmaterial zu ermöglichen, SSR- und AFLP-Marker für ein Resistenzgen gegen BaYMV und BaYMV-2 auf Chromosom 5H der Gerste entwickelt werden.



Abb. 2: Evaluierung von Durum-Genbankherkünften auf BYDV-Toleranz

Fig. 2: Evaluation of genbank accessions of durum wheat for BYDV-tolerance

Vor dem Hintergrund der angestrebten Ausdehnung des ökologischen Landbaues wurden die Projekte „Verbesserung der Resistenz gegen den Erreger des Braunrostes (*Puccinia triticina*) in Weizenformen des ökologischen Landbaus, Einkorn (*Triticum monococcum*), Emmer (*T. diccicum*) und Dinkel (*T. spelta*)“ sowie „Evaluierung von *Brassicaceae* auf Resistenz gegen die Mehligke Kohlblattlaus (*Brevicoryne brassicae*) als Basis zur Nutzung blattlausresistenter Kohlsorten für den ökologischen Landbau“ begonnen. In Kooperation mit dem Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik werden außerdem seit dem vergangenen Jahr die im Rahmen der Initiative InnoPlanta „Pflanzenbiotechnologie Nordharz/Börde“ geförderten Projekte „Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Bewertung der Virusresistenz bzw. -toleranz bei Getreidearten“ sowie „Entwicklung von Winterdurum mit verbesserter Teigwarenqualität und Resistenz gegen pilzliche und viröse Krankheitserreger“ bearbeitet. Ziel des erstgenannten Projektes ist es, insbesondere



Abb. 3: Mehligke Kohlblattlaus (*Brevicoryne brassicae*)

Fig. 3: Cabbage aphid (*Brevicoryne brassicae*)

geeignete Resistenzprüfmethoden für das zikadenübertragene WDV zu entwickeln und Resistenz bzw. Toleranz gegen dieses Virus an Weizen, Gerste und Triticale zu erfassen. Die Arbeiten innerhalb des zweiten Projektes umfassen die Evaluierung von Winterdurum-Zuchtmaterial und Genbankherkünften gegenüber insektenübertragenen Viren (BYDV, WDV) sowie die Aufklärung von Virus-Vektor-Wirt-Interaktionen bei toleranten Genotypen.

Bereits heute und zukünftig in stärkerem Maße wird molekulare Techniken (RAPDs, AFLPs, SSRs, STSs, SNPs, cDNA-AFLPs, Unigene-Sets) eine erhebliche Bedeutung im Rahmen der Charakterisierung von Pathogen-



nen und Resistenzressourcen sowie zur Aufklärung von Resistenzmechanismen zukommen, ebenso wie im Hinblick auf die Entwicklung von Markern, welche eine beschleunigte Inkorporation qualitativer und quantitativer Resistenzen ermöglichen. Neben den langfristig angelegten Projekten des Institutes, z. B. „Virulenz- und Rassenanalysen am Wirt-Pathogensystem Gerste - *Pyrenophora teres*“ mit dem Ziel der Entwicklung molekularer Marker für Virulenzgene oder der Erfassung der genetischen Diversität natürlicher Populationen von *Rhopalosiphum padi* im Rahmen epidemiologischer Untersuchungen, werden gemeinsam mit dem Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung der Universität Giessen (Prof. Dr. W. Friedt), die DFG-geförderten Projekte „Identifizierung und Kartierung von resistenzassoziierten ESTs (Expressed Sequence Tags) gegen bedeutende Pathogene (*Rhynchosporium secalis*, BYDV) der Gerste (*Hordeum vulgare* L.)“, bearbeitet, ebenso wie Teile des DFG geförderten Projektes „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. Assoziationsgenetische Studien sind auch Gegenstand der Resistenz-Evaluierung spanischer Gerstelandsorten in Zusammenarbeit mit einer spanischen Arbeitsgruppe um Prof. J. Molina-Cano (Lleida). Weiterhin wird gemeinsam mit dem Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung der Universität Giessen unter Beteiligung deutscher, dänischer und französischer Züchtungsunternehmen, das EU-geförderte CRAFT-Projekt „Improved utilization of new genetic resources in resistance breeding against soil-borne viruses in barley and wheat using molecular markers (VIRRES)“ bearbeitet. Die Forschungsplanung trägt darüber hinaus der steigenden Gefährdung des Weizenanbaus durch bodenbürtige Viren (WSSMV, SBCMV) Rechnung, indem koordiniert vom IER im Rahmen der Kooperation der Genomprojekte GABI und GENOPLANTE ein Antrag mit dem Titel „Structural and functional analysis of virus resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.)“ gestellt wurde.

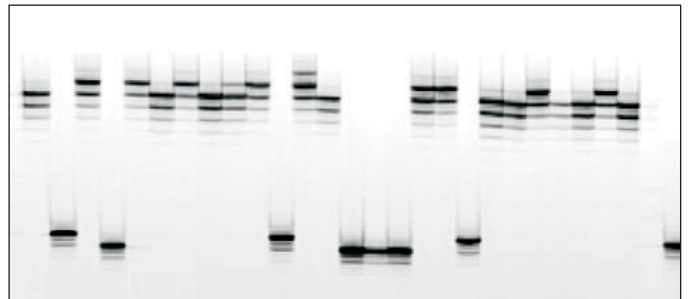


Abb. 4: Molekulare Charakterisierung von Gerstengenotypen mittels SSR

Fig. 4: SSR genotyping of barley

Resistant cultivars have to be considered as the most cost effective and environmental friendly approach of plant protection and are of special importance with respect to consumer protection, therefore. They are an essential prerequisite for an ecologically safe crop production in eco-farming and conventional plant production systems. The main research objectives of the Institute of Epidemiology and Resistance are - defined by the priorities of the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL) - the analyses of virulences in pathogens of agronomic importance (fungi, viruses, bacteria, insects) and the evaluation of genetic resources in order to broaden the genetic base of resistance. Based on results of genetic analyses of virulence and resistance, strategies for an efficient use of qualitative and quantitative resistances including molecular markers are developed in order to facilitate efficient breeding of resistant cultivars to ensure ecologically safe and sustainable crop production. Due to a constant adaptation of pathogens to resistances, these aims which are followed in co-operation with national and international partners using conventional, biotechnological and molecular tools can be reached by long term approaches, only. In this respect, e.g. virulences of rusts (*P. hordei*, *P. triticina*) are surveyed each year all over Europe and most frequent races are used for testing potential candidates of wheat, barley and triticale in the frame of official tests for variety release.

According to the pathogens the institute is sub-divided into the following research groups „Viruses and Invertebrate Pests“, „Fungi“, „Bacteria“ and „Molecular Markers“. Main research efforts of these groups can be summarized as follows:

- Evaluation and genetic analyses of resistance of barley against *Barley mild mosaic virus* (BaMMV), *Barley yellow mosaic virus* (BaYMV, BaYMV-2) and of tolerance against *Barley yellow dwarf virus* (BYDV), *Cereal yellow dwarf virus* (CYDV) and *Wheat dwarf virus* (WDV). Studies on the epidemiology of virus transmitting aphids and resistance against these vectors;
- Studies on bacterial diseases on fruits (*Erwinia amylovora*), vegetables (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) and ornamentals (*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*);
- Evaluation and genetic analyses of barley concerning resistance against *Puccinia hordei* and *Pyrenophora teres* as well as of wheat with respect to *P. tritici-repentis*, *Puccinia triticiana* and *Pseudocercospora herpotrichoides*;
- Molecular analyses of resistance resources and pathogens as well as development of molecular markers for resistance and virulence genes and detection of QTL.

As the availability of pathogens with defined virulences is a prerequisite for efficient screening and breeding for resistance, collections of viruses, bacteria and fungi are hosted and nematodes, spider mites and especially aphids are cultivated. These pathogens which are to a larger extent characterized on the molecular level, are available within the BAZ and for scientific institutions.

In 2002 the EU-project „Evaluation and conservation of barley genetic resources to improve their accessibility to breeders in Europe (GENRES, CT98-104)“ which has been co-ordinated by the Institute of Epidemiology and Resistance with respect to biotic stress has ended. Within this project 51029 data sets on resistance against pathogens and insects have been generated. Detailed information is available at <http://barley.ipk-gatersleben.de>. On the national level wheat and barley are evaluated in collaboration with private plant breeding companies within the programme „EVA II-Establishment of a national programme for the evaluation of plant genetic resources of cereals“ which is co-ordinated by the Institute of Epidemiology and Resistance and ZADI. With respect to an efficient use of resistance genes in plant breeding, SSR and AFLP markers have been developed e.g. for a BaYMV/BaYMV-2 resistance gene on barley chromosome 5H.

Due to the fact that organic farming is expected to cover a larger acreage in the future 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 „Evaluation of *Brassicaceae* for resistance against *Brevicoryne brassicae* as the basis for the use of aphid resistant cabbage cultivars in eco farming“ have been started. Besides this, two projects in collaboration with the Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics within the InnoPlanta Initiative „Plant Biotechnology Nordharz/Börde“, i. e. „Development and use of efficient detection methods for resistance and tolerance to viruses“ and „Development of winter durum with enhanced pasta quality and resistance against fungal and viral diseases“ were started. The first project mainly aims at the development of screening methods for the leaf hopper transmitted *Wheat dwarf virus* (WDV) and testing of barley, wheat and triticale for tolerance and resistance, respectively. The second projects deals with the evaluation of winter durum against insect transmitted viruses (BYDV, WDV) and analyses of virus-vector-host-interactions in tolerant genotypes.

Molecular techniques (RAPDs, AFLPs, SSRs, STSs, SNPs, cDNA-AFLPs, Unigene-Sets) are already important tools today with respect to genotyping of resistance resources and pathogens as well as for marker development facilitating the efficient incorporation of qualitative and quantitative resistances into adapted breeding lines, and are expected to gain even more importance in the future. In this respect, long term research on the „Analyses of virulence and races in the pathosystem bar-

ley-*Pyrenophora teres*“ aiming at the development of markers for virulence genes and on the „Estimation of genetic diversity of populations of *Rhopalosiphum padi* by molecular markers“ is carried out. In addition to this, research on molecular topics will be carried out in 2003 within projects financed by the DFG dealing with the „Identification and mapping of ESTs associated with resistance against important pathogens of barley (*Rhynchosporium secalis*, BYDV)“ and „Estimation of yield function of selected crop species in relation to genotype and site factors“ in collaboration with the Chair of Plant Breeding of the University of Giessen (Prof. Dr. W. Friedt). The latter comprises the determination of agronomic traits of important barley cultivars including resistance followed by SSR genotyping being the basis for association analyses. Association studies are also subject of the evaluation of Spanish barley landraces for resistance in collaboration with a Spanish group lead by Prof. J. Molina-Cano (Lleida). Furthermore, in collaboration with the chair of Plant Breeding of the University Giessen, and Danish, French, and German plant breeders the EU-CRAFT-Project „Improved utilization of new genetic resources in resistance breeding against soil-borne viruses in barley and wheat using molecular markers (VIRRES)“ will start. As soil-borne viruses of wheat (SBCMV and WSSMV) have gained evident importance in the last years the research proposal „Structural and functional analysis of virus resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.)“ co-ordinated by the Institute of Epidemiology and Resistance has been submitted within the co-operation of the German and French genome initiative GABI - GENOPLANTE.

## 1. Viren und tierische Schädlinge Viruses and invertebrate pests

### 1.1 Genetische Analyse einer Wintergerste DH-Lini- enpopulation (*Hordeum vulgare* L.) auf Virus- und Pilzresistenz

#### Genetic analysis of a winter barley DH-line popu- lation (*Hordeum vulgare* L.) for resistance to viruses and fungi

Habeck, A.; Kopahnke, D.; Krämer, I.

#### Zielsetzung/Aim:

Aufklärung der genetischen Grundlage von selektierten Gerstenherkünften mit BYDV-Toleranz und Resistenz gegenüber *Pyrenophora teres*. Entwicklung molekularer Marker zur Identifizierung von Resistenzgenen. Selektion von Genotypen mit kombinierter Resistenz.

Analyses of the genetic basis of selected barley accessions with tolerance to BYDV and resistance to *Pyrenophora teres*. Development of molecular markers for the identification of resistance genes. Selection of genotypes with combined resistance.

#### Material und Methoden:

Eine 84 DH-Linien umfassende Population (erzeugt mittels *H. bulbosum*-Technik durch R. Pickering, Lincoln, Neuseeland) der Kreuzung einer BYDV-toleranten F<sub>7</sub>-Linie der Kombination (‘Post’ x ‘Viresa’) mit HHOR 9484, einer aus der Genbank des IPK Gatersleben selektierten Herkunft mit gutem BYDV-Toleranzniveau und hoher Resistenz gegenüber *Pyrenophora teres* wurde bezüglich ihrer Toleranz- bzw. Resistenzausprägung untersucht. Die Sorte ‘Viresa’ als einer der Eltern der F<sub>7</sub>-Linie besitzt außerdem das *rym4*-Gen für Resistenz gegenüber BaMMV und BaYMV-1.

Die BYDV-Testungen erfolgten in der Klimakammer und im Gazezelt mit künstlicher Virusinokulation (BYDV-PAV, *Rhopalosiphum padi*). In den Klimakammerversuchen wurde 7 Wochen nach der Inokulation die Symptomausprägung bewertet und die Viruskonzentration mittels ELISA bestimmt. Im Freiland diente neben der Symptombonitur zum Zeitpunkt des Ährenschieben die Erfassung von morphologischen und Ertragsmerkmalen (Halmlänge, Ährenzahl/Pflanze, Kornertrag/Pflanze, TKM) zur Toleranzeinschätzung.

Zur Prüfung der Netzfleckenresistenz wurde ein Blattsegmenttest mit 2 definierten *P. teres* Isolaten unter kontrollierten Bedingungen in der Klimakammer am 2. und 3. Blatt durchgeführt. Die Bewertung der Symptomausprägung erfolgte 6 Tage nach der Inokulation über eine 10-stufige qualitative Boniturskala (Tekauz, 1985). Darüber hinaus wurde die DH-Population unter natürlichem Befallsdruck im Freiland getestet. Zur Bewertung der Resistenz diente die prozentual befallene Blattfläche.

#### Ergebnisse:

Die BYDV-Prüfungen sowohl in der Klimakammer als auch im Gazezelt ergaben stets eine kontinuierliche Häufigkeitsverteilung für die Reaktion der DH-Linienpopulation (Abb. 1 und Abb. 2). Es handelt sich somit um eine quantitative Merkmalsausprägung, welche auf die Beteiligung mehrerer Gene hin deutet. Bei den Untersuchungen im Gazezelt wurde im allgemeinen eine stärkere Expression der Symptome beobachtet, wodurch eine eindeutige Bewertung der Linien als tolerant bzw. anfällig möglich war. So zeigten 42 Linien ein mit den tolerantem Kreuzungseltern vergleichbares Niveau.

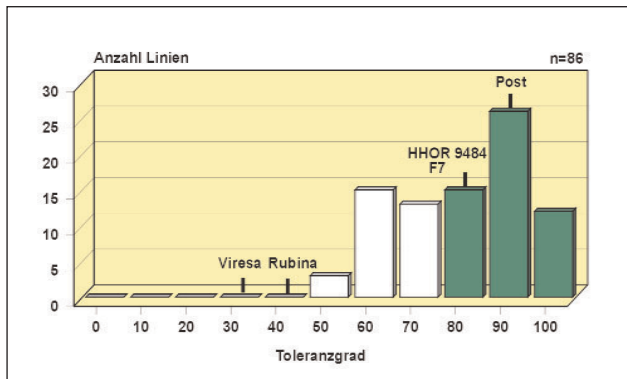


Abb. 1: BYDV-Reaktion der DH-Linienpopulation der Kreuzung [(F<sub>7</sub> 'Post' x 'Virosa') x HHOR 9484] nach künstlicher Inokulation in der Klimakammer im Mittel von zwei Versuchen

Fig. 1: BYDV-reaction of doubled haploid population of the cross [(F<sub>7</sub> 'Post' x 'Virosa') x HHOR 9484] after artificial inoculation in a growth chamber (mean of two tests)

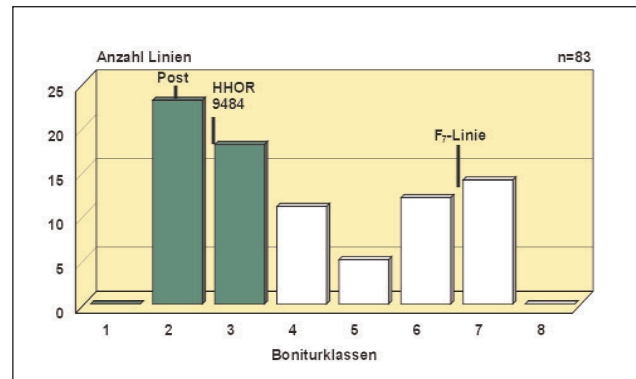


Abb. 3: Reaktion der DH-Linienpopulation gegenüber *Pyrenophora teres* im Blattsegmenttest

Fig. 3: Reaction of DH-population to *Pyrenophora teres* in leaf segment test

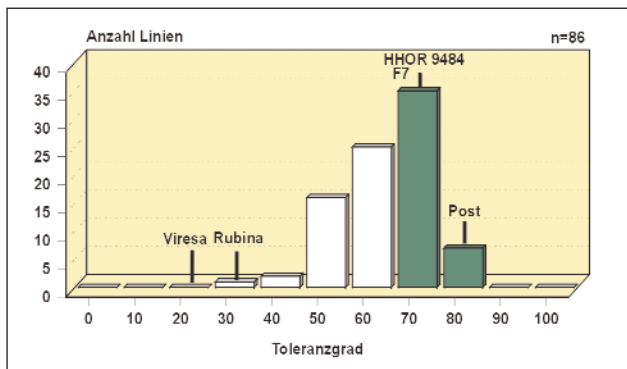


Abb. 2: Symptomausprägung der DH-Linienpopulation nach künstlicher BYDV-Inokulation im Gazezelt

Fig. 2: Symptom expression of the DH-population after artificial inoculation in the gauze house

Bezüglich der Reaktion der Linien gegenüber *Pyrenophora teres* wurde eine 1:1-Spaltung (Blattsegmenttest: 42 resistente:41 anfällige Linien; Freiland: 43 resistente:40 anfällige Linien) festgestellt (Abb. 3 und 4). Die durch HHOR 9484 bedingte Resistenz wird demnach monogen vererbt.

Von den 84 geprüften Linien besitzen 13 Linien kombinierte Toleranz/Resistenz gegen beide Pathogene. In vier dieser Linien wurde außerdem das *rym4*-Gen für Mosaikvirusresistenz identifiziert.

Mit der molekulargenetischen Charakterisierung der BYDV-Toleranz bzw. *P. teres*-Resistenz wurde begonnen. Erste Untersuchungen an der DH-Population konzentrierten sich auf die Entwicklung und Kartierung von molekularen Markern für die aus HHOR 9484 stammende Resistenz gegenüber *P. teres*. Die Markersuche erfolgte auf der Grundlage von RAPD- und Mikrosatelliten-Analysen unter Verwendung der Bulk Segregant Analysis mit Pools aus jeweils 10 resistenten und anfälligen DH-Linien. Bis-

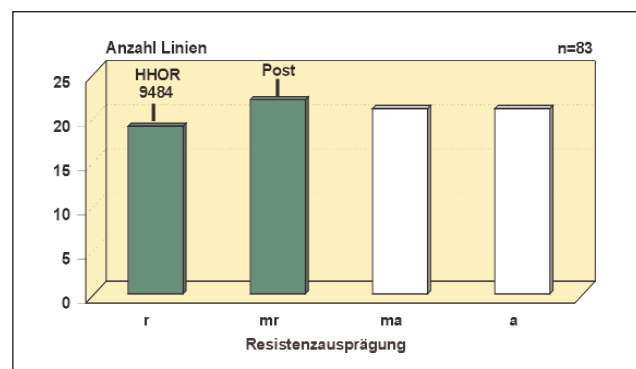


Abb. 4: Reaktion der DH-Linienpopulation gegenüber *P. teres* unter natürlichen Befallsbedingungen

Fig. 4: Reaction of DH-population to *P. teres* under natural attack

her wurden 250 RAPD-Primer und 230 Mikrosatelliten geprüft. Bei diesem Markerscreening konnten zwei Mikrosatelliten mit Kopplung zum *P. teres*-Resistenzlocus identifiziert werden.

Abstract:

84 DH-lines of the cross [(F<sub>7</sub> 'Post' x 'Virosa') x HHOR 9484] were analysed for their reaction to BYDV-PAV and *Pyrenophora teres* in growth chambers and in the field. One parent of the cross is a selected BYDV-tolerant F<sub>7</sub> line out of the cross of the BYDV-tolerant cultivar 'Post' with the cultivar 'Virosa' carrying the *rym4* gene for resistance to BaMMV and BaYMV-1. The other parent HHOR 9484, selected from the genebank of the IPK Gatersleben, combines a high level of BYDV-tolerance with resistance to *P. teres*.

The results of the BYDV-tests in the growth chamber as well as in the gauze house give hint that tolerance of 'Post' and HHOR 9484 to BYDV follows a quantitative mode of inheritance (Fig. 1 and 2). On the other hand a 1:1-segre-

gation was detected for resistance of HHOR 9484 to *Pyrenophora teres*. Out of the 84 doubled haploid lines 13 were selected with combined tolerance/resistance to both pathogens. Furthermore in four of these lines the *rym4* gene for mosaic resistance was detected.

Molecular studies were started for the development of markers for the *P. teres* resistance of HHOR 9484. Up to now 250 RAPD-primers and 230 microsatellites were tested. Two of the microsatellites were found to be linked to the *P. teres* resistance locus in HHOR 9484.

In Zusammenarbeit mit: A. Graner, Inst. f. Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, Genbank; R. Pickering, Crop & Food Research, Christchurch, Neuseeland.

(BAZ-2301, BAZ-2348, BAZ-2335)

## 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

Habeck, 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 Arbeiten 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 durum with improved winter-hardiness, quality and resistance. In the frame of this work genebank and breeding material is evaluated for resistance/tolerance to insect-transmitted viruses (BYDV/WDV) in growth chambers and in the field.

Ergebnisse:

Eine wesentliche Aufgabe innerhalb dieses Projektes besteht in der Evaluierung von Winterdurum-Zuchtmaterial und Genbankherkünften gegenüber insektenübertragbaren Viren (BYDV, WDV) sowie der Aufklärung möglicher Mechanismen der Virus - Vektor - Wirt - Interaktionen bei toleranten Durum-Genotypen. In der zurückliegenden Vegetationsperiode wurden 2 Prüfungen mit künstlicher BYDV-PAV Inokulation durchgeführt. Im Gazezelt wurden 100 und im Freiland 298 Genbankherkünften des IPK Gatersleben im Vergleich zu 5 Sorten untersucht. Als Ergebnis der Symptombonituren wurden 14 bzw. 15 Genotypen mit nur schwachen Symptomen (Boniturnote 2 bzw. 3) ermittelt (Abb. 1 und Abb. 2). Eine Herkunft blieb im Freiland völlig symptomlos. 26 bzw. 79 Formen wiesen eine mittlere Symptomstärke (Boniturnote 4) auf.

Durch die Analyse der noch zu ermittelnden Ertragsmerkmale (TKM, Ertrag/Pflanze) soll die bisherige Charakterisierung des Materials vervollständigt werden.

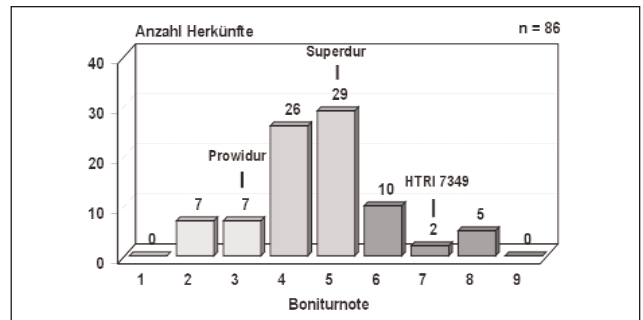


Abb. 1: Reaktion von Durum-Herkünften gegenüber BYDV-PAV im Gazezelt 2001/2002

Fig. 1: Reaction of Durum accessions to BYDV-PAV in gauze house 2001/2002

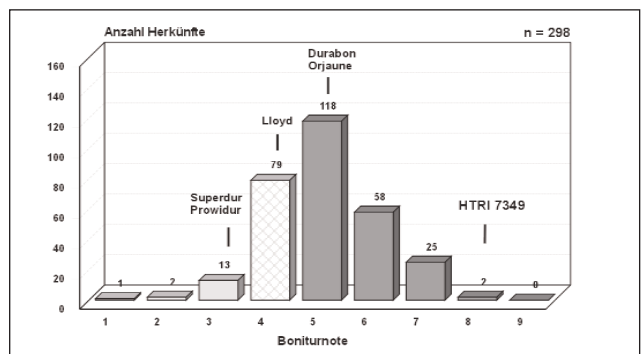


Abb. 2: Reaktion von Durum-Herkünften gegenüber BYDV-PAV im Freiland 2001/2002

Fig. 2: Reaction of Durum accessions to BYDV-PAV in the field 2001/2002

In der diesjährigen Vegetationsperiode werden diese Herkünfte wiederholt auf ihre Reaktion gegenüber BYDV-PAV geprüft. Außerdem wird neues Zuchtmaterial in die Testung einbezogen.

Abstract:

In the first year 15 Durum accessions could be detected with a high level of BYDV-tolerance after artificial inoculation. The investigations will be continued and new breeding material will be included.

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

(BAZ-2311, gefördert durch BMBF)

### 1.3 Einfluss der Temperatur auf die Übertragungsrates und die Symptomausprägung von BYDV-PAV und CYDV-RPV durch ungeflügelte *Rhopalosiphum padi* bei Wintergerste

**Influence of temperature on virus transmission and symptom expression of BYDV-PAV and CYDV-RPV by apterous *Rhopalosiphum padi* in winter barley**

Solovyeva, N.; Habekuß, A.; Schliephake, E.

Zielsetzung/Aim:

Untersuchung des Einflusses der Temperatur auf die Virusübertragung des BYDV-PAV und des CYDV-RPV durch ungeflügelte *R. padi* sowie die Symptomausprägung bei verschiedenen Gerstengenotypen.

Investigations of the influence of temperature on virus transmission and symptom expression of BYDV-PAV and CYDV-RPV by apterous *R. padi* in winter barley.

Ergebnisse:

Die Übertragungsrate des BYDV-PAV durch einzelne ungeflügelte *R. padi* wurde im Temperaturbereich von 10 °C bis 25 °C für Virusakquisitions- und Virusinokulationszeiten von 1, 2 und 4 Tagen (d) im Klimaprüfschrank an der anfälligen Wintergerstensorte ‘Rubina’ untersucht. Zur Feststellung der Symptomausprägung wurden die Pflanzen nach der Virusinokulation im Gewächshaus kultiviert und 4 bzw. 6 Wochen nach der Inokulation die Symptome einzelpflanzenweise bonitiert bzw. der Infektionserfolg serologisch mittels ELISA getestet. Die Symptomausprägung wurde mit einer 9-stufigen Skala (1 = keine Symptome bis 9 = Pflanze abgestorben) bonitiert und daraus der Befallsgrad (BG) ermittelt. Die Infektionsrate IR (relative Anzahl infizierter Pflanzen) erhöhte sich mit steigender Temperatur und längeren Akquisitions- bzw. Inokulationszeiten von 0 % (10 °C, 1 d Akquisition, 1 d Virusinokulation) auf 79,6 % (25 °C, 4 d; 4d) für das BYDV-PAV (Abb.1).

Der mittlere Befallsgrad reichte von 0 (10 °C, 1 d Akquisition, 1 d Inokulation) bis 42,9 (25 °C; 4d; 4d). Bei 25 °C

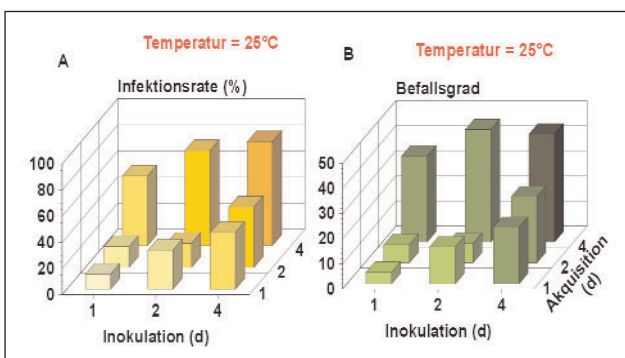


Abb. 1: Infektionsrate (A) und Befallsgrad (B) von ‘Rubina’ bei verschiedenen Akquisitions- und Inokulationszeiten für die Aufnahme und -abgabe des BYDV-PAV durch *R. padi*

Fig. 1: Infection rate (IR) and degree of attack (DA) of ‘Rubina’ after different acquisition and inoculation periods for BYDV-PAV by *R. padi*

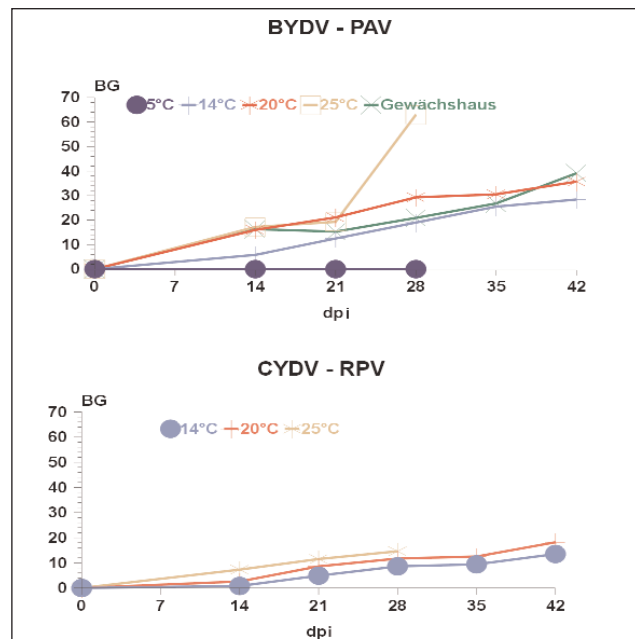


Abb. 2: Entwicklung der Symptomausprägung (Befallsgrad) in Gerste bei verschiedenen Temperaturen

Fig. 2: Development of the symptom expression (degree of attack) in barley at different temperatures

war ein stärkerer Einfluss einer Verlängerung der Akquisitionszeit als der Inokulationszeit zu beobachten ( $BG_{(4d;2d)} = 44,7$ ;  $BG_{(4d;4d)} = 42,9$ ).

In einer zweiten Versuchsserie wurden Pflanzen der Sorte ‘Rubina’ bei 20 °C und einer Akquisitions- bzw. Inokulationszeit von 2d mit BYDV-PAV bzw. CYDV-RPV durch *R. padi* als Vektor infiziert. Die Expression der Symptome wurde bei 5, 14, 20 und 25 °C sowie im Gewächshaus über einen Zeitraum von 6 Wochen beobachtet. Ihre Bewertung erfolgte wie oben beschrieben. Das BYDV-PAV verursachte bei allen untersuchten Temperaturen eine frühere und stärkere Symptomentwicklung als das CYDV-RPV (Abb. 2).

Bei 5 °C wurden im Versuchszeitraum für beide Viren keine symptomtragenden Pflanzen festgestellt. Erst bei den höheren Temperaturen, insbesondere bei 20 und 25 °C traten deutliche Symptome auf.

Abstract:

The transmission efficiency of BYDV-PAV to the susceptible winter barley ‘Rubina’ by single apterous *R. padi* was investigated at temperature conditions between 10 and 25 °C and acquisition and inoculation periods of 1, 2 and 4 days (d) in growth chambers. The infection rate IR (relative number of infected plants) increased with higher temperatures and longer acquisition and inoculation periods from 0 % (10 °C, 1 d acquisition, 1 d inoculation) to 79.6 % (25 °C, 4 d; 4d) for BYDV-PAV (Fig.1). The mean degree of attack (DA) ranged from 0 (10 °C, 1 d acquisition, 1 d inoculation) to 42,9 (25 °C; 4d; 4d). Under 25 °C a stronger influence of a longer acquisition period than of the inoculation period was observed ( $DA_{(4d;2d)} = 44,7$ ;  $DA_{(4d;4d)} = 42,9$ ).

In a second test set plants of 'Rubina' were infected with BYDV-PAV or CYDV-RPV by *R. padi* using a acquisition and inoculation time of 2 d at 20 °C. The symptom expression was investigated in 5, 14, 20, 25 °C and in the greenhouse over a period of 6 weeks. Scoring was done as described above. In comparison to the CYDV-RPV the BYDV-PAV caused an earlier and stronger symptom development under all investigated temperatures (Fig. 2). For both viruses no symptom-carrying plants could be detected over the whole test period in 5 °C. A clear symptom expression was observed in 20 and 25 °C.

(BAZ-2301, BAZ 2330)

#### 1.4 Evaluierung und Konservierung genetischer Ressourcen der Gerste zur Verbesserung ihrer Nutzbarkeit durch die Züchter in Europa

##### Evaluation and conservation of barley genetic resources to improve their accessibility to breeders in Europe (GENRES CT98-104)

Schliephake, E.; Kopahnke, D.; Habekuß, A.; Proeseler, G.; Krämer, I.

##### Zielsetzung/Aim:

Ein Ziel des dreijährigen Projektes bestand darin, die Barley Core Collection und andere Sommer- und Wintergerstensammlungen auf Resistenz gegen biotische (Pilze, Viren, Aphiden) und abiotische Stressfaktoren (Trockentoleranz, Winterfestigkeit, Schwermetallverträglichkeit, Bodenversalzung u.a.) zu evaluieren. An dem Projekt waren 28 Partner (Pflanzenzüchter, Phytopathologen, Mitarbeiter von Genbanken) aus 12 Ländern beteiligt. Das Gesamtprojekt wurde von der Genbank des IPK Gatersleben geleitet. Die Arbeiten zum biotischen Stress wurden von 18 Partnern durchgeführt und vom Institut für Epidemiologie und Resistenz in Aschersleben koordiniert.

In Aschersleben erfolgten Resistenzprüfungen zu den Pathogenen Zwergrost (*Puccinia hordei*), Netzfleckenkrankheit (*Drechslera teres*), Viren des Gerstengelbmosaik-Komplexes (*Barley mild mosaic virus*, *Barley yellow mo-*

##### *Puccinia hordei*

Tab. 1: Ergebnisse der Resistenzprüfungen im Freiland

Table 1: Results of the field tests

Form *	Jahr	Taxon	Angebaute Genotypen	Beobachtete Genotypen	Anzahl Bonituren	Resistent	Moderat	Anfällig
A	1999	<i>H. vulgare</i>	402	401	5	22	45	284
A	2000	<i>H. vulgare</i>	51	51	3	6	12	33
H	2000	<i>H. vulgare</i>	299	299	4	44	47	209
A	2000	wild <i>Hordeum</i> spp.	38	38	4	37	1	
A	2001	<i>H. vulgare</i>	63	63	2	3	17	43
A	2001	<i>H. vulgare</i> ssp. spontaneum	635	314	2	21	17	276
H	2001	<i>H. vulgare</i>	53	53	3	8	12	33
A	2002	<i>H. vulgare</i>	41	41	4	6	11	24
A	2002	<i>H. vulgare</i> ssp. spontaneum	16	15	2	4	7	4

\* A = Sommergerste, H = Wintergerste

*saic virus-1*, *Barley yellow mosaic virus-2*), Gerstengelbverzwergungsvirus (*Barley yellow dwarf virus*) sowie den Getreideaphiden Bleiche Getreideläus (*Metopolophium dirhodum*), Haferblattläus (*Rhopalosiphum padi*), Große Getreideläus (*Sitobion avenae*) und Maisblattläus (*Rhopalosiphum maidis*). Die erzielten Ergebnisse dieser Untersuchungen werden in diesem Beitrag zusammengefasst.

One aim of the three-years project was to evaluate the Barley Core Collection (BCC) and other spring and winter barley genotypes for resistance to biotic (fungi, viruses, aphids) and abiotic stress factors (drought, winter hardness, heavy metals and salinity). In the project 28 partners (plant breeders, phytopathologists, genebank and documentation specialists) from 12 countries took part. The whole project was co-ordinated by the genebank of the IPK Gatersleben and the part dealing with biotic stress by the Institute of Epidemiology and Resistance at Aschersleben.

In Aschersleben the resistance to the following pathogens was tested: leaf rust (*Puccinia hordei*), net blotch (*Drechslera teres*), viruses of the mosaic-complex (*Barley mild mosaic virus*, *Barley yellow mosaic virus-1*, *Barley yellow mosaic virus-2*), *Barley yellow dwarf virus* (BYDV) and the cereal aphids, i.e. rose grain aphid (*Metopolophium dirhodum*), oat cherry bird aphid (*Rhopalosiphum padi*), wheat aphid (*Sitobion avenae*) and the corn aphid (*Rhopalosiphum maidis*). The results of these investigations are summarized in this contribution.

##### Ergebnisse:

Eine wesentliche Voraussetzung für die Vergleichbarkeit der Ergebnisse von den verschiedenen Partnern war zunächst die Abstimmung der Methoden zur Versuchsdurchführung und -auswertung sowie die Festlegung der Standards für die einzelnen Krankheiten. Hierzu wurde ein entsprechender Methodenkatalog erarbeitet, der unter <http://barley.ipk-gatersleben.de> zugänglich ist.

Die Prüfungen bei den Züchtern wurden unter natürlichen Befallsbedingungen durchgeführt. In Aschersleben erfolg-

ten die Gewächshaus- und Freilandversuche mit künstlicher Inokulation von definierten Erregerisolaten bzw. -stämmen und im Falle der Mosaikviren auch auf natürlich kontaminierten Flächen. Zur Erfassung quantitativer Befallsunterschiede wurden insbesondere bei den Pilzkrankheiten nach Möglichkeit mehr als drei Bonituren durchge-

führt, um die Fläche unter der Befallsverlaufskurve berechnen zu können.

Die nachfolgenden Tabellen geben einen Überblick über den Prüfumfang und das als resistent/tolerant ermittelte Material bei den einzelnen Pathogenen.

***Puccinia hordei***

Tab. 2: Ergebnisse der Keimpflanzentests mit *Puccinia hordei* Isolaten zur Differenzierung der *Rph*-Resistenzgene  
 Table 2: Results of the seedling tests with different *Puccinia hordei* isolates to differentiate the *Rph* resistance genes

Jahr	Taxon	Getestete Genotypen	Isolate	Resistent
1999	<i>H. vulgare</i>	350	8-1	24
1999	<i>H. vulgare</i>	345	16-3	52
1999	<i>H. vulgare</i>	32	8-2	20
1999	<i>H. vulgare</i>	21	I80	0

***Pyrenophora teres***

Tab. 3: Ergebnisse der Resistenzprüfungen mit *P. teres* im Freiland  
 Table 3: Results of the field tests

Form	Jahr	Taxon	Angebaute Genotypen	Beobachtete Genotypen	Anzahl Bonituren	Resistent	Moderat	Anfällig
A	1999	<i>H. vulgare</i>	350	350	5	27	74	249
H	1999	<i>H. vulgare</i>	150	150	5	32	49	69
A	2000	<i>H. vulgare</i>	105	105	4	3	44	58
H	2000	<i>H. vulgare</i>	299	299	4	5	55	239
H	2001	<i>H. vulgare</i>	100	67	3	14	18	35
H	2002	<i>H. vulgare</i>	127	122	5	15	42	65

**BYDV**

Tab. 4: Ergebnisse der Resistenzprüfungen mit BYDV-PAV im Freiland (Gazehaus)  
 Table 4: Results of gauze house tests with artificial BYDV-PAV inoculation

Form	Jahr	Taxon	Inokuliert und gepflanzt	Beobachtet	Tolerant	Moderat	Anfällig
H	2000	<i>H. vulgare</i>	100	100	1	35	64
H	2001	<i>H. vulgare</i>	177	170	9	44	117
H	2002	<i>H. vulgare</i>	49	49	1	11	37

**BaYMV/BaMMV**

Tab. 5: Ergebnisse der Freilandresistenzprüfungen (BaMMV+BaYMV-1+BaYMV-2 und BaMMV+BaYMV-1)  
 Table 5: Test results on virus contaminated fields (BaMMV+BaYMV-1+BaYMV-2 and BaMMV+BaYMV-1)

Form	Jahr	Taxon	Viren	Angebaute Genotypen	Beobachtete Genotypen	Resistent	Anfällig
H	2000	<i>H. vulgare</i>	M+Y1+Y2	99	99	57	42
H	2001	<i>H. vulgare</i>	M+Y1+Y2	104	104	41	63
			M+Y1	269	269	113	156
H	2002	<i>H. vulgare</i>	M+Y1	75	59	28	31

Tab. 6: Molekulare Markeranalyse von Wintergersten mit kombinierter Resistenz gegen BaMMV, BaYMV-1 und BaYMV-2 zum Nachweis des Resistenzgens *rym5*

Table 6: Molecular marker analyses of winter barleys with combined resistance to BaMMV, BaYMV-1 and BaYMV-2 for the detection of the resistance gene *rym5*

Anzahl Genotypen		
Getestet	<i>rym5</i>	andere Gene
16	13	3



## BaMMV

Tab. 7: Ergebnisse der Resistenzprüfungen in der Klimakammer

Table 7: Results of the resistance tests in the growth chamber

Form	Jahr	Taxon	Getestete Genotypen	Beobachtete Genotypen	Resistent	Anfällig
H	2000	<i>H. vulgare</i>	100	100	73	27
H	2001	<i>H. vulgare</i>	106	106	63	43
H	2002	<i>H. vulgare</i>	19	19	14	5

## Aphiden

Tab. 8: Ergebnisse der Freilandresistenzprüfungen

Table 8: Results of the field tests

Form	Jahr	Taxon	Getestete Genotypen	Beobachtete Genotypen	Resistent			
					M. d.	R. p.	S. a.	R. m.
A	1999	<i>H. vulgare</i>	51	51	4	5	1	-
H	2000	<i>H. vulgare</i>	52	52	27	6	36	-
A	2000	<i>H. vulgare</i>	69	69	36	15	4	3
H	2001	<i>H. vulgare</i>	57	57	37	35	51	-
A	2001	<i>H. vulgare</i>	61	61	34	38	-	-
H	2002	<i>H. vulgare</i>	59	59	57	32	-	49
A	2002	<i>H. vulgare</i>	60	60	48	40	53	53

- kein Befall

M. d. - *Metopolophium dirhodum*, R. p. - *Rhopalosiphum padi*, S. a. - *Sitobion avenae*, R. m. - *Rhopalosiphum maidis*

Die Daten mit den Evaluierungsergebnissen des Projektes stehen den beteiligten Projektpartnern zur Verfügung und werden mittelfristig als Datenbank allen Interessenten zugänglich sein. Die gefundenen Resistenzen werden weiter analysiert und neue Resistenzgene in Prebreedingprogramme einbezogen. Um die Nutzung entsprechender Gene zu beschleunigen, werden molekulare Marker entwickelt.

Abstract:

The Barley Core Collection and other collections were evaluated for resistance to biotic and abiotic stress. For this reason standardised screening and evaluation methods were developed and standards for the different pathogens were defined. The description of the evaluation methods could be found on the web site <http://barley.ipk-gatersleben.de>. The evaluation data of the project are available to the project partners. In future they will be public. The detected resistances will be analysed in more detail and new resistance genes will be used in pre-breeding programs. Besides this, development of molecular markers is in progress.

In Zusammenarbeit mit: H. Knüpffer, D. Enneking, Inst. f. Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, Genbank.

### 1.5 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**

Schliephake, E.

Zielsetzung/Aim:

Da Blattlausbefall im Getreide häufig ist und zudem viele Pflanzenviren - bei den Gräsern insbesondere BYDV- von Aphiden übertragen werden, erscheint es sinnvoll, Blattlausresistenz zur Reduzierung der direkten und der von Viren verursachten Schäden im Getreide züchterisch zu nutzen. Dabei sind die einzelnen Arten, die im Getreide auftreten, unterschiedlich zu bewerten. Zur Identifikation entsprechender Resistenzquellen wird Genbankmaterial unter natürlichem Befall auf Blattlausresistenz evaluiert.

Aphids are common pests in cereals and vectors of different viruses, in grasses especially BYDV. Therefore, breeding for aphid resistance has to be considered as an efficient tool for minimizing yield losses caused by aphids and viruses. In this respect aphids common in cereals are of different importance. In order to identify sources of aphid resistance, genebank accessions are evaluated for aphid resistance under natural field infestations.

Ergebnisse:

Aufbauend auf den bisherigen Erfahrungen zur Evaluierung auf Blattlausresistenz werden in einer Vorselektion durch Bonitur des Blattlausbefalls in Kleinparzellen dieje-

nigen Herkünfte ausgewählt, die allgemein einen geringen Blattlausbesatz aufweisen. Dazu wird eine 9-stufige Boniturskala verwendet. Durch getrennte Bonitur von Ähre und Blatt erhält man Aussagen zum Befall durch verschiedene Arten. In einer folgenden Prüfung werden an den selektierten Herkünften der Befall durch die einzelnen Aphidenarten an jeweils 5 Einzelpflanzen (1 Halm/Pflanze) gezählt. Dazu werden Kleinparzellen (2 Reihen, 1 m) angelegt, mit einer Standardsorte nach jeweils 10 Parzellen. Die Zählungen erfolgen in wöchentlichem Abstand vom Beginn des Zufluges bis zum Zusammenbruch der Population, welcher i.d.R. mit der beginnenden Reife einsetzt. Zur Auswertung wird die mittlere Fläche unter der Populationsentwicklungskurve („Blattlaustage“) ermittelt. Um die Bewertung der Herkünfte mit denen anderer Krankheiten vergleichbar zu gestalten, wird dieser Befall in eine Boniturskala transformiert. Dazu wird die gesamte Spannweite des Befalls (mittlere Zahl Blattlaustage) linear in die Boniturnotenbereiche unterteilt (Min = 1; Max = 9).

Zur Unterscheidung möglicher Resistenzursachen (Antixenosis, Antibiosis) werden im Feld Kleinparzellenversuche angelegt (randomisierte Blockversuche in 4-facher Wiederholung). Es werden hier ebenfalls an jeweils 5 Pflanzen (1 Halm/Pflanze) die Aphiden gezählt, jedoch differenziert in Geflügelte, ungeflügelte Weibchen und Larven. Die Boniturtermine und die Auswertung erfolgen wie oben beschrieben.

Neben Gerste wurden in diesem Jahr ein Sortiment von 550 Winterweizen und 31 Sommerweizen evaluiert. Dazu wurden die Sortimente 2 mal bonitiert, getrennt nach dem Ährenbefall durch *S. avenae* und *R. padi* sowie dem Blattbefall durch *M. dirhodum*.

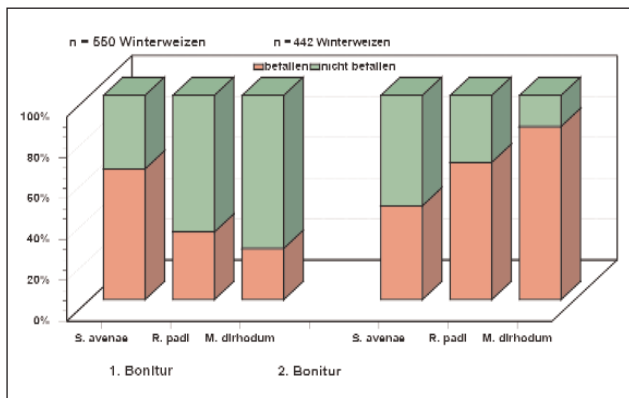


Abb. 1: Boniturergebnisse 2002 des Winterweizensortimentes auf Befall durch Getreideaphiden (n=550 Genotypen)

Fig. 1: Scoring results of aphid infestation in winter wheat (n = 550 genotypes)

Im Winterweizen dominierte zum ersten Boniturtermin (27.06.02) *S. avenae*, während am 2. Boniturtermin (03.07.02) mehr Herkünfte durch *R. padi* und *M. dirhodum* als durch *S. avenae* befallen waren (Abb. 1), jedoch die

Befallsstärke geringer war. Insgesamt wurden 15 Herkünfte selektiert, an denen der natürliche Blattlausbefall 2003 eingehender geprüft werden soll.

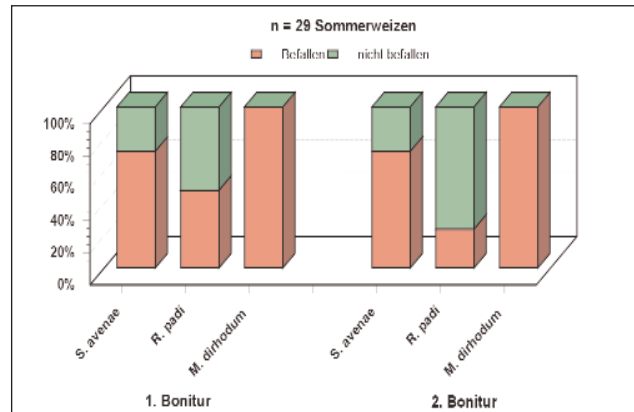


Abb. 2: Boniturergebnisse 2002 des Sommerweizensortimentes auf Befall durch die verschiedenen Getreideaphiden (n = 29 Genotypen)

Fig. 2: Scoring results of aphid infestation in spring wheat (n = 29 genotypes)

Im Sommerweizen waren zu beiden Bonituren alle Herkünfte durch *M. dirhodum* besiedelt. In beiden Bonituren wurden auf 8 der 29 Herkünfte (27,6 %) keine *S. avenae* gefunden. Der Anteil der durch *R. padi* besiedelten Herkünfte verringerte sich von 14 in der ersten Bonitur auf 8 in der 2. Bonitur (Abb. 2).

Abstract:

A collection of 550 genotypes of winter wheat and 29 of spring wheat was scored for aphid infestation. At the first scoring date 198 of the genotypes (36.0 %) tested were not infested by *S. avenae*, 368 (66.9 %) were not infested by *R. padi* and 412 genotypes were free of *M. dirhodum*. At the second scoring, the number of genotypes infested by *S. avenae* was lower, but higher for *R. padi* and *M. dirhodum*. In general infestation was lower at the second scoring date.

In spring wheat the number of genotypes infested by *S. avenae* was nearly the same at both scoring dates but infestation with *R. padi* was reduced on the second date. No infestation of *M. dirhodum* was observed.

In Zusammenarbeit mit IPK Gatersleben.

(BAZ-2331)

## 1.6 Evaluierung von *Brassicaceae* auf Resistenz gegen die Mehligke Kohlblattlaus (*Brevicoryne brassicae*) als Basis zur Nutzung blattlausresistenter Kohlsorten für den ökologischen Landbau

### Evaluation of *Brassicaceae* for resistance to the cabbage aphid (*Brevicoryne brassicae*) as the basis for the utilization of aphid resistant varieties for organic farming

Schliephake, E.

Zielsetzung/Aim:

Die Mehligke Kohlblattlaus (*Brevicoryne brassicae*) ist ein bedeutender Direktschädling des Kohls sowie anderer *Brassicaceae* im ökologischen Anbau. Durch den umfangreichen Rapsanbau in Deutschland erhöht sich der Befallsdruck auf den Gemüsekohl. Ziel des Projektes ist es, genetische Ressourcen, insbesondere aus der Brassica Core Collection, unter den Bedingungen eines ökologischen Anbaues auf Blattlausresistenz zu evaluieren.

The cabbage aphid (*Brevicoryne brassicae*) is an important pest of cabbage and other *Brassicaceae* in organic farming. The expansion of the cultivation of winter rape increases the infection pressure for cabbage. The aim of this project is to evaluate different genetic resources, mainly of the brassica core collection, for aphid resistance under eco-farming conditions.

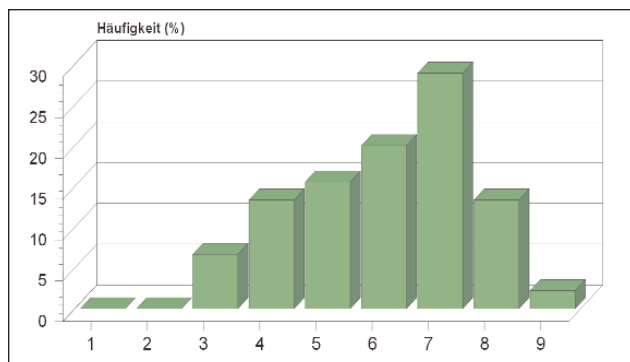


Abb. 1: Häufigkeitsverteilung der Boniturnoten in der Gewächshausprüfung von Brassica-Genotypen auf Resistenz gegen *B. brassicae*

Fig. 1: Distribution of the greenhouse screening of Brassica-genotypes for resistance to *B. brassicae*

Ergebnisse:

Im Gewächshaus wird mit künstlicher Besiedlung eine Vorselektion durchgeführt. Dazu werden Jungpflanzen mit *B. brassicae* besetzt und nach 2 Wochen die Blattlausvermehrung bonitiert. Von 45 geprüften Genotypen erwies sich keine als resistent und nur 20 % als mäßig anfällig (Abb. 1).

Im Freiland wurden 2 Versuche angelegt, ein Versuch im konventionell bewirtschafteten Versuchsfeld des Standortes Aschersleben und der gleiche Versuch auf dem ökologisch bewirtschafteten Bereich des Versuchsfeldes der Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau, Zentrum für Acker- und Pflanzenbau Bernburg. Die Versuche wurden als Blockversuche mit dreifacher Wiederholung für 8

ausgewählte Genotypen (einschl. Standard „Snowball“) angelegt und 5 mal in wöchentlichem Wechsel bonitiert. Der Blattlausbefall im Versuchsstandort Aschersleben (konventionell) war deutlich höher als am ökologisch bearbeiteten Standort Bernburg. Auf beiden Flächen zeigte keine der geprüften Formen einen deutlich geringeren Befall als die Standardsorte „Snowball“. Relativ zum Standard war die Reaktion der geprüften Sorten an den beiden Standorten nicht einheitlich (Abb. 2).

Tab. 1: Befall von Brassica-Genotypen durch *Brevicoryne brassicae* an den Versuchsstandorten Aschersleben (konventionell) und Bernburg (ökologisch)

Table 1: Infestation of Brassica-Genotypes by *Brevicoryne brassicae* at Aschersleben (conventional farming) and Bernburg (organic farming)

Genotyp	Aschersleben	Bernburg
CGN7007	4,2	0,8
HRI72388	5,0	0,9
K248	5,9	0,9
K253	4,7	1,0
K297	5,1	0,7
NGB527	3,4	1,0
NGB8673	4,8	1,1
STANDARD	3,0	0,6

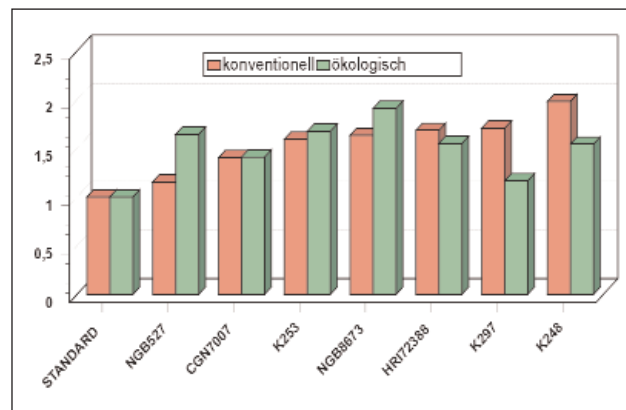


Abb. 2: Blattlausbefall (relativ zum Standard) von Brassica-Genotypen im Freiland unter konventionellen und ökologischen Anbaubedingungen

Fig. 2: Infestation of Brassica genotypes by the cabbage aphid in the field in conventional and organic farming conditions

Abstract

In prescreening of cabbage genotypes in the greenhouse for aphid resistance no genotype with complete resistance could be detected, but 20 % showed a moderate resistance. In field tests under conventional conditions a higher infestation by *B. brassicae* was observed than in organic farming conditions. No accession better than the standard variety was observed.

(BAZ-2319; gefördert durch Bundesprogramm ökologischer Landbau der BLE)

### 1.7 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.

##### Zielsetzung/Aim:

Um pflanzengenetische Ressourcen in der Resistenzzüchtung besser zu nutzen, soll ein Netzwerk zur Evaluierung von Getreide entwickelt werden. Hierzu gehört neben der Evaluierung von Weizen- und Gerstenformen an mehreren Standorten 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 schnellerer Zugang zu resistentem Material ermöglicht wird.

To support the use of plant genetic resources in resistance breeding a network for evaluation of cereals will be developed. For this purpose wheat and barley genotypes were evaluated in different locations, a standardized scoring system was 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.

##### Ergebnisse:

Winterweizen wurde an 23 Standorten angebaut und Wintergerste an 17 Standorten. Sommergerste wurde an 11 Standorten und Sommerweizen auf 7 Standorten evaluiert. Jedes Sortiment bestand aus in- und ausländischen Sorten, Zucht- und Genbankmaterial.

Das Winterweizensortiment enthielt 58 Genotypen mit Resistenz gegen *Fusarium* spp., 20 gegen *Puccinia striiformis*, 5 gegen *P. triticina*, 12 gegen *Blumeria graminis* f.sp. *tritici* und 5 gegen *Stagonospora nodorum*. Im Wintergerstensortiment lag der Schwerpunkt auf der Zwergrostresistenz mit 35 Genotypen; 26 Genotypen enthielten eine Resistenz gegen Mehltau, 12 Genotypen gegen *Pyrenophora teres*, 1 gegen *Rhynchosporium secalis*, 4 mit unspezifischer Resistenz (Genotypen wurden als allgemein gesund beschrieben) und 10 mit Virustoleranz (*Barley yellow dwarf virus*). Im Sommergerstenanbau wurden 47 Genotypen mit *P. hordei* Resistenz, 28 mit Resistenz gegen *R. secalis*, 11 gegen Mehltau und 8 gegen *P. teres* untersucht. Im Sommerweizensortiment lag der Schwerpunkt bei den Rostpilzen. Es wurden 13 Genotypen mit Gelbrostresistenz und 9 Genotypen mit Braunrostresistenz sowie 1 Genotyp mit Mehlauresistenz bewertet. Das Sortiment wurde durch Genotypen ohne genauere Angaben vervollständigt.

Die Anzahl der Orte, an denen die einzelnen Krankheiten auftraten, ist Tabelle 1 zu entnehmen.

Aus den erhobenen Daten konnten in allen Fällen Genotypen mit besserer Resistenz als der resistente Standard ermittelt werden.

Exemplarisch ist dies einmal für Sommergerste und Mehltau in Abb. 1 dargestellt. Von den insgesamt 100 angebauten Mustern waren 11 Genotypen besser als der resistente Standard ('Alexis'). Der anfällige Standard 'Prisma' wurde mit 4,8 bonitiert.

Um auf die Interessen der Züchter stärker im Projekt eingehen zu können, wurde eine Expertengruppe, bestehend aus Vertretern der Züchtungsbetriebe und Forschungseinrichtungen, ins Leben gerufen. Diese Gruppe wird sich zwei mal im Jahr treffen, um sich über das zu evaluierende Material auszutauschen und die zukünftigen Arbeiten abzustimmen.

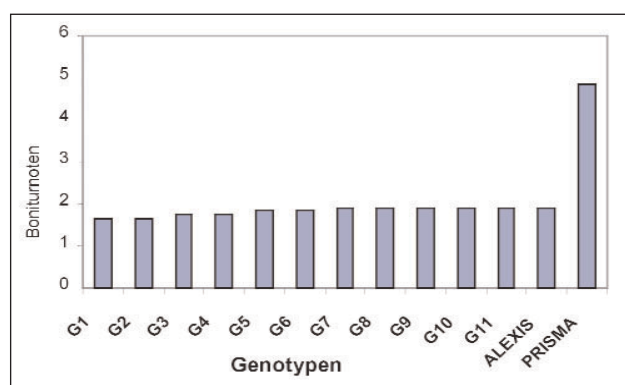


Abb. 1: Boniturnoten für verschiedene Sommergerstengenotypen auf Mehltaubefall im Feld im Jahr 2002 (resistenter Standard: 'Alexis', anfälliger Standard: 'Prisma')

Fig. 1: Mildew disease scores for different spring barley accessions in the field in the year 2002 (resistant cultivar: 'Alexis', susceptible cultivar: 'Prisma')

Das Informationsnetz im Internet wurde ausgebaut. Es soll zeitnah aktualisiert werden und gibt Auskunft über die Ergebnisse der letzten Jahre. Während der Projektphase stehen die Daten nur den beteiligten Partnern zur Verfügung, zeitlich verzögert dann auch der Öffentlichkeit.

##### Abstract:

The evaluation which started in 2001 was continued. The disease occurrence per location is shown in Table 1. In all analysed wheat and barley sets accessions with a better resistance in comparison to the resistant standard were identified (Fig. 1). To incorporate the breeders interest a group of experts was established meeting twice a year. The data management was enforced and in future not only the evaluation data should be in the internet database but also molecular data.

Tab. 1: Anzahl der Orte an denen die entsprechenden Krankheiten auftraten

Table 1: Number of sites where the diseases occurred

Kultur	Pathogen	Anzahl Orte
Winterweizen	<i>Fusarium</i> spp.	8
	<i>Drechslera tritici-repentis</i>	2
	<i>Septoria tritici</i>	15
	<i>Puccinia triticina</i>	16
	<i>Puccinia striiformis</i>	9
	<i>Blumeria graminis</i> f.sp. <i>tritici</i>	13
	<i>Stagonospora nodorum</i>	1
Sommergerste	<i>Pyrenophora teres</i>	5
	<i>Puccinia hordei</i>	6
	<i>Rhynchosporium secalis</i>	4
	<i>Blumeria graminis</i> f.sp. <i>hordei</i>	10
Sommerweizen	<i>Puccinia triticina</i>	2
	<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	1
	<i>Fusarium</i> spp.	1
	<i>Blumeria graminis</i> f.sp. <i>tritici</i>	3
	<i>Septoria tritici</i>	2
Wintergerste	<i>Pyrenophora teres</i>	7
	<i>Blumeria graminis</i> f.sp. <i>hordei</i>	8
	<i>Ramularia</i> spp.	1
	<i>Rhynchosporium secalis</i>	15
	<i>Puccinia hordei</i>	8

In Zusammenarbeit mit: ZADI, GFP.

(BAZ - 2308; gefördert durch das BMVEL)

### 1.8 Entwicklung ertragreicher Winterrapslinien mit stabiler Resistenz gegen das Wasserrübenvergilbungsvirus (*turnip yellows luteovirus*) für die Gewinnung nachwachsender Rohstoffe

**Development of winter oilseed rape with resistance fo TuJV (*turnip yellows luteovirus*) and good agronomic performance for the production of renewable resources**

Paetsch, C.

Zielstellung/Aim:

Alle aktuellen Winterrapsorten sind anfällig gegen das TuYV. Ziel des Projektes ist es, die Ertragsrelevanz des TuYV-Befalles zu ermitteln und die Vererbung der TuYV-Resistenz (Heritabilität, Dominanzverhältnisse) zu untersuchen. Es sollen Untersuchungen zur Expression der Virusresistenz in Abhängigkeit von dem Entwicklungsstadium und dem Pflanzenorgan durchgeführt werden. Anhand von Virusisolaten unterschiedlichen geographischen Ursprunges soll eine Pathotypen-Analyse hinsichtlich Aggressivität bzw. Virulenz vorgenommen werden.

All main oilseed winterrape cultivars are highly susceptible to TuYV. The aim of the project is to investigate the relevance of TuYV resistance for yield and to study the in-

heritance of TuYV resistance, i.e. heritability and dominance. The expression of the virus resistance will be examined in relation to the stage of development and the plant organ. An analysis of virus isolates from different geographical origin will be carried out in order to investigate aggressivity and virulence.

Ergebnisse:

Das Projekt wird in Kooperation mit 6 privaten Pflanzenzüchtungsfirmen durchgeführt. Zur Ermittlung der Ertragsrelevanz wurden an 11 Orten Feldversuche mit gleichem Versuchsaufbau angelegt (BAZ - einortig, 5 Züchtungsfirmen - je zweiortig). Der Versuch zielte darauf ab, den Ertrag von 4 anfälligen Standardsorten und 12 resistenten Zuchtlinien ohne und mit künstlicher TuYV-Infektion zu vergleichen. Eine Variante wurde zur Bekämpfung der Virusvektoren mit einem Insektizid behandelt. Die andere Variante wurde mit TuYV infizierten Blattläusen besiedelt.



Abb. 1: Symptome der TuYV-Infektion in einem Rapsbestand

Fig. 1: Symptoms of TuYV-infection in rape

Der Ertrag der anfälligen Standardsorten war bei der infizierten Variante im Mittel um 11,4 % niedriger als bei der Kontrolle. Der absolute Ertragsverlust betrug im Mittel 3,4 dt/ha ( Abb. 2).

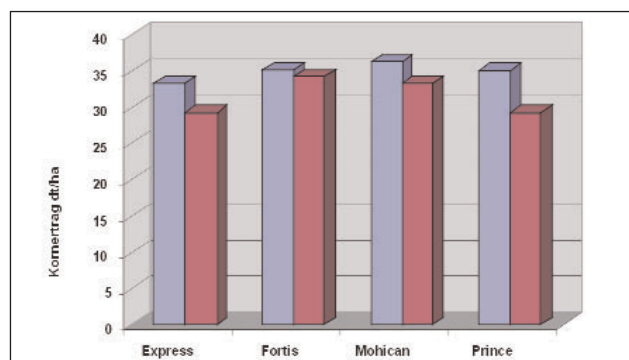


Abb. 2: Korntrag der Standardsorten (Mittel über 10 Orte) im Versuchsjahr 2001/2002, Vergleich Kontrolle - Infizierte Variante

Fig. 2: Grain yield of the check cultivars (average of 10 locations) in 2001/2002, comparison of control and infected variant

Das resistente Zuchtmaterial war an den meisten Standorten den Standardsorten im Ertrag unterlegen. Bei dem Teilversuch mit Vektorenbekämpfung durch Insektizid (Kontrolle) erreichte das resistente Zuchtmaterial im Mittel 76,4 % des Ertrages der Standardsorten. Dagegen wurde unter Virusbefall bei den resistenten Linien 87,4 % des Ertrages der Standardsorten erzielt. Bei den Standardsorten waren in der infizierten Variante die Virusgehalte hoch (mittlere Extinktion  $E_{405\text{ nm}} = 1,09$ ). Dies zeigt, dass die Infektion durch künstliche Blattlausbesiedelung an den meisten Standorten gelungen ist. Die resistenten Linien wiesen sowohl in der Kontrolle als auch in der Infektionsvariante niedrige Virusgehalte (mittlere Extinktion  $E_{405\text{ nm}} = 0,26$ ) auf.

Die Ergebnisse belegen, dass das TuYV deutliche Ertragsverluste verursacht. Die Zuchtlinien verfügen bereits über eine ertragswirksame Virusresistenz, reichen in den Leistungseigenschaften jedoch noch nicht an die Standardsorten heran.

Abstract:

The project is carried out in co-operation with 6 private breeding companies. Field tests with the same experimental design were carried out (BAZ - one location, 5 breeding companies - two locations). The aim of the trials was to compare yield of four susceptible check cultivars and twelve resistant breeding lines under no and forced TuYV-infection. One variant of the test was treated with an insecticide in order to control the aphid vectors. The other variant was inoculated with TuYV carrying aphids.

In the artificial virus infection variant the susceptible cultivars yielded 11.4 % less than in the sprayed variant. On average the absolute yield loss was to 3.4 dt/ha (Fig. 1). In most locations the resistant breeding material did not reach the yield of the susceptible winter rape cultivars. The resistant breeding material yielded on average 76.4 % in the sprayed variant and 87.4 % in the artificial inoculated variant in relation to the susceptible check cultivars.

The virus content was high in the infected variant (mean extinction  $E_{405\text{ nm}} = 1.09$ ). The infection was successful at most locations. The resistant breeding lines had low virus contents in both variants (mean extinction  $E_{405\text{ nm}} = 0.26$ ). The results show the considerable yield losses caused by TuYV. The breeding lines possess resistance with a clear effect on yield, but are up to now of inferior agronomic performance.

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:

Untersuchung der Resistenz der Sorten und Zuchtstämme von Winter- und Sommerweizen, Winter- und Sommertriticale, Hartweizen und Spelzweizen im Gewächshaus- und Feldversuch mit definierten Isolaten bzw. Isolatagemischen von *P. triticina*. Identifizierung von Resistenzgenen und Resistenztypen (Keimlings- und Altersresistenz).

Studies of the resistance of cultivars and breeding lines of winter and spring wheat, winter and spring triticale, durum wheat and spelt wheat in greenhouse and field trials using defined isolates and a mixture of virulent isolates of *P. triticina*, respectively. Identification of resistance genes and resistance types (seedling and adult plant resistance).

Ergebnisse:

Die Inokulation von Keimpflanzen wurde in einer Klimakammer mit 4 definierten Isolaten in 2 Wiederholungen bei kontrollierten Bedingungen (20 °C, 90 % rel. Luftfeuchte, 16 Stunden Licht) vorgenommen. Nach 8 Tagen wurde am 1. Blatt der Infektionstyp auf einer Skala von 0 bis 4 bonitiert, wobei 0-2- als resistent und 2-4 als anfällig gelten. Die differentielle Reaktion der Genotypen gegenüber verschiedenen Isolaten ermöglicht eine Identifizierung von Resistenzgenen.

Die Feldprüfung wurde als randomisierte Blockanlage mit 4 Wiederholungen angelegt. Im Feld erfolgte der Befall von Infektionsstreifen aus, die mit einem Gemisch aus virulenten Isolaten inokuliert wurden. Es wurden 4 Bonituren vorgenommen, bei denen als Befallskriterium der prozentuale Anteil der befallenen Blattfläche in der Parzelle geschätzt wurde. Mit den Daten lässt sich eine Befallsverlaufskurve darstellen. Die Fläche unter der Kurve stellt ein quantitatives Maß für die Befallsstärke eines Genotyps dar. Mit der SAS-Anwendung RESI werden die Prozentwerte statistisch verrechnet und in Boniturnwerte der Skala 1 bis 9 umgewandelt.

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. Von besonderer Bedeutung sind altersresistente Genotypen, wenn sie keine differentielle Reaktion gegenüber Isolaten im Keimlingstest zeigen und von allen einheitlich befallen werden.

Tab. 1: Unterteilung der Weizenotypen aus der Wertprüfung für das Bundessortenamt in drei auf Grund ihrer Keimlingsreaktion genetisch verschiedene Gruppen mit Altersresistenz gegen *P. triticina*  
 Table 1: Subdivision of cultivars with adult plant resistance tested for the Federal Office of Plant Varieties into three genetically different groups according to their reaction at the seedling stage with *P. triticina*

Gruppe	Feldprüfung mit Isolategemisch (Altersresistenz)	Gewächshausprüfung mit 4 Isolaten (Keimlingsresistenz)	Genotyp
1	Bonitur 1-4	resistent gegen alle Isolate	‘Reaper’, ‘Kris’, ‘Biscay’, ‘Centrum’, ‘Travix’, 19 Stämme
2	Bonitur 1-4	Genoty x Isolat-Interaktionen	‘Ramiro’, ‘Piko’, ‘Bold’, ‘Ranger’, 20 Stämme
3	Bonitur 1-4	anfällig gegen alle Isolate	‘Greif’, ‘Renan’, ‘Batis’, ‘Estica’, ‘Cardos’, ‘Habicht’, ‘Semper’, ‘Clever’, ‘Idol’, 13 Stämme, 1337 (Hartweizen)

### Winterweizen und Winterhartweizen

Insgesamt wurden 92 Sorten und 89 Stämme und 1 Winterhartweizen-Stamm geprüft. Nur die Resistenzgene *Lr3* bzw. *Lr3bg* (‘Ramiro’, ‘Mikon’, ‘Magnus’), *Lr3ka* (‘Mewa’, Stamm 2803), *Lr26* (‘Florida’, ‘Herzog’, ‘Toronto’, ‘Gorbi’, ‘Atlantis’, ‘Petrus’, ‘Previa’, ‘Certo’, Stämme 2797, 2952, 3044, 3075) und *Lr30* (Stämme 2925, 3015, 3080, 3130) konnten identifiziert werden. Diese Gene sind jedoch im Feld weitgehend unwirksam.

Als züchterisch interessant erweisen sich jene Genotypen, die Altersresistenz besitzen. Die genetische Grundlage dieser Resistenz lässt sich in drei Gruppen gliedern und ist, wie die Tabelle 1 zeigt, auf Grund ihrer Reaktion im Keimlingsstadium sehr unterschiedlich.

Die erste Gruppe beinhaltet Sorten, bei denen Resistenzefekte von Hauptgenen, wie z.B. *Lr9*, *Lr19*, *Lr24* oder *Lr38*, während der gesamten Vegetationszeit angenommen werden. Der Nachweis dieser Gene ist jedoch mit Differentialisolaten nicht möglich, da bislang keine Isolate mit den entsprechenden Virulenzgenen bekannt sind. Die Sorten der zweiten Gruppe haben zwar Altersresistenz, sie reagieren aber im Keimlingsstadium je nach Isolat unterschiedlich. Bei ihnen kann man davon ausgehen, dass sie spezifisch wirkende Hauptgene besitzen. Die altersresistenten Genotypen der Gruppe drei haben auf Grund ihrer Anfälligkeit im Gewächshaus eine unspezifische Reaktion gegenüber verschieden virulenter Isolaten und üben somit keinen Selektionsdruck auf die Erregerpopulation aus. Ihre unspezifische Altersresistenz wird deshalb als stabil und lang andauernd angesehen. Erst die Resistenzprüfungen der nächsten Jahre werden zeigen, ob diese Annahme richtig ist. Die Resistenzgrundlage dieses Resistenztyps kann sowohl mono- (z. B. *Lr13*, *Lr33* + *Lr34*, *Lr35*, *Lr37*) als auch polygenisch sein.

Für den Landwirt ist die Resistenz der Sorten unter Feldbedingungen besonders wichtig (Abb. 1). In 111 der bei der Wertprüfung angemeldeten Sorten und Stämme wurde keine Resistenz festgestellt. Damit besitzen 60 % der Wei-

zengentypen Bonituren zwischen 5 und 9 und haben einen unzureichenden genetischen Schutz gegen Braunrost. Im Vergleich zum Vorjahr hat sich diese Zahl um 10 % verringert und dürfte bei einer wahrscheinlich intensiveren Nutzung der Resistenzgene *Lr9*, *Lr19*, *Lr24* oder *Lr38* noch weiter zurückgehen, so dass der Anteil resistenter Sorten auf dem Markt zunimmt.

### Wintertriticale

Im Keimpflanzenstadium waren die insgesamt 34 Triticale-Genotypen gegenüber den vier Differentialisolaten ent-

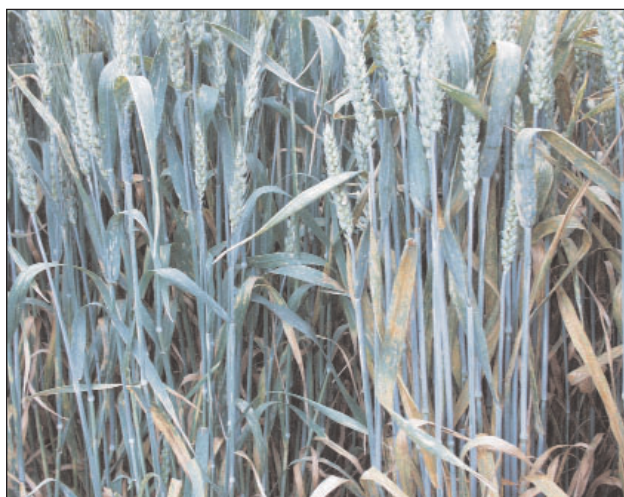


Abb. 1: Winterweizensorten mit und ohne Resistenz gegen *P. triticina*

Fig. 1: Winter wheat cultivars resistant and susceptible to *P. triticina*

weder anfällig (6) oder resistent (27), nur bei einem Stamm waren Wirt x Isolat-Interaktionen festzustellen. ‘Trimaran’ erwies sich mit der Boniturnote 4 im Feld als nur mäßig resistent. Alle anderen Sorten waren weniger befallen und variierten zwischen 1 und 3, dabei zeigten die im Gewächshaus anfälligen Genotypen auch im Feld die höchsten Bonituren. Wintertriticale erweist sich deshalb gegenüber *P. triticina* als insgesamt sehr widerstandsfähig.

Bei keinem Triticale-Genotyp konnte ein von Weizen bekanntes Resistenzgen nachgewiesen werden.

### **Winterspelzweizen**

In der Wertprüfung befanden sich 6 Sorten. Sie waren im Gewächshaus gegenüber allen Isolaten hoch anfällig. Im Feld lagen die Bonituren zwischen den Noten 6 und 7, also im anfälligen Bereich. Es ist deshalb anzunehmen, dass im Spelzweizensortiment keine oder nur mäßig wirksame Resistenzgene vorhanden sind.

### **Sommerweizen und Sommerhartweizen**

Für die Wertprüfung standen 16 Sorten, 12 Stämme und 3 Hartweizensorten zur Verfügung. Beim Sommerweizen erwiesen sich 22 Genotypen im Gewächshaus gegenüber allen Isolaten als anfällig, 6 waren dagegen einheitlich resistent, so dass keine Genotyp x Isolat-Interaktionen auftraten. Befallsfreiheit im Gewächshaus war kombiniert mit Resistenz im Feld, die Noten variierten zwischen 1 und 3. Die anderen 22 (79 %) Sommerweizen waren mehr oder weniger anfällig (5 - 7). Über die Genetik der Resistenz lassen sich keine eindeutigen Aussagen treffen. Die Resistenzsituation ist deshalb bei Sommerweizen wesentlich ungünstiger als bei Winterweizen einzuschätzen. Die drei Sommerhartweizen-Sorten 'Megadur', 'Durafit' und 'Durabon' waren resistent gegen alle Isolate und erwiesen sich auch im Feld als sehr widerstandsfähig (Bonitur 2).

### **Sommertriticale**

Bei Sommertriticale wurden 2 Sorten und 4 Stämme geprüft. Die beiden Sorten 'Gabo' und 'Logo' wurden im Gewächshaus von allen Isolaten befallen, im Feld zeigten sie jedoch hohe und mittlere Resistenz (2 und 3). Die Stämme reagierten im Gewächshaus unterschiedlich: 3 waren einheitlich befallen, der vierte war gegen alle Isolate resistent. Ihre Resistenz im Feld schwankte zwischen den Bonituren 2 und 6.

#### **Abstract:**

Altogether 181 genotypes of winter wheat, 1 strain of winter durum wheat, 34 of winter triticale, 6 of winter spelt wheat, 28 of spring wheat, 6 of spring triticale and 3 of spring durum wheat were tested for their resistance to *P. triticina*. The test in the seedling stage was performed with 4 defined isolates to study differential host x pathogen interactions and to identify resistance genes. The field test provided information about the resistance reaction at the adult stage.

In winter wheat the resistance genes *Lr3*, *Lr3bg*, *Lr3ka*, *Lr26*, and *Lr30* which are not effective any more could be identified. There is an increasing frequency of genotypes with complete resistance at the seedling and adult stage probably carrying the genes *Lr9*, *Lr19*, *Lr24* or *Lr38*. Unspecific adult plant resistance was found in 23 genotypes. Another 48 genotypes showed also resistance in the field which was due to specific major genes.

In spring wheat 22 genotypes were susceptible both at the seedling and adult stage, only 6 had a high level of resistance (score 1 to 3).

Almost all cultivars and strains of winter triticale were completely resistant in the greenhouse and in the field. In spring triticale the six genotypes tested had scores in the field between 2 and 6.

Spelt wheat proved to be susceptible at the seedling and adult stage and is assumed to carry no resistance genes. In spring durum wheat all 3 cultivars showed a high level of resistance (score 2), the winter durum strain had a score of 4.

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. spelta*)**

**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:**

Selektion von Einkorn-Linien mit prähaustorieller Resistenz, von Emmer-Linien mit unspezifischer partieller Resistenz und von Dinkel-Linien mit unterschiedlich wirkender Resistenz. Resistente Genotypen werden genetisch analysiert, damit sie als Eltern in der Resistenzzüchtung verwendet werden können.

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 are analysed genetically in order to be used as parents for resistance breeding.

#### **Ergebnisse:**

##### **Einkorn (*T. monococcum*)**

Genotypen aus den Genbanken der BAZ Braunschweig und des IPK Gatersleben und verschiedener anderer Herkünfte (insgesamt 436 Nummern) wurden im Feld in zweireihigen Parzellen ohne Wiederholung angebaut und über Infektionsstreifen mit Braunrost (*Puccinia triticina*) künstlich inokuliert. Nach der Blüte erfolgte eine Beurteilung der Parzellen auf Homogenität des Bestandes und auf Braunrostbefall. Alle Akzessionen erwiesen sich nicht nur als völlig resistent gegen diese Krankheit sondern auch gegen andere Blattkrankheiten wie Mehltau und Gelbrost. Es konnten jedoch auf den Blättern der Genotypen unterschiedlich stark ausgebildete Abwehrreaktionen in Form von Nekrosen und Chlorosen festgestellt werden, deren Ausprägung von sehr stark bis zu fehlend reichte. Es traten auch Genotypen auf, die trotz eines hohen Infektionsdruckes mit *P. triticina* völlig befallsfrei und ohne Symptome blieben (Abb. 1). Vor allem diese Genotypen, aber auch zum Vergleich ausgewählte unterschiedlich stark nekro-



tisch und chlorotisch gezeichnete Nummern wurden für weitere Untersuchungen ausgewählt. Die Blattflecken sind bedingt durch Hypersensitivitätsreaktionen, die entstehen, wenn der Pilz in Pflanzenzellen Haustorien bildet und die Zellen danach absterben.

Bei ca. 40 % der Genbank-Akzessionen wurden heterogene Bestände beobachtet. Die Ernte erfolgte deshalb als Einzelpflanzen, so dass im Jahr 2003 von den selektierten Genotypen jeweils bis zu zehn Einzelpflanzen-Nachkommenschaften im Freilandversuch stehen. Neben einer Bereinigung der Genbankherkünfte wird damit auch eine sichere Aussage über den Wert der Genotypen erreicht.



Abb. 1: Einkorn-Linien (*T. monococcum*) mit ausgeprägter prähaustorieller Resistenz (links) und mit starken Hypersensitivitätsreaktionen (rechts)

Fig. 1: Lines of Einkorn wheat (*T. monococcum*) with distinct prehaustorial resistance (left) and with intense hypersensitivity reactions (right)

repräsentieren die bis jetzt ermittelte Gesamtbreite der Variation. Es zeigte sich, dass die Anzahl der HMZ korreliert ist ( $r = 0,69^{**}$  und  $r = 0,71^{**}$ ) mit der Anzahl der Haustorien und der Stärke der Hypersensitivitätsreaktionen auf den Blättern. Falls sich nach Abschluss der umfangreichen Untersuchungen diese Beziehungen bestätigen, werden für weitere Selektionen nur die Merkmale „Intensität der Blattsymptome“ bzw. „Anzahl der HMZ“ herangezogen, da sie am einfachsten bestimmt werden können.

#### Emmer (*T. dicoccon*)

Emmer wurde ebenfalls im Feld in Parzellen mit künstlicher Inokulation angebaut. Bei allen Genotypen (184 Nummern aus den Genbanken und anderen Quellen) wurde nach der Blüte und vor der Reife die Stärke des Braunrostbefalls bonitiert. Als partiell resistent und mit langer Latenzzeit zeichneten sich zwölf Akzessionen aus. Von ihnen wurden Einzelpflanzen geerntet, die im kommenden

Die Genotypen ohne und mit Befallssymptomen wurden im Labor nach unterschiedlichen Färbemethoden mikroskopisch auf prähaustorielle Resistenz untersucht. Bis jetzt sind 34 Genotypen mit Hilfe der Fluoreszenzmikroskopie analysiert worden. Die in Tabelle 1 angegebenen Mittelwerte beziehen sich auf die Untersuchung von 2 Pflanzen pro Genotyp mit je 2 Blattsegmenten, auf denen an 10 Infektionsstellen die Anzahl der Haustorienmutterzellen (HMZ) ausgezählt wurde. Die in der Tabelle gezeigten Daten

Tab. 1: Charakterisierung ausgewählter Einkornlinien (*T. monococcum*) mit unterschiedlicher Anzahl von Haustorienmutterzellen (HMZ) nach der Infektion mit *P. triticina*

Table 1: Characterization of selected genotypes of *T. monococcum* with different numbers of haustorial mother cells (HMZ) after infection with *P. triticina*

Akzessions-Nr.	Mittlere Zahl der HMZ	Vorkommen von Haustorien	Blattflecken an adulten Pflanzen
36581	9,9	häufig	stark
7042	8,6	häufig	stark
7043	7,1	häufig	stark
36577	6,2	häufig	mittel
7040	5,5	mittel	mittel
15933	4,4	mittel	schwach
7041	2,9	selten	schwach
36558	0,6	keine	kaum
36556	0,1	keine	keine

Jahr für eine Nachkommenschaftsprüfung verwendet werden. Die selektierten Genotypen werden zur Zeit im Gewächshaus auf ihre Reaktion mit einzelnen Isolaten von *P. triticina* getestet. Insbesondere Genotypen, die partielle Resistenz mit unspezifischer Reaktion gegen Braunrost verbinden, sind für die Resistenzzüchtung geeignet.

#### Dinkel (*T. spelta*)

Alle 189 Akzessionen, die aus den Genbanken und von Züchtern zur Verfügung standen, erwiesen sich sowohl im Feld- als auch im Gewächshausversuch als anfällig gegenüber *P. triticina*. Die Suche nach resistenten Genotypen wird deshalb im folgenden Jahr durch die Evaluierung weiterer Herkünfte fortgesetzt.

#### Abstract:

In field experiments accessions of *T. monococcum* were selected that show hypersensitive reactions at a different degree after artificial inoculation with *P. triticina*. Some of the accessions had no symptoms at all. Selected genotypes were studied microscopically to determine the number of haustorial mother cells and haustoria as indications of prehaustorial resistance. A significant correlation of the number of HMZ with the number of haustoria and the degree of leaf flecking was observed. Accessions of *T. dicoccon* were selected in the field for partial resistance. In the greenhouse the genotypes with a high level of resistance are tested with different isolates of *P. triticina*. Only those that combine both unspecific reaction and partial resistance will be used in resistance breeding. Up to now, no genotypes of *T. spelta* resistant to *P. triticina* could be detected.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hohenheim, Landes-saatzuchtanstalt, Dr. C.I. Kling.

(BAZ-2306)

### 2.3 Virulenzanalyse und Selektion resistenten Ausgangsmaterials bei der Wirt/Pathogenkombination Gerste/*Puccinia hordei*

#### Analysis of virulences and selection of resistant genotypes in the host/pathogen combination barley/*Puccinia hordei*

Kopahnke, D.

##### Zielstellung/Aim:

Beobachtung der Entwicklung der Zwergrostpopulationen in Deutschland und den Nachbarstaaten einschließlich der Bestimmung der Virulenzgene bzw. ihrer Kombinationen als Grundlage einer gezielten Resistenzzüchtung; Selektion definierten Ausgangsmaterials mit vertikaler und partieller Zwergrostresistenz; Entwicklung von Selektionsmethoden.

Determination of the development of leaf rust populations on barley in Germany and neighbouring countries as well as determination of virulence genes and their combinations, selection of breeding material with quantitative and qualitative resistance, development of selection methods.

##### Ergebnisse:

##### Virulenzgenanalyse

In enger Zusammenarbeit mit den Prüfstationen des Bundessortenamtes und den Züchtungsfirmen wurden Proben von anfälligen Sorten und von solchen mit definierten Resistenzgenen genommen und ausgewertet. Generell erfolgte eine Zwischenvermehrung der eingesandten Proben auf der anfälligen Sorte 'Großklappige'.

Die Qualität der Blattproben war in diesem Jahr gut, so dass 43 Populationen, die von Winter- und Sommergersten vorwiegend aus Nord- und Mitteldeutschland stammten, auf dem Differentialsortiment bestimmt werden konnten. Von 14 Zwergrostpopulationen werden Einzelpustellinien hergestellt und analysiert. Die Untersuchungen sind noch nicht abgeschlossen. Folgende Virulenzgene wurden mit nachstehendem Anteil bestimmt (Note 3 und 4 auf der jeweiligen Differentialsorte):

80-100 %	<i>Rph1, Rph2, Rph3, Rph4, Rph2+Rph6, Rph9, Rph12</i> ('Trumpf') für die Testsorten HOR 500-1, 'Lada'
68 %	<i>Rph2 + 5</i>
4 %	HOR 1132-sel.
0 %	<i>Rph7</i>

Analog zu den Vorjahren war die Komplexität der Virulenz der Isolate in Deutschland hoch. Die Isolate 717677 (180) und 757677 haben komplexe Virulenz gegen *Rph* 1, 2, 3, 4, 2 + 6, 8, 9, HOR 500-1, 'Trumpf' und 'Lada' und hatten in allen Regionen einen Anteil von über 70 % an der Gesamtpopulation.

Die Virulenzen für die Resistenzgene *Rph1, Rph2, Rph4, Rph2 + Rph6, Rph8* waren in den vergangenen 25 Jahren immer mit sehr hohem Prozentsatz in der Erregerpopulation vertreten. Die Zunahme der Virulenz für *Rph2 + 5* in den vergangenen Jahren hat sich bestätigt. Rund 70 % der Isolate verfügen über diese Virulenz. Die Virulenz für Hor

1032 sel., die europaweit in den vergangenen Jahren durchschnittlich 5 % betrug, im Jahr 2000 mit einem Anteil von 18 % in den deutschen Isolaten nachgewiesen werden konnte, hat auch 2002 einen Anteil von 14 %. Es ist weiter zu beobachten, ob sich diese Virulenz in der Pathogenpopulation auch in den Folgejahren stabilisiert oder ob es sich um einen witterungsbedingten Anstieg der Virulenz gehandelt hat.

In Europa ist das Resistenzgen *Rph7* weiterhin wirksam. Es ist jedoch in den letzten 3 Jahren zu beobachten, dass immer häufiger Sorten mit dem Gen *Rph7* Befall aufwiesen. Die Isolate mit Virulenz für *Rph7* sind jedoch nicht stabil und können nach einer Zwischenvermehrung die resistenten Sorten unter klimatisierten Bedingungen (20 °C) nicht befallen.

##### Resistenzevaluierung

Für die Wirt/Pathogenkombination Gerste/Zwergrost wurden 33 Winter- und 46 Sommergerstenakzessionen getestet, die aus der Core Collection (EU-Projekt) stammen und auf quantitative Resistenz selektiert wurden. 2 Sommergerstenakzessionen blieben befallsfrei und 3 Akzessionen hatten einen Endbefall von 1 %. Diese Genotypen sind möglicherweise als Resistenzdonoren interessant und werden weiter getestet.

##### Abstract:

43 leaf rust populations of *Puccinia hordei* were determined on the differential set:

80-100 %	<i>Rph1, Rph2, Rph3, Rph4, Rph2+Rph6, Rph8, Rph9, Rph12</i> ('Trumpf') for differentials HOR 500-1, 'Lada'
68 %	<i>Rph2 + 5</i>
14 %	HOR 1132-sel.
0 %	<i>Rph7</i>

The highly virulent isolate 717677 was found in the populations with a frequency of 80-100 %. In general the *Rph7* gene was still effective. 33 lines of winter and 46 lines of spring barley were tested for quantitative resistance.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, A. Graner; Bundessortenamt Hannover, Rentel; Züchtungsfirmen der GFP.

(BAZ-2302; BAZ-2307)

## 2.4 Charakterisierung der Resistenz im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes für die Wirt/Pathogenkombinationen Winter- und Sommergerste/*Puccinia hordei*

### Determination of resistance in official seed trials carried out for the Bundessortenamt (Federal Office of Plant Varieties) for the host/pathogen combinations winter and spring barley/*Puccinia hordei*

Kopahnke, D.

Zielstellung/Aim:

Charakterisierung von Sorten und Zuchtmaterial auf vertikale und partielle Resistenz gegen *Puccinia hordei* (Winter- und Sommergerste) im Rahmen der Prüfungen zur Sortenzulassung; Aussagen zu Resistenzgenen und zum -typ (Keimpflanzen-, „adult-plant“- und quantitative Resistenz), Erfassung von epidemiologisch bedeutsamen Sortenmerkmalen.

Characterization of cultivars and breeding material for resistance to *P. hordei* (winter- and spring barley) in the frame of cultivar registration; determination of resistance genes and resistance types (seedling resistance, adult plant resistance, quantitative resistance), evaluation of epidemiological characteristics of cultivars.

Ergebnisse:

Die Bestimmung der vertikalen Resistenz erfolgte durch Keimpflanzenprüfung mit definierten Erregerisolaten (6 Isolate) unter streng kontrollierten Umweltbedingungen (20 °C, 16 Stunden Licht) in Klimakammern.

Die Feldprüfungen wurden als voll randomisierte Blockanlage in 4 Wiederholungen bei künstlicher Infektion mit einem hochvirulenten Isolat (virulent für alle bekannten Resistenzgene außer *Rph7*, *Rph2+5*, HOR 1132-sel.) durchgeführt. Ermittelt wurden eine Boniturnote aus der Fläche unter der Befallsverlaufskurve (AUDPC) und die Latenzperiode (Tage später befallen als der anfällige Standard). Die Verrechnung erfolgte mit dem Programm „RE-SI“. Als Vergleiche dienten Sorten mit einem gut definierten Resistenzniveau (Sommergerste) bzw. das Sortimentmittel und anfälliger Standard (Wintergerste).

Auf Resistenz gegen Zwergrost (*P. hordei*) wurden 156 Winter- und 80 Sommergersten untersucht. Der Gerstenzwergrost entwickelte sich auf der Winter- sowie auf der Sommergerste nicht optimal, so dass die Abreife der Gerste relativ schnell einsetzte und nur 4 Bonituren zuließ. Die Befallsbonitur wurde wie schon in den vergangenen 3 Jahren durch ein starkes Auftreten physiologischer Blattflecken erschwert.

### Wintergerste

In der Mehrzahl der Wintergersten wurde keine wirksame vertikale Resistenz gefunden. Folgende Resistenzgene konnten bestimmt werden:

- **Rph1**: ‘Alpaca’, ‘Theresa’, ‘Julia’,
- **Rph2**: ‘Astrid’, ‘Angora’, ‘Hanna’, ‘Labea’, ‘Duet’, ‘Regina’, ‘Tiffany’, ‘Svenja’, ‘Cordoba’, ‘Uschi’, ‘Ni-

kel’, ‘Gamelan’, ‘Cabrio’, ‘Camera’, ‘Angela’, ‘Sarah’, ‘Carola’, ‘Nelly’, ‘Tilia’, ‘Tessy’, ‘Ludmilla’, ‘Cleopatra’, ‘Franziska’, ‘Millie’, ‘Vanessa’, ‘Tafeno’, ‘Alissa’, ‘Isolde’, ‘Leonie’, ‘Edda’, ‘Nicola’, ‘Kreta’, ‘Madou’, ‘Barcelona’ und 67 Stämme

- **Rph1 + Rph2**: ‘Candessa’ und ein Stamm

Diese Gene sind für die meisten zur Zeit nachgewiesenen Pathogenisolate nicht effektiv. Im Feldversuch wurde die Boniturnote aus der AUDPC von 4 Bonituren vom 22.05.-18.06.02 errechnet. Das Sortimentmittel lag bei der Boniturnote 4 (entspricht der Sorte ‘Edda’). Die Resistenz von 6 Sorten sowie von 32 Stämmen war signifikant besser als das Sortimentmittel.

### Sommergerste

Für die Sommergerstensorten bzw. -stämme wurden mittels Keimpflanzenprüfung folgende Resistenzgene bestimmt:

- **Rph1**: ‘Viskosa’ und 1 Stamm
- **Rph3**: ‘Steffi’, ‘Prolog’ und 6 Stämme
- **Rph7**: ‘Hanka’, ‘Jacinta’?
- **Rph12**: ‘Alexis’, ‘Brenda’, ‘Maresi’, ‘Krona’, ‘Thuringia’, ‘Sigrid’, ‘Madonna’, ‘Pasadena’, ‘Ria’, ‘Madeira’, ‘Chantal’, ‘Saloon’, ‘Pewter’, ‘Prestige’ und 16 Stämme
- **Rph3 + Rph12**: ‘Meltan’, ‘Scarlett’, ‘Madras’, ‘Barke’, ‘Havanna’, ‘Birte’ und 5 Stämme

Diese vertikalen Gene mit Ausnahme von *Rph7* werden von allen Isolaten überwunden. Die Sorte ‘Hanka’ zeigt wie die Sorte ‘Jacinta’ als Keimpflanze gegen alle Isolate eine vollwirksame Resistenz, beide bleiben aber im Feld nicht befallsfrei. Bei Eintritt der Reife treten kleine Pusteln auf. Es ist bekannt, dass das Gen *Rph7* temperaturlabil ist und es zur Pustelbildung auf den Pflanzen kommen kann. Es konnte in der Pathogenpopulation jedoch keine Virulenz für dieses Gen nachgewiesen werden. Für ‘Hanka’ kann aufgrund ihrer Abstammung *Rph7* angenommen werden.

Das Niveau der quantitativen Resistenz ist bei den Sommergersten relativ hoch, welches unter anderem an einer langen Latenzperiode erkennbar ist. Alle Sorten und Stämme waren signifikant besser als der anfällige Standard. Die Sorten ‘Apex’, ‘Alexis’, ‘Baronesse’, ‘Steffi’, ‘Otis’, ‘Chariot’, ‘Charlotte’, ‘Viskosa’, ‘Neruda’, ‘Danuta’, ‘Saloon’, ‘Prestige’ und 11 Stämme waren signifikant schlechter als ‘Vada’ (feldresistenter Standard).

Abstract:

Characterization of cultivars and breeding material for resistance to *Puccinia hordei* (winter and spring barley) was carried out in the frame of official seed testing of the Bundessortenamt. 156 winter- and 80 spring barley cultivars or lines were tested with 6 well characterized isolates of *P. hordei* in the seedling stage and in the nursery by means of artificial infection. Most of the winter barley lines do not possess vertical resistance, in 3 cultivars the *Rph1* gene and in 101 cultivars *Rph2* was detected. In spring barley lines *Rph1*, *Rph2* but most frequently ‘Trumpf’-resistance,

the gene *Rph3* and the combined resistance ‘Trumpf’ + *Rph3* were detected. In the field trials the Area Under the Disease Progress Curve (AUDPC) was determined. The best cultivar was ‘Meltan’.

In Zusammenarbeit mit: BBA, Braunschweig, G. Bartels; Bundessortenamt, Hannover, Rentel.

(BAZ-2319)

### 3. Bakterien Bacteria

#### 3.1 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.; Fischer, C.

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.

Apple cultivars and -breeding lines with resistance to fire blight (*Erwinia amylovora*) are selected. Isolates of *E. amylovora* from different regions are collected and tested for their virulence each year. A mixture of highly virulent strains will be used for the resistance evaluation. After shoot infection in the glasshouse resistant plants are selected. The blossom susceptibility is tested in the field.

Ergebnisse:

Im Jahre 2002 sind in einer Virulenzanalyse 52 *Erwinia amylovora*-Isolate im Vergleich zu den drei im vorangegangenen Jahr zur Resistenzevaluierung eingesetzten Stämmen getestet worden (Abb. 1).

Als virulenteste wurden die Isolate 562 (Cydonia) aus Baden-Württemberg, 584 (Cydonia) aus Bayern und 595 (Malus) aus der Schweiz ausgewählt. Der Stamm 584 erreichte an ‘Idared’ (anfälliger Standard in der Resistenzprüfung) und am Zuchtstamm 181 (resistenter Standard) einen Triebbefall von 97,6 bzw. 37,6 % und an der Sorte ‘Prima’ von allen geprüften Stämmen mit 91,5 % den höchsten Wert. Den stärksten Befall am Zuchtstamm 181 verursachte das Isolat 595 mit 49,1 %, das bei ‘Idared’ die Triebe vollständig befiel und an ‘Prima’ 70,6 % der Trieb-längen zum Absterben brachte.

Die drei Stämme wurden für die Resistenzprüfungen getrennt angezogen, die Keimdichten jeweils auf  $1 \times 10^9$  Zellen/ml eingestellt und anschließend zu gleichen Teilen ge-



Abb. 1: Virulenzanalyse von *Erwinia amylovora*-Stämmen an drei Apfelsorten

Fig. 1: Virulence test of *Erwinia amylovora* strains on three apple cultivars

mischt. Als Gemisch inokuliert (Abb. 2), war ihre Virulenz reduziert. Ca. 71 % Befall wurde an ‘Idared’ erreicht, 32 % an ‘Prima’ und 9 % am Zuchtstamm 181. Die Verwendung eines Stammgemisches stellt jedoch einen geeigneten Kompromiss dar, um nicht jede Sorte oder jeden Zuchtstamm mit jedem *Erwinia*- Isolat testen zu müssen.



Abb. 2: Inokulation von *E. amylovora* in wachsende Triebe mittels kontaminierter Schere

Fig. 2: Inoculation of *E. amylovora* into growing shoots by using contaminated scissors

Im Rahmen der Resistenzevaluierung wurden neben den Standardsorten 167 Apfelsorten und -zuchtstämme geprüft. Die Wildformen *Malus baccata*, *Malus floribunda*, *M. fusca* und *M. robusta* erwiesen sich als sehr widerstandsfähig gegenüber *E. amylovora*. *M. baccata* blieb dabei völlig befallsfrei. Der Feuerbranderreger konnte in den Triebspitzen nicht nachgewiesen werden. Bei *M. floribunda* und *M. fusca* gelang es in wenigen Fällen lebende Zellen des Erregers im Trieb nachzuweisen, obwohl nur das inokulierte Blatt nekrotisiert war.

Auch die Sorten 'Enterprise', 'Florina', 'Liberty', 'Nabella', 'Reanda', 'Regine', 'Remo', 'Rene', 'Resi', 'Retina', 'Rewena' und 'Selena' bestätigten ihre Feuerbrandresistenz.

'Pinova' als hochwertiger Tafelapfel zeigte einen Triebbefall von 37 %. Die Sorte 'Topaz', deren Anbau gegenwärtig sehr stark forciert wird, war mit 60 % Befall nur knapp besser als der anfällige Standard 'Idared'. Von den untersuchten Zuchtstämmen erwiesen sich 54 als resistent (Abb. 3).

Bei der Testung der Blütenanfälligkeit von Apfelgehölzen mit einem lokalen *E. amylovora*-Isolat im Freiland traten durch sehr ungünstige Witterungsbedingungen zur Blütezeit keine Infektionen auf.



Abb. 3: Resistenter Zuchtstamm neben anfälligem Standard 'Idared'

Fig. 3: Resistant breeding line and susceptible standard cultivar 'Idared'

Dem Institut für biologischen Pflanzenschutz der BBA, der Landesanstalt für Pflanzenschutz Stuttgart, der Landesanstalt für Pflanzenbau und Pflanzenschutz in Mainz und der TU München sind für Bekämpfungsversuche hochvirulente *Erwinia*-Stämme zur Verfügung gestellt worden.

Abstract:  
52 new *Erwinia amylovora* isolates were tested in a virulence test in comparison to 3 strains used for resist-

ance evaluations in the last year. The isolates 562 from Baden-Württemberg (isolated from *Cydonia*), 584 from Bavaria (*Cydonia*) and 595 from Switzerland (*Malus*) were selected for the inoculum mixture. 169 advanced selections, wild species and cultivars were tested in 2002. The wild species *Malus baccata*, *M. floribunda*, *M. fusca*, *M. robusta* were highly resistant to fire blight. In spite of high virulence of the used *E. amylovora* strains the cultivars 'Enterprise', 'Florina', 'Liberty', 'Nabella', 'Reanda', 'Regine', 'Remo', 'Rene', 'Resi', 'Retina', 'Rewena' and 'Selena' confirmed their high fire blight resistance. 54 of the tested advanced selections were resistant.

(BAZ-2323)

### 3.2 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 ist es, *Pelargonium*-Genotypen mit Resistenz gegen *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (Xhp) zu finden, als Basis für die Züchtung resistenter Kulturpelargonien. Für diese Arbeiten wird das Wildartensortiment der *Pelargonium*-Genbank Elsner pac Jungpflanzen Dresden genutzt.

The aim of this project is to find *Pelargonium* genotypes with resistance to *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (Xhp) being the basis for breeding resistant cultivars. For these investigations we used *Pelargonium* species of the genebank Elsner pac Jungpflanzen Dresden.

Ergebnisse:

Die *Xanthomonas hortorum*-Stammsammlung des Institutes für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben wurde durch neue Isolate ergänzt und umfasst jetzt 86 Stämme. Aufgrund der großen Anzahl musste die Virulenzanalyse an der Sorte 'Bergpalais' in der Klimazelle in mehreren Durchgängen erfolgen. Als Ergebnis sind sieben hoch virulente *X. hortorum* pv. *pelargonii*-Stämme für Resistenzvaluierungen ausgewählt worden, die als Gemisch inokuliert wurden (Abb. 1).



Abb. 1: Virulenzanalyse bei *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*: links hoch virulenter Stamm

Fig. 1: Virulence test in *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*: left: high virulent strain

Im Ergebnis erster Resistenzprüfungen musste die Methode der Erregerinokulation bei einigen Sorten modifiziert werden, um sicher zu stellen, dass die Bakteriensuspension nicht an dünnen Trieben bei der Inokulation herunterläuft und die Bakterien tatsächlich in das Pflanzengewebe gelangen.

Durch die Ermittlung der Bakterienausbreitung in den Testpflanzen soll geklärt werden, ob symptomlose Pflanzen resistent oder tolerant gegenüber der Bakteriellen Pelargonienwelke sind. Zur Aufarbeitung des Pflanzenmaterials wurden Triebstücke gequetscht, der gewonnene Pflanzensaft verdünnt und auf speziellen Selektiv-Nährböden ausplattiert. Dabei hat es sich gezeigt, dass die Agarplatten sehr stark mit Fremdkeimen bewachsen waren.

Erst durch die Verwendung eines an Streptomycin adaptierten Xhp-Stammes konnte der Erreger sicher und schnell im Pflanzengewebe festgestellt werden. Durch den Zusatz des Antibiotikums im Nährboden wurden andere Bakterien und Pilze wirksam unterdrückt.

Abstract:

As the result of a virulence test seven strains of *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* were selected for the inoculum mixture in resistance tests. Plants without symptoms were examined for living bacteria inside the shoots. Only by using a streptomycin resistant strain and antibiotic containing medium it was possible to control other bacteria and fungi on the medium and to detect Xhp in the plant sap.

In Zusammenarbeit mit Elsner pac Jungpflanzen, K. Olbricht; M. Kadolsky.

(BAZ-2328; gefördert durch das Sächsische Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft)

#### 4. Molekulare Markeranalyse Molecular Marker Analysis

##### 4.1 Molekulargenetische Charakterisierung von Krankheitsresistenzen bei Kultur- und Wildgersten

**Molecular genetic characterization of disease resistance in cultivated and wild barley**

Krämer, I.; Proeseler, G.; Habekuß, A.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Vorhabens ist es, für die Arbeiten zur klassisch genetischen Analyse und phänotypischen Charakterisierung von Genbankmaterial der Kultur- und Wildgersten auf Resistenz gegen wirtschaftlich wichtige Schaderreger in zunehmendem 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.

In addition to the classical genetic analysis of cultivated and wild barley for resistance to important pathogens this projects aims at the incorporation of molecular techniques in this process. Investigations include the identification, localization and mapping of new resistance genes to viruses and fungi.

Ergebnisse:

Grundlage der bisherigen Untersuchungen bildeten die aus über 2000 Herkünften der Wintergerstenkollektion der Genbank Gatersleben selektierten Genotypen mit vollständiger Resistenz gegenüber den Mosaikviren (BaMMV, BaYMV-1, BaYMV-2). Für klassisch- sowie molekular-genetische Untersuchungen konnten DH-Linien-Populationen verwendet werden, die aus Kreuzungen resistenter Gersten mit anfälligen Genotypen erstellt wurden. Zur Kartierung der neuen Resistenzgene wurden Mikrosatelliten- und AFLP-Analysen eingesetzt.

Anhand von Vererbungsanalysen in der doppelhaploiden Nachkommenschaft aus einer Kreuzung mit der gelbmosaikresistenten HHOR 4224 konnte die Wirkung von zwei Resistenzgenen nachgewiesen werden. Eines der Resistenzgene dieser japanischen Gerstenakzession mit Resistenz gegenüber BaYMV-1 und BaYMV-2 wurde mittels Mikrosatellitenmarker auf Chromosom 5H lokalisiert und kartiert. Die vorläufige Markerkarte konnte durch die Einbeziehung von AFLP-Analysen erweitert werden. Insgesamt wurden 187 Mikrosatelliten und 300 AFLP-Primer-Kombinationen unter Verwendung der Bulk Segregant Analysis auf Polymorphismen getestet. Daraus hervorgegangen sind 8 Mikrosatelliten und 21 AFLP-Marker mit Kopplung zum Resistenzlocus. Die Kartierung dieser 29 Marker wurde mit Hilfe der Software JoinMap 3.0 durchgeführt. Der Resistenzlocus wird von den beiden Mikrosatellitenmarkern Bmac096 und Bmac303 im Abstand von jeweils 1 cM flankiert. Mit 2 cM Distanz zum Resistenzgen ist E44M55\_350 der am engsten gekoppelte AFLP-Marker (Abb. 1). Die züchterische Nutzbarkeit dieser PCR-Marker wird geprüft.

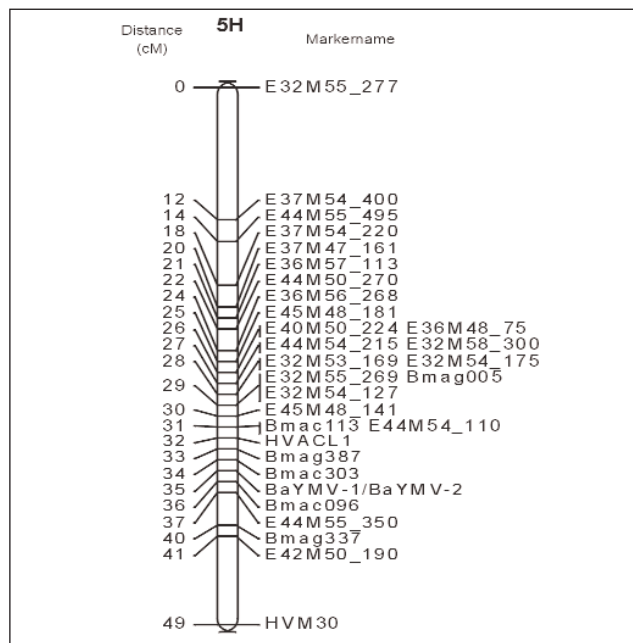


Abb. 1: Kartierung eines Gelbmosaik-Resistenzlocus (BaYMV-1, BaYMV-2) aus HHOR 4224 auf dem Gerstenchromosom 5H

Fig. 1: Mapping of resistance locus against BaYMV-1, BaYMV-2 derived from HHOR4224 on chromosome 5H

**4.2 Genetik der Wirt - Pathogen - Interaktion im Pathosystem *Hordeum vulgare*/*Pyrenophora teres***  
**Genetic of host - pathogen interaction in the *Hordeum vulgare*/*Pyrenophora teres* pathosystem**  
 Krämer, I.; Kopahnke, D.; Afanasenko, O.; Mironenko, N.

Zielsetzung/Aim:

Neben klassisch genetischen Untersuchungen zur Wirt - Pilz - Interaktion ist es das Ziel der molekularen Arbeiten, Marker zu finden, die eng mit Virulenz- bzw. Avirulenzgenen von *Pyrenophora teres* Drechs. f. *teres* Smedeg., dem Erreger der Netzfleckenkrankheit der Gerste, gekoppelt sind. Diese Marker sollen für einen gezielten Einsatz in der Pflanzenzüchtung nutzbar gemacht werden.

In addition to the classical genetic analyses of plant - fungus interaction molecular methods are used to identify markers closely linked to virulence/avirulence genes of *Pyrenophora teres* the causal agent of net blotch on barley. The main aim is to develop appropriate markers, which can be used in plant breeding.

Ergebnisse:

*Pyrenophora teres* weist eine hohe Variabilität hinsichtlich seiner Morphologie auf (Abb. 1).

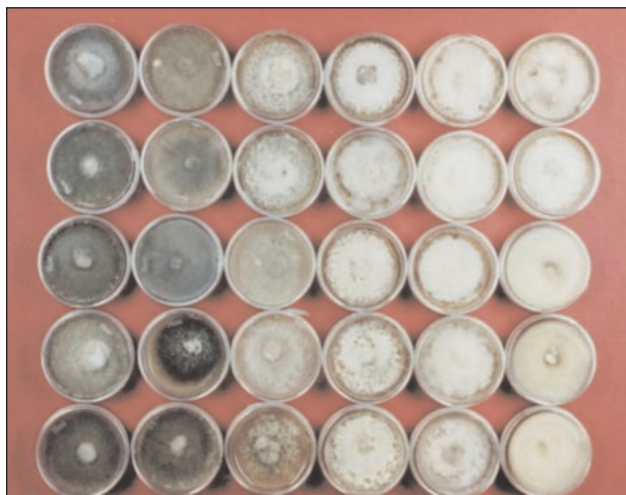


Abb. 1: Morphologische Variabilität einer *P. teres* - Ascosporen-Nachkommenschaft aus der Kreuzung der Isolate 181-6 x 8ax

Fig. 1: High variability in morphology of ascospores progeny from the cross between *P. teres* isolates 181-6 x 8ax

Die Ausprägung der Krankheitssymptome kann in Abhängigkeit von der Virulenz einzelner *P. teres*-Isolate sowie vom Gerstengenotyp sehr unterschiedlich sein. Der effektivste und ökologisch vertretbarste Weg zur Kontrolle der Netzfleckenkrankheit ist und bleibt die Züchtung resistenter Gerstesorten.

Auf genetischer Ebene werden die Wechselwirkungen zwischen Wirt und Pathogen durch die Gen-für-Gen-Beziehung beschrieben. Die Gen-für-Gen-Hypothese erklärt, dass die Avirulenz des Pilzes durch ein oder einige wenige



Abb. 2: Normale und anormale Konidien-Typen  
 Fig. 2: Normal and abnormal type of conidia

Hauptgene kontrolliert wird, die spezifischen Resistenzgenen der Pflanze gegenüberstehen. Über die Interaktionen im Pathosystem *Pyrenophora teres* - Gerste ist bisher wenig bekannt.

Deshalb wurde mit klassisch- und molekular-genetischen Untersuchungen zur Charakterisierung von *P. teres*-Avirulenzgenen unter Berücksichtigung der Wechselwirkung mit den entsprechenden Resistenzgenen der Gerste begonnen.

Für die Erstellung von spaltenden Kreuzungsnachkommenschaften war es notwendig, unter den *P. teres* Isolaten paarungsfähige „Mating“-Typen (+ und -) zu identifizieren. Diese wurden mittels Testkreuzungen selektiert. Von bisher 78 durchgeführten Kreuzungen zeigten 17 Kreuzungen eine entsprechende Fertilität.

Eine dieser Kreuzungen, deren Elternisolate unterschiedlicher regionaler Herkunft waren (181-6, St. Petersburger Gebiet x 8ax, Ferner Osten Russlands), wurde für die genetischen Analysen ausgewählt. Die Reaktionen der Kreuzungseltern und der F<sub>1</sub>-Population wurden auf den Gerstengenotypen „Harbin“, CI 4922 und CI 21272 bestimmt. Zur Bestätigung der aufgestellten Hypothese hinsichtlich der Avirulenz- bzw. Virulenzgene, erfolgten Rück- und Geschwisterkreuzungen.

In der Kreuzungsnachkommenschaft konnten zwei Typen von Konidien identifiziert werden - normale und anormale Form, die im Verhältnis 1 : 1 segregierten (Abb. 2).

Die Ascosporen-Isolate mit abnormalen Konidien waren auf allen drei getesteten Gersten avirulent. Basierend auf diesen Ergebnissen, ist anzunehmen, dass das für die Konidienmorphologie verantwortliche Gen mit einem Avirulenzgen gekoppelt ist. Die Hypothese der hier vermuteten monogenen Kontrolle der Avirulenz durch ein entsprechendes Resistenzgen konnte nur für den Genotyp „Harbin“ bestätigt werden.

Es wurden RAPD-Analysen durchgeführt, um DNA-Marker für das identifizierte Avirulenzgen zu finden. Polymorphe RAPD-Marker wurden mit Hilfe der bulked segregant analysis (BSA) ermittelt. Dafür wurden Pools aus jeweils

8 virulenten und 8 avirulenten Kreuzungsnachkommen, entsprechend der Reaktion auf „Harbin“, hergestellt. Die RAPD-PCR erfolgte mit den so geschaffenen Pools sowie mit den Kreuzungseltern (Abb. 3).

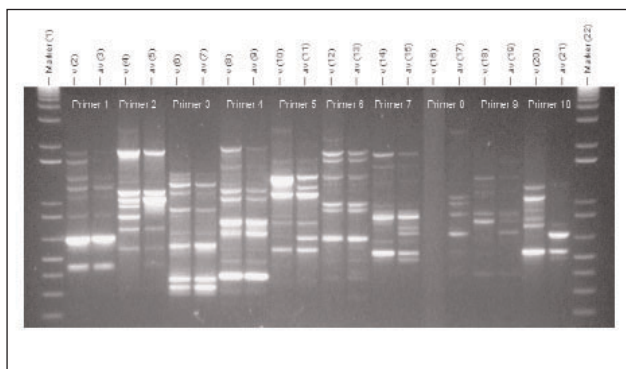


Abb. 3: Screening von RAPD-Primern mit avirulenten (av) und virulenten (v) Pools zur Identifizierung von polymorphen Markern

Fig. 3: Screening of RAPD primers for identifying polymorphisms between avirulent (av) and virulent (v) bulk

Die dabei selektierten polymorphen Primer wurden über die gesamte Nachkommenschaft (56 Ascosporen-Isolate) für Kopplungsanalysen getestet (Abb. 4). Bisher wurden 155 Oligonukleotid-Primer (10-mer, Operon Technologies) geprüft. Gegenwärtig erfolgen Kopplungsanalysen, um den Grad der Kopplung zwischen Marker und Avirulenzgen zu bestimmen und festzustellen, ob der am engsten gekoppelte Marker für eine Avirulenzgenidentifizierung geeignet ist.

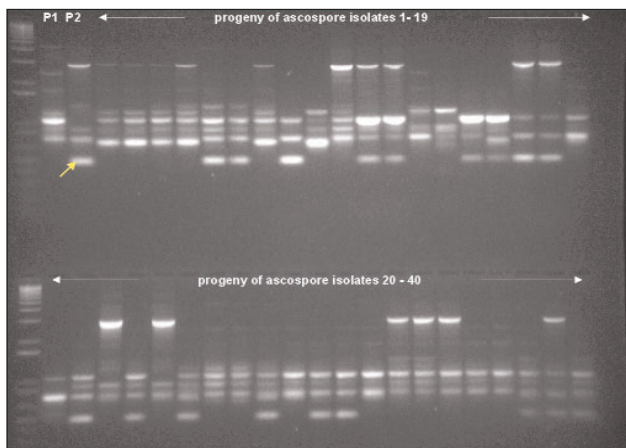


Abb. 4: Segregation eines polymorphen RAPD-Markers in der Ascosporen-Nachkommenschaft (P1-virulenter Elter, P2-avirulenter Elter)

Fig. 4: Segregation of a polymorphic RAPD marker in the ascospore progeny (P1-virulent parent, P2-avirulent parent)

**Abstract:**

The genetics of avirulence was studied in a cross between *P. teres* isolates of different origins (181-6, St. Petersburg

Region x 8ax, Far East of Russia) and further analyses were carried out on backcrosses and sibcrosses. The parental fungal lines and F<sub>1</sub> progeny were evaluated on barley genotypes „Harbin“, CI 4922 and CI 21272. In the progeny two types of conidia (normal and abnormal form) segregating in a 1 : 1 ratio could be detected. Ascospore isolates having the abnormal conidia were avirulent on all three tested barley genotypes. Based on these results it may be concluded that the gene for conidia morphology is linked with an avirulence gene. The hypothesis of monogenic control of avirulence on the barley cultivar „Harbin“ and barley line CI 21272 was verified on „Harbin“ To identify DNA markers linked to this avirulence gene, RAPD analyses were employed. Screening for RAPD polymorphism was performed by bulked segregant analysis (BSA). Pools of 8 virulent and 8 avirulent progeny according to the reaction on „Harbin“ were constructed for BSA. RAPD amplifications were carried out on each pool and on parental isolates. For genetic linkage analysis, RAPDs were performed with genomic DNA from each of the 56 ascospore isolates. Up to now 155 oligonucleotide primers (10-mer, Operon Technologies) were tested and recently linkage analysis is conducted in order to get information whether these markers are useful for the identification of avirulence genes.

In Zusammenarbeit mit: O. Afanasenko und N. Mironenko, All-Russian Research Institute for Plant Protection, Saint Petersburg, Russia.

(Bilaterale Zusammenarbeit, Projekt 120)

**4.3 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.

**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 Gerstengenotypen mit unterschiedlichem Resistenzniveau sowie die Übertragungseffektivität des BYDV überprüft. Ziel der Untersuchungen ist eine Optimierung der Evaluierungsmethode zur Blattlausresistenz und Virustoleranz sowie eine bessere Kenntnis der Reaktion evaluierter Gerstenherkünfte im Hinblick auf die natürlichen Blattlauspopulationen.

The genetic diversity of natural occurring populations of *Rhopalosiphum padi* will be characterized with the help of



molecular markers. Based on these results the reaction of the aphid genotypes to barley genotypes of different levels of resistance will be evaluated as well as the BYDV-transmission efficiency. The aim of these investigations is the optimization of the method for evaluation of aphid resistance and virus tolerance as well as a better knowledge about the reaction of evaluated barley genotypes concerning the reaction to natural occurring aphid populations.

#### Ergebnisse:

Nachdem in vorangegangenen Untersuchungen zur genetischen Diversität von natürlich auftretenden Populationen von *Rhopalosiphum padi* bereits eine hohe genotypische Variabilität beim Vergleich von Blattlausklonen unterschiedlicher geographischer Herkunft mittels RAPD-PCR-Analyse nachgewiesen wurde, war es von großem Interesse zu ermitteln, inwiefern und in welchem Maße eine Dynamik in der genetischen Vielfalt innerhalb von *R. padi*-Populationen im jahreszeitlichen Verlauf vorhanden ist. Ausgangspunkt für vermutete jahreszeitliche Schwankungen in der genetischen Heterogenität von *R. padi*-Populationen ist der Umstand, dass nur im Herbst während der sexuellen Reproduktionsphase der Blattläuse eine Rekombination des genetischen Materials stattfinden kann, während im Frühjahr/Sommer bei parthenogenetischer Vermehrung ausschließlich genetisch identische Individuen von einem Elter erzeugt werden. Für diese Untersuchungen wurde die DNA von Einzelläusen aus Fängen der Ascherslebener Saugfalle isoliert und analysiert (RAPD-PCR). Hierbei konnte nach Auswertung zeitlich eng gestaffelter Blattlaussaugfallenfänge ein deutlicher Trend zur Reduktion der genetischen Diversität im Verlaufe von Ende Mai (Beginn des Blattlausfluges) bis Anfang Juli festgestellt werden. In der letzten Maidekade wiesen 77 % der untersuchten *R. padi* voneinander abweichende elektrophoretische Bandenmuster auf, während es Anfang Juli nur noch 30 % waren. Erklärbar ist diese Erscheinung dadurch, dass die anfänglich vorhandene hohe genotypische Vielfalt der Blattläuse nach erfolgter generativer Vermehrungsphase und anschließender Überwinterung durch einen sich anschließenden Selektionsprozess im Laufe der Frühjahrs- und Sommermonate wieder eingeschränkt wird oder aber auch durch Veränderungen im Flugverhalten der Blattlauspopulationen. Es ist zu überprüfen, inwieweit sich diese Resultate auch in mehrjährigen Beobachtungen reproduzieren lassen und evtl. zufällige Witterungs- oder ähnliche Einflüsse auszuschließen sind. Auch Saugfallenfänge vom Herbstflug der Blattläuse sollten hier einbezogen werden.

#### Abstract:

In former investigations concerning genetic diversity of natural occurring populations of *Rhopalosiphum padi* a high genotypic variability of aphid clones from different geographic origin was detected. Therefore, analyses were carried out to determine whether there is a change in the genetic variability within *R. padi*-populations during the course of the year. The reason for supposing changes in genetic heterogeneity of *R. padi*-populations is the fact, that

recombination of the genetic material can happen only in autumn during the stage of sexual reproduction of the aphids, whereas in spring/summer only genetically identical individuals are produced (parthenogenetic phase). For these investigations DNA from single aphids caught by suction trap at Aschersleben was isolated and analyzed (RAPD-PCR). The results indicate the tendency for a reduction of the genetic diversity from late May (start of aphid flight) to early July. In the last decade of May 77 % of investigated *R. padi* showed different electrophoretic patterns, whereas at the beginning of July only 30 % were polymorphic. This effect can be explained by a reduction of the genotypic variability gained in autumn by a selection process in spring and summer or on the other hand by changes in the flight behaviour of the aphids. It has to be proven to which extend these results are reproducible in repeated observations in successive years. Suction trap catches from aphid autumn flight should also be included.

(BAZ-2334)

# Genbank

## Gene Bank

### Braunschweig

In Kulturformen und verwandten Wildarten enthaltene Gene und Genkomplexe verwenden Züchter zur Entwicklung neuer Sorten mit verbesserten Ernährungs- und Genusseigenschaften, mit guter Resistenz gegen Krankheiten und Schädlinge sowie abiotischer Stresstoleranz. Damit diese genetischen Ressourcen auch in Zukunft genutzt werden können, sammeln und erhalten Genbanken Kulturformen und Wildpopulationen. Genbanken dokumentieren die dazugehörigen Informationen und stellen Saat- und Pflanzgut für Forschungs- und Entwicklung zur Verfügung.

Angesichts des seit Jahrzehnten fortschreitenden Verlustes von Kulturformen in der Landwirtschaft und im Gartenbau sowie verwandter Wildpflanzenpopulationen in ihrem natürlichen Habitat sind besondere Anstrengungen auf internationaler, europäischer, nationaler und Länderebene zur Bekämpfung der genetischen Erosion erforderlich. Seit der Unterzeichnung des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt (ÜBV) im Jahr 1993 besitzt jeder Staat nicht nur ein souveränes Recht an den einheimischen genetischen Ressourcen, sondern ist auch für das nachhaltige Management dieser Ressourcen verantwortlich. Das Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) hat die Leitungskompetenz für den Bereich genetische Ressourcen.

Eine Reihe von Institutionen unterstützen das BMVEL hinsichtlich der Wahrnehmung damit verbundener nationaler und internationaler im „Nationalen Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen“ erläuterter Verpflichtungen. Das Fachprogramm beschreibt den entsprechenden Handlungsbedarf für die Bundesrepublik Deutschland sowie für die Umsetzung des Programms erforderliche Maßnahmen. Die Aufgaben der BAZ Genbank leiten sich aus dem Fachprogramm ab.

Die Genbank leistet auf internationaler, europäischer und nationaler Ebene Beiträge zur Sicherung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen. Sie organisierte zusammen mit dem Istituto Sperimentale per le Colture Industriali (ISCI, Bologna, Italien) im Jahr 2002 die zweite gemeinsame Tagung der ECP/GR Arbeitsgruppe für *Beta* und des Welt *Beta* Netzwerks (WBN). Das „European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks“ (ECP/GR) fördert die fachliche Zusammenarbeit bei der Erhaltung und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft unter anderen mit dem Ziel, das Management von Sammlungen in Europa effizienter zu gestalten. An der Sitzung der *Beta*-Arbeitsgruppe beteiligten sich 27 Delegierte aus 14 europäischen Ländern sowie aus den USA, dem Iran und China. Die *Beta*-Arbeitsgruppe ist eine der ersten, die konkrete Maßnahmen im Bereich der Aufteilung der Erhaltungsverantwortung für Teilsortimente eingeleitet hat.

Im Bereich der Europäischen Agrarpolitik besitzt die Verordnung (EG) Nr. 1467/94 „Erhaltung, Beschreibung, Sammlung und Nutzung der genetischen Ressourcen der Landwirtschaft“ (GENRES) eine wichtige Funktion. Die Genbank erhält Mittel aus der



Abb. 1: ECP/GR und WBN Arbeitsgruppe *Beta*. Nachhaltiges Management pflanzengenetischer Ressourcen erfordert eine enge internationale Zusammenarbeit und Abstimmung von Arbeitsprogrammen

Fig. 1: ECP/GR and WBN working group on *Beta*. Sustainable management of plant genetic resources requires close international cooperation and tuning of work programs. Photo: Dr. G. Mandolino, ISCI, Bologna, Italy

VO 1467/94 zur Förderung von Arbeiten mit genetischen Ressourcen der Gattungen *Beta*, *Brassica* und *Avena*. Im Rahmen der Projekte entwickelte die Genbank ein neues Datenbankkonzept für die Erfassung und Dokumentation von Evaluierungsdaten und implementierte dies beispielhaft in der Internationalen Datenbank für *Beta* sowie in der Europäischen *Avena* Datenbank. Die Braunschweiger Arbeitsgruppe unterstützt mit diesen Initiativen das ECP/GR und die Europäische Union im Sinne des nationalen Fachprogramms.

In der ersten Hälfte des Jahres 2002 begann die seit langem geplante Überführung der Sammlung pflanzen genetischer Ressourcen sowie der Datenbank der Braunschweiger Genbank in die Genbank des IPK. Die dafür erforderlichen zusätzlichen Arbeiten finanziert das BMBF und das BMVEL über das Projekt „Aufbau einer bundeszentralen ex situ Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig.“ In den vorangegangenen Jahren realisierte die BAZ Genbank ein zentrales EDV-gestütztes Lagerhaltungssystem, dessen konzeptionelle Grundlagen im Rahmen des Gemeinschaftsvorhabens von der bundeszentralen Genbank übernommen werden. Aufgrund der Vorarbeiten der Braunschweiger Arbeitsgruppe wird die bundeszentrale Genbank künftig über ein modernes, barcode-gestütztes Lagerhaltungssystem verfügen können.

Nach der Übertragung der gesamten Braunschweiger Sammlung PGREL stellt eine der größten europäischen Genbanken, mehr als 30 Jahre nach ihrer Gründung durch das damalige BML, ihre Arbeiten im Bereich des Ex-situ-Managements ein. Bis zur endgültigen Schließung der Braunschweiger Genbank vergehen voraussichtlich noch drei weitere Jahre. Parallel zur technischen Abwicklung der Genbank wird sich die Arbeitsgruppe auf die Weiterentwicklung von Datenbanken der BAZ zur Dokumentation von Evaluierungsdaten konzentrieren und sich in Anlehnung an das nationale Fachprogramm ihrer neuen Aufgabe, der Forschung im Bereich des nachhaltigen Managements pflanzen genetischer Ressourcen, zuwenden.

Breeders use genes and gene complexes contained in cultivated forms and related wild species for the development of varieties with improved nutritional and culinary characteristics, with good resistance against diseases and pests as well as tolerance to abiotic stress. Gene banks collect cultivated forms and populations of wild species to ensure that these genetic resources can still be used in the future. Gene banks document the information linked with the germplasm and provide seed and planting material for research and development.

The unabated loss of cultivated forms in agriculture and horticulture and their related wild plant populations in the natural habitat is progressing since decades. Special efforts are demanded on the international, European, national and state level to control genetic erosion. Since the signature of the Convention on Biological Diversity (CBD) each country has not only confirmed sovereign rights over its native genetic resources but has also assumed responsibility for the sustainable management of these resources. Within the German government, the Federal Ministry for Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL) has the leading competence for genetic resources for food and agriculture.

A range of institutions assist the BMVEL in meeting the international engagement. BMVEL describes in the „National Expert Program for the Maintenance and Sustainable Use of Plant Genetic Resources of Agricultural and Horticultural Crops“ the action need for the Federal Republic of Germany as well as a catalogue of measures and the distribution of work. The tasks of the BAZ Gene Bank are derived from this program.

The gene bank is already contributing to the implementation of the program on the international, European and the national level as well. The second joint meeting of the ECP/GR working group on *Beta* and the World *Beta* Network was jointly organised with the Istituto Sperimentale per le Colture Industriali (ISCI, Bologna, Italy) in the year 2002. The European Co-operative Program for Crop Genetic Resources Networks (ECP/GR) promotes the technical co-operation in the field of mainte-

nance and use of plant genetic resources for food and agriculture amongst others with the goal to organise a more efficient collection management in Europe. In the meeting of the *Beta* working group 27 representatives from 14 European countries as well as from the USA, Iran and China took part. The *Beta* working group is one of the first introducing concrete measures in the field of allocation of the maintenance responsibility for specific collection sets to partner gene banks.

Within the range of the European agricultural policy the regulation (EEC) No. 1467/94 „Conservation, characterisation, evaluation, collection and use of genetic resources of the agriculture“ (GENRES) possesses an important function. The gene bank receives funds via the regulation No. 1467/94 for the promotion of work with genetic resources of the genus *Avena*, *Beta*, and *Brassica*. Within the context of these projects the gene bank has developed a new data base concept for the collection and documentation of evaluation data and is implementing the new data base model in the International Data Base for *Beta* as well as in the European *Avena* Data Base. With these initiatives the gene bank supports the ECP/GR and the European Union as requested by the national expert program.

In the first half of the year 2002 the transfer of the collection of plant genetic resources and the data base from the BAZ Gene Bank to the gene bank of the Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), planned for a long time, has started. The Federal Ministry of Education and Research (BMBF) and the BMVEL finance the necessary additional work through the project titled „Establishment of a federal central ex situ gene bank for agricultural and horticultural crop plants: merger of the gene banks of the IPK and the BAZ Braunschweig“. In the preceding years the BAZ Gene Bank realised a central store keeping system, whose conception is transferred to the Federal Central Gene Bank in the context of the joint project. Due to the basic work of the group at Braunschweig the Federal Central Gene Bank will be able to dispose of a modern, barcode-supported store keeping system in the future.

After the transmission of the entire collection of PGRFA held at Braunschweig one of the largest European gene banks stops work in the field of the ex situ management more than 30 years after its establishment by the former Federal Ministry for Food, Agriculture and Forestry (BML). Up to the final close of the gene bank three further years will elapse. Parallel to activities related to the technical shut down of the gene bank the working group will concentrate on the advancement of BAZ data bases. In addition, as described by the national expert program the staff will turn to its new and second task, i.e. research in the field of sustainable management of plant genetic resources.



Abb. 2: Genetische Erosion bei *Beta* Sektion *Corollinae* in Armenien durch Überweidung des natürlichen Habitats. Insbesondere für schwer vermehrbare Arten ist das In-situ-Management dieser Ressourcen unverzichtbar

Fig. 2: Genetic erosion in *Beta* section *Corollinae* in Armenia caused by overgrazing of the natural habitat. In particular for species that are difficult to regenerate the in situ management of these genetic resources is indispensably

# 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.

### Zielsetzung/Aim:

Weltweit gehen pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft verloren. Die BAZ Genbank sammelt und reproduziert Saat- und Pflanzgut von Kulturarten und damit verwandter Wildarten. Die Ziele sind: a) Ex-situ-Erhaltung gefährdeter pflanzengenetischer Ressourcen im Rahmen der internationalen Arbeitsteilung. b) Bereitstellung genetischer Ressourcen für die Züchtungsforschung und Sortenzüchtung. c) Erforschung und Entwicklung von Methoden, die Ex-situ-Maßnahmen ergänzen.

World-wide plant genetic resources for food and agriculture are being lost. The BAZ Gene Bank collects and reproduces seed and planting material of crops and related wild species. The goals are: a) Preservation of plant genetic resources in the context of the international task sharing, b) supply of genetic resources for the breeding research and variety breeding, and c) investigation and development of germplasm management methods that complement ex-situ measures.

### Ergebnisse:

Im Jahr 2002 lagerte die Genbank insgesamt 58756 Saatgutproben sowie eine Sammlung alter Kulturkartoffelsorten mit insgesamt 573 Mustern. Die Aufteilung des Sortiments in unterschiedliche Kategorien ist in der Tabelle 1 dargestellt.

Tab. 1: Struktur und Größe der Saatgutsammlung

Table 1: Structure and size of the seed collection

Kategorie	Anzahl/ Muster
Black Box	4
Demonstrationsmuster	38
Neuzugang	343
Primäre Erhaltungsverantwortung	13976
Referenzmuster	30776
Projektmuster	2925
Sicherheitsmuster	10694
<b>Gesamt</b>	<b>58756</b>

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 (siehe Bericht des Instituts für gartenbauliche

Kulturen und des Instituts für Epidemiologie und Resistenzressourcen) fanden statt. Die Braunschweiger Genbank verlagert gleichzeitig Aktivitäten im Bereich der deutsch-niederländischen Zusammenarbeit von der Ex-situ-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen auf das Management der Internationalen Datenbank für Beta.

Im Zuge der Reorganisation der Genbankarbeiten in Deutschland wurde der Verbleib von Sorten nach Beendigung der Sortenzulassung bzw. des Sortenschutzes neu geregelt. Künftig überträgt das Bundessortenamt Saatgut veralteter Sorten nicht mehr automatisch auf die zuständige Genbank (bislang erhielt die BAZ Genbank die entsprechenden Proben), sondern sendet das Standardmuster an den Züchter zurück.

Im Verlauf des Jahres 2002 informierte die Genbank Nutzer über die geplante Schließung der Braunschweiger Einrichtung. Infolgedessen nahm die Nachfrage nach Informationen und Material ab. Zu verzeichnen waren 117 Anfragen. An 93 Institutionen bzw. Personen gab die Genbank 4345 Saatgutproben ab; davon lieferte die Genbank 3397 Proben an inländische und 948 Proben an ausländische Interessenten (Tab. 2).

Tab. 2: Abgabestatistik der Genbank (Anzahl Muster)

Table 2: Exchange statistic of the gene bank (number of samples)

Jahr	Gesamt	Inland	Ausland
<b>1985-1995</b>	95484	49690	45794
<b>1996</b>	7115	4043	3072
<b>1997</b>	8166	5037	3129
<b>1998</b>	5460	3495	1965
<b>1999</b>	8017	4559	3458
<b>2000</b>	4939	3074	1865
<b>2001</b>	6156	5072	1084
<b>2002</b>	4345	3397	948
<b>Summe</b>	<b>139682</b>	<b>78367</b>	<b>61315</b>

### Abstract:

The merger of the BAZ and IPK genebank collection has started this year. The BAZ genebank stopped the seed increase program and will no longer service user's requests for germplasm. The number of germplasm and information requests dropped to 117 for information and/or germplasm in 2002. The gene bank sent 3397 accessions to users in the inland and 948 accessions to users abroad.

In Zusammenarbeit mit: Centre for Genetic Resources, The Netherlands, Wageningen, B. Visser; IPGRI, Rome, L. Maggioni.

(BAZ-8001, 1152)

## 1.2 Charakterisierung und Evaluierung Characterisation and evaluation

Einleitung:

Die routinemäßige Charakterisierung der Genbankmuster endete mit der Einstellung der Vermehrungsarbeiten. Bereits in den vergangenen 6 Jahren wurden Charakterisierungs- und Evaluierungsarbeiten durch EU Projekte bei *Avena*, *Beta*-Rüben, *Brassica* und *Daucus* und durch nationale Vorhaben verstärkt. Die BAZ Genbank vermehrte und charakterisierte im Jahr 2002 im Rahmen von EVA II (Deutsches Netzwerk für die Evaluierung von Getreide auf Krankheitsresistenz) 153 Getreidemuster und beteiligte sich am Screening auf Resistenz gegen pilzliche Schaderreger der Gerste und des Weizens. Am Standort Braunschweig-Völkenrode wurde zu diesem Zweck ein Dreisatzgitter mit 100 Sommergerstenherkünften und ein weiteres mit 60 Sommerweizenherkünften angelegt und nach Befallsbeginn an drei aufeinander folgenden Terminen bonitiert (siehe Bericht des Instituts für Epidemiologie und Resistenzressourcen). In diesem Jahr kam das EU Projekt GENRES CT95 42 (*Beta*-Rüben) und das Projekt „Spaltende Populationen“ (Teilprojekt GABI-BEET) zum Abschluss.

### 1.2.1 Evaluierung und Optimierung von *Beta*-Sammlungen zur Extensivierung der landwirtschaftlichen Produktion

#### Evaluation and enhancement of *Beta* collections for extensification of agricultural production

Frese, L.

Zielsetzung/Aim:

Das Projekt hat vier unterschiedliche miteinander verbundene Zielsetzungen: a) Saatgutproduktion zum Zweck der Regenerierung und zur Bereitstellung größerer Mengen Saatgutes für Evaluierungsarbeiten, b) die Evaluierung von Wild- und Kulturformen auf Resistenz gegen pilzliche Krankheitserreger und Virose sowie auf Trockentoleranz, c) die Rationalisierung der Erhaltung und Evaluierung europäischer Genbankbestände sowie d) Aufbau einer Evaluierungsdatenbank.

The project has four different connected objectives: a) Seed production for rejuvenation of gene bank accessions and for provision of larger amounts of seed for evaluation, b) evaluation of wild and cultivated forms on fungal and virus diseases resistance as well as on tolerance to drought, c) the rationalisation of the maintenance and evaluation of European gene bank holdings as well as d) establishment of an evaluation data base.

Ergebnisse:

Das Projekt begann im Juni 1996 und endete im Februar 2002. Es beteiligten sich insgesamt 11 Partner aus 6 Ländern der Europäischen Union. Im Verlauf des Projektes vermehrten Projektpartner 1069 Muster. Als Projektkoordinator beschaffte die BAZ Genbank Muster spezifischer Herkünfte und stellte vom vermehrten Material 5 Projektpartnern mehr als 2800 Saatgutproben zum Zweck der

Evaluierung zur Verfügung. Zu Beginn des Projektes stellte die Genbank eine Kernsammlung von 805 Herkünften und eine Liste von 350 potenziellen Duplikaten zusammen.

An der Suche nach Duplikaten war die BAZ Genbank mit Datenbankrecherchen und der morphologischen Beschreibung von Material beteiligt (350 Muster). Parallel dazu untersuchte die School of Biological Sciences (Universität Birmingham, England) potenzielle Duplikate mit Hilfe von AFLP und SSR Markern (348 Muster).

Sorten der Blatt-, Garten-, Futter- und Zuckerrübe mit gleicher oder ähnlicher Bezeichnung wurden zu 83 Gruppen potenzieller Duplikate zusammengefasst. Neunundzwanzig Gruppen enthielten deutlich verschiedene Muster. Nach Auswertung der Feldbeobachtungen verblieben 54 Gruppen mit 2 bis 12 ähnlichen Herkünften innerhalb einer Gruppe. Die markergestützte Analyse der gleichen Saatgutchargen durch den Projektpartner von der School of Biological Sciences zeigte, dass sich einige Duplikate mit Hilfe von AFLP und SSR Marker nachweisen lassen. Die genetische Diversität im Sortiment potenzieller Duplikate ist allerdings groß, so dass eine erhebliche Rationalisierung der Sammlung durch Stilllegung von Duplikaten nicht zu erwarten ist.

Das Institute of Arable Crops Research - Broom's Barn (England), die Kleinwanzlebener Saatzucht (Einbeck), das Istituto Sperimentale per le Colture Industriali (ISCI) zusammen mit der Zuchtfirma Società Produttori Sementi Bologna (Italien) evaluierten zwischen 410 und 700 Muster auf Resistenz bzw. Toleranz (Tab. 1).

Darüber hinaus charakterisierten die BAZ Genbank, die Genbank im Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (Gatersleben), die Griechische Genbank in Thessaloniki und die Zuchtfirmen Dieckmann-Heimburg (Sülbeck), die Kleinwanzlebener Saatzucht AG und Syngenta (Schweden) Material während der Vermehrung, was zu einem zusätzlichen Aufkommen von 16397 Daten führte.

Seit Oktober 2002 können Interessenten die gewonnenen Evaluierungs- und Charakterisierungsdaten in einer On-line-Version der Internationalen Datenbank für Beta (<http://www.genres.de/idb/beta/>) recherchieren. Der Partner in Broom's Barn berechnete die Häufigkeit resistenter Formen für verschiedene Erreger und für das Merkmal Trockentoleranz. Danach trat Resistenz mit folgender Häufigkeit auf: *Aphanomyces cochlioides* (2 %), *Phoma betae* (2 %), Beet Yellowing Virus (1 %), Beet Mild Yellowing Virus (5 %), *Erysiphe betae* (0,2 %) und Trockentoleranz (1 %). Der niederländische Projektpartner entdeckte bzw. bestätigte Resistenz gegen *Rhizomania* in insgesamt 12 (= 6,7 %) der 180 geprüften Muster aus den Sektionen *Beta* und *Corollinae*. Im Feldversuch in Italien (ISCI) auf *Rhizomania*-Resistenz geprüfte Herkünfte zeigten in 5 % aller Muster der Sektion *Beta* bessere Werte als der resistente Standard. Hinsichtlich der Resistenz gegen *Rhizoctonia solani* ermittelte die KWS einen prozentualen Wert von 2,9 %. Von den Mustern der Sektion *Beta* zeig-

ten 3,7 % eine überdurchschnittlich hohe Resistenz gegen *Cercospora beticola*; Muster der Sektionen *Corollinae* und *Procumbentes* erwiesen sich als hoch resistent gegenüber dieser Blattfleckenkrankheit (Ergebnisse der italienischen Partner).

Tab. 1: Von Projektpartnern ermittelte Evaluierungsdaten. Anzahl Daten, die bis zum Dezember 2002 von der Internationalen Datenbank für Beta (IDBB) dokumentierte wurden

Table 1: Evaluation data recorded by project partners. Number of data documented by the IDBB by December 2002

Partner	Merkmal	Anzahl Daten
<b>Sämlingskrankheiten</b>		
8	<i>Aphanomyces cochlioides</i>	600
8	<i>Phoma betae</i>	597
<b>Blattkrankheiten</b>		
8	BYV	595
8	BMVYV	597
8	<i>Erysiphe betae</i>	590
9 / 10	<i>Cercospora beticola</i>	514
<b>Wurzelkrankheiten</b>		
5	<i>Rhizoctonia solani</i>	699
9	<i>Rhizomania</i> (Feldtest)	300
7	<i>Rhizomania</i> (Labortest)	137
<b>Abiotischer Stress</b>		
8	Trockentoleranz	569

5 = Kleinwanzlebener Saatzeit, 7 = Plant Research International, 8 = Broom's Barn, 9 = Istituto Sperimentale per le Colture Industriali, 10 = Società Produttori Sementi Bologna

Abstract:

Eleven project partners coordinated by the BAZ Gene Bank increased, characterised and evaluated *Beta* core collection accessions. A search for duplicates indicated that there is large variation even within groups of accessions with similar designations (probable duplicates). Though similar accessions can be observed, a significant potential for rationalisation of the European *Beta* holding does not seem to exist. The project partners evaluated between 410

and 700 accessions. Depending on the trait and experimental conditions 0.2 to 6.7 % of the accessions proved to be resistant/tolerant.

In Zusammenarbeit mit: School of Biological Science, University of Birmingham, U.K., B.V. Ford-Lloyd, IPK Genbank, Gatersleben, A. Börner; GGB, Thessaloniki, Griechenland, N.Stavropoulos; Kleinwanzlebener Saatzeit AG, Einbeck, W. Beyer; Dieckmann-Heimburg, Sülbeck, G. Koch; Plant Research International, Wageningen, Niederlande, O. Scholten; IACR - Broom's Barn, Bury St.Edmunds, U.K., M. Asher, M.Luterbacher; Istituto Sperimentale per le Colture Industriali, Bologna, Italien, G. Mandolino; Società Produttori Sementi Bologna, Italien, E. DeAmbrogio; Syngenta, Landskrona, Schweden, B. Bentzer.

(BAZ 8004)

### 1.2.2 GABI-BEET Unterprojekt „Spaltende Populationen“ GABI-Beet subproject „segregating populations“

Frese, L.; Meckelmann, A.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel besteht in der Herstellung spaltender Populationen bei Wildarten der Sektion *Corollinae* und *Procumbentes* sowie in der Erzeugung von Artkreuzungsnachkommenschaften zwischen *B. patellaris* und *B. vulgaris*.

This project aims at the production of segregating populations of wild species of sections *Corollinae* and *Procumbentes* as well as in the creation of *B. patellaris* x *B. vulgaris* offsprings.

Ergebnisse:

Das Projekt endete im Jahr 2002. In den vorangegangenen 3 Jahren erzeugte die Genbank für das Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Universität Kiel für Kartierungsarbeiten Kreuzungssaatgut.

Das Projekt begann im Jahr 1999/2000 mit der Anzucht des zwei- bis mehrjährigem Pflanzenmaterials. Geplant waren weite Kreuzungen zwischen den Arten *B. macrorhiza* x *B. lomatozona* (Arbeitspaket 1- AP1), *B. procumbens* x *B. webbiana* (AP2) sowie *B. patellaris* x Zuckerübe (AP3).

AP1: Insgesamt wurden im Jahr 2001 und 2002 fünfundsechzig Paarkreuzungen vorgenommen. Beim überwiegenden Teil der Kreuzungen entstanden bis zu 5 Knäuele, nur in Ausnahmefällen bis zu 25 Stück. Der Nachweis, ob tatsächlich Arthybriden entstanden sind, steht noch aus. Für Markeranalysen benötigtes Blattmaterial der Eltern wurde bei -80 °C gefroren und im Jahr 2002 zusammen mit dem Saatgut an die Universität Kiel für weiterführende Untersuchungen abgegeben.

AP2: Aus einem umfangreichen Pflanzenbestand ausgelesene typische 'procumbens' (Mutter) bzw. 'webbiana' (Vater) Einzelpflanzen wurden räumlich isoliert als offen ab-

blühende Pärchen gekreuzt. Zwei der 'webbiana' Pflanzen erwiesen sich als männlich steril (Abb. 5), so dass in der reziproken Kreuzungsrichtung F1-Hybriden entstanden. Von insgesamt 10 Pärchenkreuzungen konnten zwischen (0)-150-1218 Samen geerntet werden. Das gesamte Material einschließlich der Blattproben wurde an die Universität Kiel überführt.

AP3: Nach Handkastration der extrem kleinen Blüten von *B. patellaris* wurden diese mit Pollen von *B. vulgaris* bestäubt. Im Durchschnitt der 126 Paarkreuzungskombinationen entwickelten sich 3,2 Samen. Im Jahr 2002 erfolgte die Aussaat der potenziellen Arthybriden. Für den Fall, dass diese keine eigenen Wurzeln bilden wurde die Pfropfmethode nach Dr. H. Löptien etabliert. Blattmaterial der potenziellen Bastarde wurde mit Hilfe eines Squash dot Tests der Universität Kiel (Dr. T. Thureau) überprüft. Bastarde konnten nicht identifiziert werden.

Abstract:

Within the framework of GABI-BEET the gene bank produced segregating populations which are required by the University of Kiel, Institute of Crop Science and Plant Breeding for genome analysis. In the year 2001/2002, controlled crosses were made between *B. procumbens* x *B. webbiana* (including reciprocals), *B. macrorhiza* x *B. lomatogona* and between *B. patellaris* x *B. vulgaris*. Seed set was recorded in many cross combinations. However, it still needs to be confirmed whether the seeds are viable F1-hybrids indeed. In the case of *B. patellaris* x *B. vulgaris* no species hybrids were obtained.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Universität Kiel, C. Jung, T. Thureau.

(BAZ-8009)

### **1.2.3 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.; Kroh, M.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Projektes ist die Charakterisierung und Evaluierung von europäischen *Avena sativa* and *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 2002 wurden 130 Vermehrungsparzellen und 442 Evaluierungsparzellen angelegt. Die Evaluierung erfolgt parallel an fünf europäischen Standorten von Griechenland bis Schweden. Die Versuchsanlage erfolgt als „augmented design“, welches als Spezialfall der unvollständigen Blockanlagen häufiger für umfangreiches Genotypenscreening verwendet wird (Wolfinger et al. 1997). Hierbei werden die Testglieder in einfacher Wiederholung in eine Blockanlage integriert, die aus Standardsorten gebildet wird. Die ursprünglich verwendeten 10 Standardsorten (je zwei aus jedem Partnerland im Projekt: DEU: Revisor, Tomba, FRA: Auteuil, Sirene, GBR: Banquo, Manod, GRC: Kassandra, Pallini, SWE: Pol, Selma) wurden im Jahr 2002 um weitere 10 französische Sorten erweitert, die vom französischen Partner zur Kalibrierung der NIR-Proteinbestimmung verwendet werden (Avalanche, Cravache, Evora, Fringante, Hirondel, Manoire, Mantoise, Rhea). Als deutsche Sorte mit hohem Proteingehalt wurde noch Radius integriert. Alle Standardsorten werden in vierfacher Wiederholung in den Gesamtversuch integriert.

Bei den 341 evaluierten Landsorten handelte es sich im Jahr 2002 um 100 britische, 94 französische, 33 deutsche, 30 russische, 20 polnische, 15 niederländische, 14 österreichische, 5 schwedische, jeweils drei Herkünfte aus Tschechien, Belgien und Albanien, je zwei aus Irland und Bulgarien. 16 weitere Muster, deren Herkunft unklar oder nicht dokumentiert ist, verweisen durch ihren Akzessionsnamen auf eine europäische Herkunft.

Es werden 20 Charakterisierungsmerkmale (z. B. Eigenschaften der Samen, Abb. 1) und 13 Evaluierungsmerkmale erhoben. Krankheitsresistenzdaten werden nach künstlicher Inokulation vom schwedischen Partner erhoben, während in den Feldversuchen Krankheiten je nach natürlichem Auftreten mitbonitiert werden. Infolge der extrem nassen Witterung mit häufigen Hagelstürmen und Starkregen waren Mehltau und Lager in diesem Jahr die Hauptschadfaktoren (Tab. 1). Ertragsdaten werden gegenwärtig erhoben.





Abb. 1: Unterschiedliche Samenfarben, Behaarung und Begrannung differenzieren Hafermuster (von links nach rechts: gelber, roter und schwarzer Hafer; begrannnte und behaarte Form)

Fig. 1: Different seed colours, hairiness and spikes differentiate oat accessions (from left to right: yellow, red and black oat; hairy typ with spikes)

Tab. 1: Mehltau und Lagerbonituren in den Evaluierungszellen

Table 1: Mildew and lodging in the evaluation plots

Evaluierung	Mehltau 2002 (EC 65-75, Braunschweig)									
Note	1	2	3	4	5	6	7	n.d	Gesamt	
Anzahl	5	71	79	64	52	29	10	31	341	
%	1	21	23	19	15	9	3	9	100	
Standards (4 Wdh.)	Radius: 3.0, Revisor: 3.0, Tomba: 4.75 Min.Kassandra: 2.0 - Max. Pol: 7.0									
Bonitur 1	Blanche de Hongrie, Safranee, Saint Nizier 2, Ker Pilhou, Calenberger									
Evaluierung	Lager 2002 (EC 70-85, Braunschweig)									
Note	1	2	3	4	5	6	7	8	9	Gesamt
Anzahl	10	52	95	56	52	38	20	16	1	341
%	3	15	28	16	15	11	6	5	0	100
Standards (4 Wdh.)	Radius: 2.0, Revisor: 1.5, Tomba: 1.75 Min.Kassandra: 2.0 - Max. Pol: 4.75									
Bonitur 1	Safranee, 06678 CN 11/8, Avoine de Chypre, Algerie, Murkle (A), Local (NLD), 9741 CN 189, Nuprime, AJ 20/61/34, Egdolon 26									

Abstract:

341 landraces from 13 European countries, primarily from UK, France, Germany, Russia, Poland, The Netherlands and Austria were characterised (20 descriptors) and agronomically evaluated (13 descriptors). Crops suffered much from heavy rain storms. Thus mildew and lodging were primary stresses in the year 2002 as shown in Tab. 1.

In Zusammenarbeit mit: Agricultural University of Athens, A. Katsiotis; Institute of Grassland and Environmental Research, Aberystwyth, U.K., M. Legget; INRA, Clermont-Ferrand, Frankreich, J. Koenig; NGB, Alnarp, Schweden, M. Veteläinen.

(BAZ 8008)

1.2.4 Anbauversuch mit alten Hafersorten

Field trial with old and modern oat varieties at different spacing and nurse crops

Germeier, C., Kroh, M.

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. Herbizide stehen nicht zur Verfügung. Hafer steht in der Regel im abtragenden Fruchtfolgeglied; eine Klee- oder Klee-Gras-Einreihung 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:

Bei der Auswahl der Sorten wurden die Screening- Ergebnisse aus dem GENRES - Projekt (vgl. 1.2.3) zugrunde gelegt. Es wurde auf ein hohes TKG geachtet, das im Haferanbau zu Speisezwecken hohe Bedeutung als Qualitätsmerkmal hat. Pflanzenbaulich bedeutsame Eigenschaften wie Habitus, Bestockungsvermögen, Pflanzenhöhe sollten möglichst breit differieren. Verschiedene alte Sorten wurden in der älteren Literatur als sog. „Wenigraum“ oder „Weitraumformen“ beschrieben. Tab. 2 zeigt bisher einbezogene Sorten, Tab. 3 die Anbausysteme.

Tab. 2: In den Anbauversuchen verwendete Sorten  
Table 2: Cultivars selected for the experiment

Versuchsjahr	2001	2002
Vergleichssorte	Radius	Radius
Alte Sorten	Anderbecker Weiß	Anderbecker Weiß
		Carsten IV
	Fichtelgebirgshafer	Fichtelgebirgshafer
	Lueneburger Kley	Lueneburger Kley
	Kleykönig	Kleykönig
	Mahndorfer Weiß	
	Stormogul	Stormogul

Tab. 3: Anbausysteme  
Table 3: Cropping systems

Versuchsjahr	2001	2002
Normalsaat	Reihenabst. 12.5cm	12.5 cm
Weite Reihe	Reihenabst. 25 cm	Doppelreihe 12/36 cm
Weite Reihe + Untersaat	25 kg/ha Kleemischung: Serradella, Perser- + klee, Inkarnatklee, Gelbklee, Weißklee	

Tab. 4: Faktorwirkungen und Rangfolgen der Sorten im Anbauversuch

Table 4: Factor effects and rank of cultivars in regard to several agronomic important traits

Faktorwirkungen				
Jahr	System	Sorte	WW	
Feldaufgang				
01	n.s.	***	n.s.	R > A, F >= K, S
02	n.s.	*	n.s.	M >= A, K, C, F, R >= S
Wuchshabitus (EC)				
01	n.s.	***	n.s.	S > K, F, R
02	n.s.	***	**	S > M > A, F, K > C, R
Blattfläche (F-1, EC 50-69)				
01	n.s.	***	n.s.	S, K, A >= F >= R
02	***	***	n.s.	F, M, K >= R >= C, A >= S
Mehltau (EC)				
01	n.s.	***	n.s.	F, R, K >= A >= S
02	n.s.	***	n.s.	F > M, C, K, R >= A >= S
Bestandeshöhe				
01	n.s.	***	n.s.	A, F, K, S > R
02	n.s.	***	n.s.	A, S, K, M, F > C, R
Lager				
01	n.s.	***	n.s.	K, A, F > R, S
02	n.s.	***	*	M, K >= A >= F, C > S > R
Rispen tragende Halme				
01	***	***	n.s.	R > A, K, S, F
Ertrag				
01	n.s.	***	n.s.	R > F, A, S >= K
TKG				
01	n.s.	***	n.s.	F, R >= K >= A > S
Hektolitergewicht				
01	n.s.	***	n.s.	R, F, A >= K > S
Keimfähigkeit des Ernteguts				
01	n.s.	***	n.s.	R A >= F, K >= S

R: Radius, A: Anderbecker Weiß, C: Carsten IV, F: Fichtelgebirgshafer, K: Lueneburger Kley Kleykönig  
M: Mahndorfer Weiß, S: Stormogul

Die Versuchsanlagen wurden als Spaltanlagen (Großparzellen: Anbausystem, Kleinparzellen: Sorten) mit vier (2001) bzw. fünf Wiederholungen (2002) angelegt. Starkregen und Hagel verursachten im Jahr 2002 starkes Lager und verhinderten bzw. erschwerten einige Erhebungen. Einige Ergebnisse aus den Jahren 2001 und 2002 zeigt Tab. 4.

Daten für die Ertragskomponenten liegen bislang nur vom Jahr 2001 vor. Alle Sorten zeigen eine hohe Kompensationsfähigkeit gegenüber den Anbausystemen. So sind die Einflüsse des Anbausystems und der Wechselwirkungen nur selten signifikant. Hierbei ist allerdings zu berücksichtigen, dass Großparzellenfaktoren in der Spaltanlage mit geringerer Trennschärfe getestet werden. Das Anbausystem beeinflusste (aufgrund unterschiedlicher Aussaatstärken) stark die Bestandesdichte und auch die Blattflächenentwicklung (größere Blätter in den Weitreihenvarianten).

Eine signifikante Wechselwirkung trat 2002 beim Lager auf, wo weite Reihe ohne Untersaat beim Anderbecker die Lagerneigung stark erhöhte, beim Fichtelgebirgshafer dagegen verminderte. Allerdings ist dieser Effekt über die Jahre nicht konsistent. Die Bonitur des Wuchshabitus wurde vor allem im Jahr 2002 sehr einheitlich in den Parzellen vorgenommen. Die Daten erfüllen daher (aufgrund fehlender Streuung) strenggenommen nicht die Voraussetzungen für die statistische Berechnung der Faktorwirkungen.

Die Sorten unterscheiden sich in praktisch allen Deskriptoren hoch signifikant. Die Hochzuchtsorte Radius setzt sich im Ertrag deutlich ab, den sie vor allem durch eine hohe Bestandesdichte realisiert. In Merkmalen der äußeren Qualität (TKG, Hektolitergewicht) kann als ältere Sorte der Fichtelgebirgshafer gut mithalten, erweist sich aber als stark anfällig gegenüber Mehltau.

Der Schwarzhäfer Stormogul und der Kleykönig setzen sich mit liegendem Habitus, geringem Ertragspotential und TKG relativ deutlich von den anderen Sorten ab. Stormogul fällt auch durch hohe Mehltau- und Lagerresistenz auf.

Im Vergleich schneidet die Sorte Radius in allen Anbauformen gut ab, wenn auch ihr Abstand zu den älteren Formen in den Weitreihensystemen abnimmt.

Abstract:

A modern cultivar (Radius) was evaluated in comparison to six landraces or obsolete cultivars in normal 12.5 cm row distance and wide row cropping systems with or without intercropping of a clover mixture. Effects of the cropping systems were relatively small compared to the cultivar effects. Radius competes well even in the more extensive cropping systems. Fichtelgebirgshafer is able to compete in parameters of industrial quality as TGW and test weight. Kleykönig and Stormogul, a black oat, showed more elderly features and low yields, TGW and test weight. Nevertheless Stormogul showed remarkable resistance to mildew and lodging in both years.

(BAZ 8011)

### 1.2.5 *Brassica* Sammlungen für eine breitere landwirtschaftliche Nutzung einschließlich Charakterisierung und Nutzbarmachung genetischer Variation in *Brassica carinata* zur Nutzung als Ölfrucht

*Brassica* collections for broadening agricultural use including characterising genetic variation in *Brassica carinata* for its exploitation as an oilseed crop

Frese, L.

Zielsetzung/Aim:

Am Projekt beteiligen sich 16 Institutionen aus 10 europäischen Ländern. Die Erhaltung, Dokumentation, Evaluierung und Rationalisierung Europäischer Sammlungen der wichtigsten *Brassica*-Arten ist das Ziel. Die BAZ Genbank ist für die Vermehrung und Charakterisierung von Teilsortimenten zuständig.

Sixteen institutions located in 10 European countries participate in the project. The aim consists in the conservation, documentation, evaluation of the most important *Brassica* species. The BAZ Gene Bank is responsible for seed multiplication and characterisation of germplasm sets.

Ergebnisse:

In der Vegetationsperiode 2001/2002 erzeugt die Genbank Saatgut von *Brassica napus* (Winterform: 43 Muster, Sommerform: 7 Muster). Der Saatgutertrag betrug zwischen 24 und 1600 g je Isoliergewächshaus mit ca. 50 Pflanzen pro Muster. Als Bestäubungsinsekten wurden Solitärbiene verwendet (Abb. 1). Für eine detaillierte Charakterisierung von Raps im Herbst 2001 ausgesäte 120 Muster konnten aufgrund von Auswinterungsschäden und Überflutungen im Sommer 2002 nicht ausgewertet werden.



Abb. 1: Puppen der Solitärbiene vor dem Einsatz als Bestäubungsinsekt

Fig. 1: Crysalis of solitary bees before use as pollinating insect

Abstrakt:

Seed was produced on 50 accessions. The seed yield ranged between 24 and 1600 g.

In Zusammenarbeit mit: Centre for Genetic Resources, The Netherlands, Wageningen, L. van Soest, I. Boukema; IPK Genbank, Malchow, E. Willner; NGB, Alnarp, Schweden, G. Poulsen, Universität Gießen, W. Lühs.

(BAZ 8006)

### 1.3 Aufbau einer bundeszentralen ex situ Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig

Establishment of a central federal ex situ genebank for agricultural and horticultural crops: merger of the genebanks of IPK and BAZ Braunschweig

Einleitung

Das nationale Fachprogramm zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen empfiehlt die Zusammenlegung der Sammlungen beider Genbanken. Im Rahmen des Gemeinschaftsprojekts begann die BAZ im Frühjahr 2002 mit der Überführung der Bestände in die IPK Genbank. Im Verlauf der kommenden vier Jahre entsteht eine bundeszentrale Genbank am Standort Gatersleben im Geschäftsbereich des BMBF mit einem neu entwickelten Genbank Informationssystem (GBIS). Das Vorhaben ist in zwei Arbeitspakete unterteilt.

#### 1.3.1 Fusion der Genbankinformationssysteme

Merger of the genebank information systems

Germeier, C.; Semmler, K.; Adler, A.

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 modernes Standards der Informationstechnologie und des Managements genetischer Ressourcen genügendes Informationssystem zu erstellen, das interne Managementaufgaben effektiv unterstützt und dem Nutzer aus Wissenschaft und Praxis umfangreiche Recherchemöglichkeiten online zur Verfügung stellt.

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:

Die Entwicklung des GBIS erfolgt durch zwei Teams, die an den Standorten Braunschweig und Gatersleben das neue System entwickeln. Die räumliche Distanz macht den Einsatz von Verfahren des „Verteilten Projektmanage-

ment“ notwendig. Damit der Entscheidungs- und Entwicklungsprozess für alle beteiligten Gruppen trotz der räumlichen Aufteilung auch kurzfristig nachvollziehbar bleibt, wird durch das Braunschweiger Projektteam eine web-basierte Dokumentations- und Kommunikationsplattform bereitgestellt (<http://www.verteiltesprojektmanagement.de/gbis>). Die Funktionen der Plattform ermöglichen die Speicherung, Bearbeitung und Darstellung der Anwendungs- und Datenmodelle über Web-Schnittstellen sowie die Verwaltung von Aufgaben, Terminen und Anwendungsversionen.

Das Braunschweiger Team konzipiert zusammen mit den Projektpartnern die Architektur der GBIS Anwendung. Gegenwärtig favorisiert die Braunschweiger Genbank eine in der Java 2 Enterprise Edition zu realisierende dreischichtige Anwendung mit einer Datenbank-, Anwendungs- und Präsentationsebene und untersucht Möglichkeiten zur Erhöhung der Abstraktion und Wiederverwendung des Java-Quellcodes durch den Einsatz der Java2EE Design Patterns.

Parallel zu diesen strategisch ausgerichteten Untersuchungen findet die Entwicklung von Anwendungssoftware statt. Nach der Projektplanung sollte Ende Oktober 2002 die erste Lieferung von 6000 Mustern an die IPK Genbank erfolgen. Um diese Übergabe zu dokumentieren, wurde eine Transfer-Anwendung erstellt, die später als Modul in das GBIS übernommen werden soll. Die Transfer-Anwendung wurde aus Gründen der Plattformunabhängigkeit und der Möglichkeit automatischer Softwareverteilung und -aktualisierung über die WebStart Technologie in Java entwickelt. Die Java-Anwendung hat folgende Aufgaben: Dokumentation der Übergabe (Ausgangskontrolle Braunschweig, Eingangskontrolle Gatersleben), Protokollierung in der Datenbank und Drucken von Etiketten mit Barcode. Durch die Verwendung eines Barcodescanners erfolgt die Dokumentation weitgehend automatisch (Abb. 1).



Abb. 1: Ausgangskontrolle mit dem Handscanner  
 Fig. 1: Dispatch control with the hand held scanner

Abstract:

BAZ Gene Bank takes part in the development of a new documentation system for the future central gene bank. To facilitate communication for the project partners working in different localities, a central web based project management platform has been established in Braunschweig. A Java application has been developed for the documentation and management of the seed stock transfer from Braunschweig to Gatersleben, which has started in October 2002.

In Zusammenarbeit mit: IPK Genbank, Gatersleben, H. Knüpfer, J. Vorwald, S.Flemming.

(BAZ 8010)

### 1.3.2 Ressourcenmanagement Resources management

Frese, L.; Adler, A.; Meckelmann, A.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel des Unterprojekts besteht in der fristgerechten Übertragung des Braunschweiger Sammlungsbestandes auf die IPK Genbank nach vorgegebenen Sortierungskriterien und Stückzahlen.

The aim of the sub-project consists in the timely transfer of the holding located at Braunschweig into the IPK genebank according to agreed sorting criteria and numbers.

Ergebnisse:

Bis zum Stichtag 31.12.2002 gab die Braunschweiger Genbank 16818 Saatgutmuster sowie die gesamte Sammlung alter Kartoffelsorten (573 Muster) und Topinambur (97 Muster) ab. Für die Ausgangskontrolle wurde erstmalig an der BAZ Genbank ein rechnergestütztes Datenerfassungs- und Dokumentationswerkzeug eingesetzt.

Für die Erhaltung bzw. den Austausch von Kartoffeln ist nunmehr die IPK Genbank Außenstelle Nord in Groß Lüsewitz bzw. die IPK Genbank in Gatersleben zuständig, die das cryokonservierte Material erhielt. Topinambur-Muster stellt ab dem Jahr 2003 die IPK Genbank in Gatersleben zur Verfügung.

Abstract:

Until 31th December 2002, the BAZ Genbank transferred 16818 seed accessions, 573 potato clones and 97 clones of Jerusalem artichoke to the IPK genebank. In future users can order potato accessions previously managed by the BAZ Gene Bank from the IPK genebank branch office north at Groß Lüsewitz as well as seed samples from the IPK genebank Gatersleben.

In Zusammenarbeit mit: IPK Genbank, Gatersleben, A. Börner.

(BAZ 8010)

## 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. Die in den letzten Jahren vorgenommenen Arbeiten zur Entwicklung eines objekt-relationalen Datenmodells für Passport- und Genbankmanagementdaten werden mit der endgültigen Überführung der vorhandenen Datenbestände in das neue Modell und der damit notwendig einhergehenden Überarbeitung und Bereinigung der Datenbestände zum Abschluß gebracht und gehen damit in den Arbeitsbereich von GBIS (vgl. 1.3.1) über.

Gleichzeitig tritt die Arbeit an den internationalen, fruchtartspezifischen Datenbanken besonders im Bereich der Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten im Rahmen der von der EU geförderten Evaluierungsprojekte zu genetischen Ressourcen der Gattungen *Beta* und *Avena* zunehmend in den Vordergrund. Im Rahmen dieser Projekte werden auch erste Erfahrungen zum datenbankgestützten Management von Evaluierungsprojekten gesammelt, die im Rahmen der von einer ad hoc Arbeitsgruppe projektierten Erweiterung des zentralen Datenmanagements an der BAZ zugrunde gelegt werden können.

Die Anbindung an internationale Datawarehouse- Systeme wie EURISCO, die ECP/GR Fruchtartendatenbanken sowie die zunehmend im Internet verfügbaren Genom/Proteom-Informationssysteme wird für die BAZ zunehmende Bedeutung erlangen. Als Einrichtung der Züchtungsforschung tritt sie dabei nicht nur als Benutzer, sondern auch als Lieferant von Daten auf. Die Entwicklung geeigneter Schnittstellen auf der Basis von Internet-Technologie muss hierfür die technischen Voraussetzungen schaffen.

### 2.1 Sammlungsdatenbank Collection database

Germeier, C.; Reddig, M.; Dölle, A.

Zielsetzung/Aim:

Die seit 1996 intensivierten Arbeiten am Informationssystem der BAZ Genbank sollten in Vorbereitung der anstehenden Fusionierung mit der IPK Genbank zeitgemäße Datenbankkonzepte auf der Grundlage des relationalen Datenbankentwurfs sowie an internationalen Standards zur Erhaltung genetischer Ressourcen ausgerichtete Managementkonzepte implementieren. Die Managementaufgaben in den Bereichen Planung und Controlling sollten umfangreich durch Datenbankapplikationen unterstützt und damit effizienter gestaltet werden. Mit der Einbindung der BAZ in das GBIS Projekt werden diese Arbeiten nun zum Abschluss gebracht. Die Überführung der an der BAZ Genbank vorhandenen Datenbestände in das neue GBIS soll mit möglichst geringen Informations- und Funktionsverlusten vonstatten gehen.

In preparation of the merger of the BAZ Gene Bank documentation system into a new central gene bank information system activities have been strengthened in modernisation the databases according to current relational concepts of database design and the implementation of international management standards for genetic resources since 1996. The documentation system has also been seen as means of a quality control system. Database applications have been designed assisting management processes and thus improving efficiency of gene bank work. These ex-situ management related activities will only be pursued by the BAZ Gene Bank within the framework of GBIS and then be stopped. The transfer of the information system including the data should be accomplished as far as possible without loss of information and functionality.

Ergebnisse:

Die Passport- und Managementdatenbestände wurden vollständig in ein neues relationales Datenmodell überführt, welches in das GBIS Projekt als Grundlage der Weiterentwicklung eingebracht werden kann. Es umfasst gegenwärtig 40 Tabellen (Tab. 1).

Tab. 1: Tabellen für Passport- und Managementmodule eines neuen Genbankinformationssystems

Table 1: Tables for passport and management modules of new gene bank information system

Passportdaten Passportdaten i.e.S	Managementdaten Adressenverwaltung
ACCESSION GENOTYPE	ADDRESS PARTNER PERSON
Taxonomie	Projektverwaltung
TAXONNAME GENOTYPE TAXONNAME	PROJECT PROJECTPARTICIPANT
Photographische Doku- mentation	Lagermanagement
	SEEDSTOCK SAVESTORE
PICTURE ACCESSION_PICTURE	Keimfähigkeitsmonitoring
	GERMINATIONMETHOD GERMINATIONTEST GERMINATIONSAMPLE GERMINATION
Dekodierungstabellen	Anbau- und Vermehrungs- planung
CODE_ACQUISITION CODE_ACTIVITY CODE_BGRCADDRESS CODE_COLLECTINGSOURCE CODE_DUPLICATETYPE CODE_ENVIRONMENT CODE_PROPAGULES CODE_RESPONSIBILITY CODE_RESTRICTION CODE_SAMPLESTATUS CODE_STORAGE	STANDARD STANDARDPLAN EXPERIMENT TREATMENT FIELDPLAN INCREASEMETHOD INCREASE SEEDINCREASE
Hilftabellen	Saatgutvermittlung
COUNTRY SITE	SEEDTRANSFER TRANSACTION

## Abstract:

In preparation of the merger of the information systems of the BAZ and IPK genebank, passport and management data available at BAZ Gene Bank have been transferred into a new relational design, which could be used as the basis for further developments in the GBIS project. Besides decoding and help tables passport information and taxonomy, accession image data management, addresses management, project management, seed stock management, germination monitoring and seed multiplication project management have been identified as major modules already used in the management of BAZ Gene Bank and implemented in its information system.

(BAZ 8002)

## 2.2 Internationale Datenbank für Beta (IDBB) International Database for Beta (IDBB)

Germeier, C; Frese, L.

### 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 stand die Applikationsentwicklung, basierend auf dem in den Vorjahren erarbeiteten erweiterten Datenmodell mit folgenden Zielsetzungen:

- I. Automatische Unterstützung von Konsistenzprüfungen bei der Aktualisierung von Passportdaten.
- II. Automatische Unterstützung des Einlesens von Charakterisierungsdaten aus MS-Excel Tabellenblättern.
- III. Bereitstellung einer mit PHP implementierten, neuen Web-Anwendung zur Abfrage von Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten.

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 application development based on the extended data model compiled in the previous years. It served basically the following aims:

- I. Automatically assisted consistency checks with update of passport data
- II. Automatically assisted import of characterisation and evaluation data from MS-Excel worksheets
- III. Development of a new web application for querying passport, characterisation and evaluation data based on PHP technology.

### Ergebnisse:

- I. Automatische Unterstützung von Konsistenzprüfungen bei der Aktualisierung von Passportdaten.

Die Aktualisierung von Passportdaten erfolgt bisher i. d. R. anhand von DBase-Files im sog. Multicrop - Passport - Format (MCP), die den Gesamtbestand an Akzessionen ei-

ner Gattung der betreffenden Genbank enthalten. Neben Neuaufnahmen enthalten solche Updates häufig auch Änderungen in bereits vorhandenen Daten. In komplexeren relationalen Systemen ist ein einfacher Austausch der alten durch die neuen Daten aufgrund des Verletzens von Integritätsbedingungen während des Austauschprozesses nicht möglich. Häufig ist es auch ratsam, ältere Informationen nicht einfach zu überschreiben, da z. B. taxonomische Systeme häufigeren Modifikationen unterliegen und der Rückgriff auf möglichst originale Daten wünschenswert erscheint. Auch die Durchführung einer Duplikatsuche im Rahmen der Aktualisierung/Aufnahme von MCP-Daten ist wünschenswert.

Die manuelle Aktualisierung und Duplikatsuche in Datenbanken mit mehreren tausend Einträgen ist extrem zeitaufwendig, da sie ein häufiges Durchscannen der Datenbestände erfordert. Es wurde daher nach Wegen gesucht, diese Arbeiten zu automatisieren.

Abb. 1 zeigt ein Flussdiagramm zu bei der Aktualisierung von Passportdaten notwendigen Prozeduren.

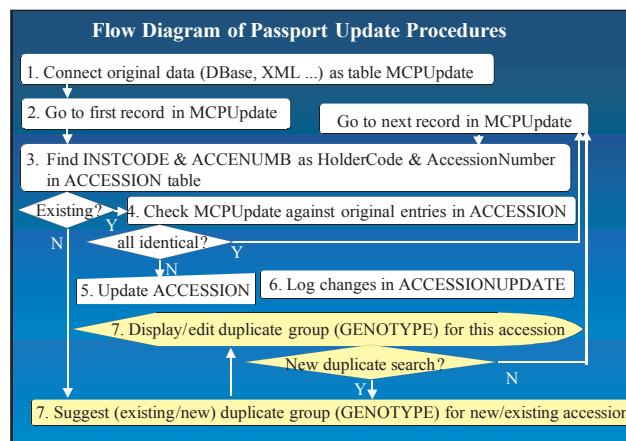


Abb. 1: Flussdiagramm zu bei der Aktualisierung von Passportdaten notwendigen Prozeduren

Fig. 1: Flow diagram for the MCP update procedures

- II. Automatische Unterstützung des Einlesens von Charakterisierungsdaten aus MS-Excel Tabellenblättern.

Erfassung und Transfer von Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten erfolgt heute häufig in MS-Excel Arbeitsmappen. Bei Boniturdurchgängen werden parallel mehrere Merkmale erfasst und nebeneinander dokumentiert. Die Methodik der Datenerfassung sowie die Versuchsbedingungen werden häufig gesondert in Laborhandbüchern etc. vorgehalten. Häufig sind die in verschiedenen Labors gebräuchlichen Methoden zur Bestimmung eines Merkmals nicht identisch.

Datenbanken zur Erfassung von Evaluierungs- und Charakterisierungsdaten müssen diese heterogenen Datenquellen integrieren, wobei in zweifacher Hinsicht Anforderungen zu erfüllen sind:

- a. Eine wissenschaftliche Dokumentation erfordert die möglichst detailgenaue Dokumentation der Originaldaten, die z. B. auch spätere statistische Auswertungen gestattet und eine Beschreibung der Versuchsbedingungen und Prozeduren, mit welchen die Daten erhoben wurden, mit umfasst.
- b. Ein Benutzer, der sich einen schnellen Überblick über die vorhandenen Daten verschaffen möchte, benötigt diese in möglichst stark vereinfachter Form.
- c. Um die Anzahl der in den Auswahlfeldern angebotenen Wahlmöglichkeiten übersichtlich zu gestalten, sollen die Auswahlfelder hierarchisch aufeinander Bezug nehmen und ihren Wertebereich systematisch anhand der Benutzereingaben einschränken.
- d. Auch um die Wahrscheinlichkeit ergebnisloser Abfragen zu reduzieren, sollen sich die in den Auswahlfeldern angebotenen Wahlmöglichkeiten interaktiv anhand der bereits angegebenen Auswahlkriterien einschränken.

Das im GRIN und in der niederländischen Genbank (CGN) entwickelte sog. „single observation concept“ zur Dokumentation von Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten schafft die notwendigen Datenstrukturen, die es ermöglichen, beiden Anforderungen gerecht zu werden. Jede Einzelbeobachtung wird als separater Datenbankeintrag abgespeichert und kann daher mit zahlreichen beschreibenden und erklärenden Attributen versehen werden. Diese können Verweise auf weitere Tabellen, Parameter der deskriptiven Statistik sowie vereinfachende Rangwerte für den Übersichtsvergleich (universal score) enthalten.

Zur Integration der Datenbestände aus dem Projekt GENRES 95 42 in die IDBB wurden generalisierte Prozeduren entwickelt, die das Einlesen von MS-Excel Arbeitsblättern mit unterschiedlichen Tabellenformaten in die IDBB erlauben.

III. Bereitstellung einer mit PHP implementierten, neuen Web-Anwendung zur Abfrage von Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten.

Im Rahmen einer Projekt- und Praktikumsarbeit von Frau Dr. G. Weber und Frau B. Hipko als Teil ihrer Fortbildung bei der CIMDATA Akademie für digitale Medien konnte die im Jahresbericht 2001 beschriebene in MS-Access implementierte Anwendung zur Abfrage von Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten aus der IDBB weitgehend in PHP umgesetzt werden (Abb.1). Sie wird unter der URL [www.genres.de/eccdb/beta](http://www.genres.de/eccdb/beta) ab 2003 verfügbar sein.

Die Anwendung soll es dem Benutzer ermöglichen, auf einfache und intuitive Weise auch komplexe Abfragen an die Datenbank zu stellen (SQL-Generator) und alle Resultate als MS-Excel Files herunterzuladen.

Folgende Gesichtspunkte liegen dem Design zugrunde:

- a. Um dem Benutzer den Überblick zu erleichtern, soll die gesamte zur Erstellung einer Abfrage erforderliche Funktionalität auf einem Bildschirmmaske darstellbar sein (Abb. 1).
- b. Da man nicht davon ausgehen kann, dass der Benutzer mit der in der Datenbank verwendeten Begrifflichkeit vertraut ist, sollen sich ihm die Datenbankinhalte vollständig über Auswahlfelder erschließen (Abb. 1). Texteingaben sollen nicht erforderlich sein.

Unterhalb der Auswahlfelder werden die generierten Abfragebedingungen getrennt für Passport- bzw. Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten angezeigt. Dies ermöglicht eine übersichtliche und komprimierte Darstellung der bereits erzeugten Abfragebedingungen (Abb. 1). Um auch komplexe Abfragen zu ermöglichen, ist es unerlässlich, dem Benutzer neben den Verknüpfungsooperatoren „or“ und „and“ auch die Möglichkeit zur Klammersetzung zu geben.

Folgende Bereiche sind abfragbar (Abb. 2):

- Passportdaten und Adressen der haltenden Genbanken
- Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten als Kreuztabelle oder im Langformat mit deskriptiver Statistik
- Versuchsstandort, -design und -bedingungen
- Methodik der Datenerhebung

Abstract:

Activities regarding the IDBB have been concentrating on application development this year. An automatic support of passport data update with integrated duplicate search and import procedures for MS Excel spreadsheets have been implemented. An online application for querying passport, characterisation and evaluation data has been developed with PHP technology and will be available from 2003 under <http://www.genres.de/idb/beta>.

In Zusammenarbeit mit: ZADI-IBV, Bonn, G. Weber, B. Hipko.

(BAZ 8002, 8004)

### 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. Das für die IDBB entwickelte Datenmodell ist in vollem Umfang auf die EADB übertragbar. Im Vordergrund der Arbeiten an der EADB stand im Jahr 2002 die Implementierung einer automatisch unterstützten Duplikatsuche in den vorhandenen Datenbeständen.

Like the IDBB also the EADB takes part in the project activities within a GENRES project. Aims and necessities for further development are mostly identical for both databases. The data model developed for the IDBB can be fully applied also for the EADB. Works in 2002 concentrated on the implementation of automatic procedures assisting duplicate screening.

Ergebnisse:  
Eine Alternative zur aufwendigen Aktualisierung bereits vorhandener Datensätze (vgl. 2.2.1) besteht im einfachen Anfügen neuer Passport-Updates unter Beibehaltung der alten Datensätze. Dieses Verfahren wurde zwischen 1996 und 1999 in der EADB angewandt. Allerdings führt dies

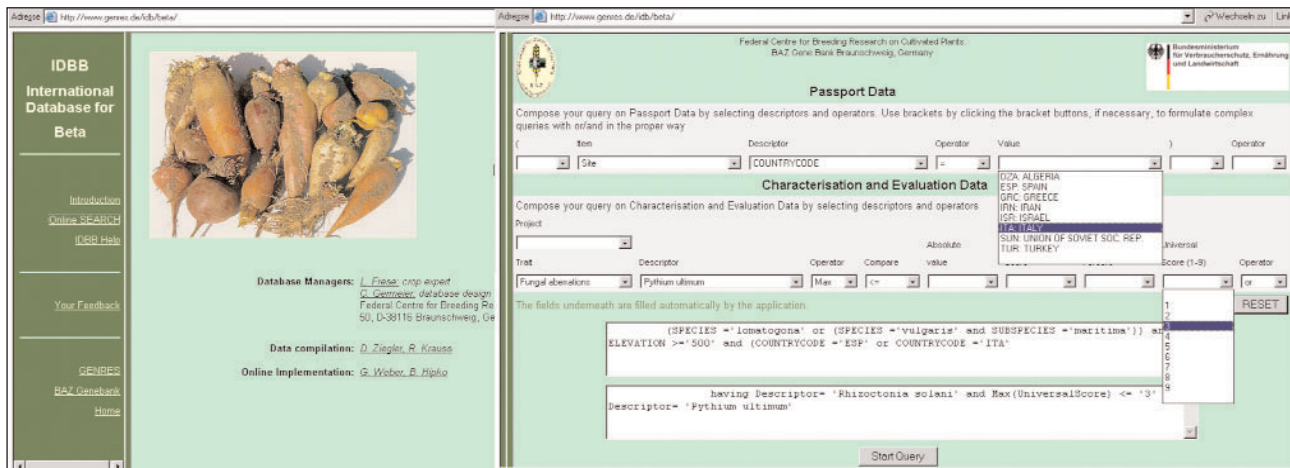


Abb. 1: Abfragemaske der Online-IDBB  
Fig. 1: Query interface of the online IDBB

**Passport Data for the selected accessions**

Taxon	Name	Origin
Beta vulgaris ssp. maritima		ITALY

**Experimental details for selected acc**

Experiment	Evaluating institute	Years	Design	Replications	Samples per Replication
261	Kleinwanzlebener Saat-Zucht A.G.	1998		1	79

**Methodology used for the selected descriptors**

Descriptor: Pythium ultimum  
Method: Pythium Brooms Barn  
Unit: State

Seeds are sown in partially sterilized soil inoculated with Pythium ultimum (0.75% w/w), previously grown on cornmeal-based medium for 3 weeks. A control treatment of 48 seeds for each accession is also sown in un inoculated partially sterilized soil. Those containing both un inoculated and inoculated seeds are maintained in a temperature-controlled greenhouse at 22°C with high soil moisture content for 3 weeks. Seedlings are scored for infection on a 0-5 scale (0= no infection, 4=seedling dead, 5= pre-emergence dead). Pre-emergence death is determined from the un inoculated control. The mean values for each accession are transformed to a standardized 1-9 scale.

**Cross tabulated results for selected descriptors**

TAXON_CULTIVAR	ACCESSION	IDBBNR	RHZOCTONIA_SOLANI	PYTHIUM_ULTIMUM
Beta vulgaris ssp. maritima	NEDECO 28927	2200	3	
Beta vulgaris ssp. maritima	NEDECO 28934	2215	1.4	
Beta vulgaris ssp. maritima	NEDECO 28936	2217		5

**Microsoft Excel - Exceldate[6].xls**

A1	A	B	D	E	F	G	H	P	Q	R	S	T	U	V
	TAXON_CULTIVAR	ACCESSION	DESCRIPOR	EXAMINATIONMETHOD	UNIT	EXP.TREATMENT		UNIVERSALABSOLUTEPERCENTAGE	NUMERIC	MINIMUM	MAXIMUM	STANDARD		
1	Beta vulgaris ssp. maritima	NEDECO 28927	Pythium ultimum	Rhizoctonia greenhouse test KW5	State	261 RHIZOCTONIA	3		88	0	4.00			
2	Beta vulgaris ssp. maritima	NEDECO 28927	Pythium ultimum	Rhizoctonia greenhouse test KW5	State	261 RHIZOCTONIA	2		47	0	1.6	38		
3	Beta vulgaris ssp. maritima	NEDECO 28934	Pythium ultimum	Rhizoctonia greenhouse test KW5	State	261 RHIZOCTONIA	3		1.44	0	4.00			
4	Beta vulgaris ssp. maritima	NEDECO 28934	Rhizoctonia solani	Rhizoctonia greenhouse test KW5	State	261 RHIZOCTONIA	3							
5	Beta vulgaris ssp. maritima	NEDECO 28936	Rhizoctonia solani	Rhizoctonia greenhouse test KW5	State	261 RHIZOCTONIA	3		1.24	0	4.00			

Abb. 2: Reportmasken und Excel Export der Online - IDBB  
Fig. 2: Reports and MS Excel export of the online IDBB



zu einer unnötig aufgeblähten Passport-Tabelle und dazu, dass die Akzessionsnummer nicht mehr als eindeutiger Schlüssel zum Verweis von anderen Tabellen verwendet werden kann. Im Rahmen der Überführung der EADB in Im Rahmen des „sharing of responsibilities“ ist es außerdem notwendig, eine Duplikatsuche bezüglich der in der EADB verzeichneten europäischen Sammlungen durchzuführen. In der IDBB wurde dies bereits in den 90er Jahren manuell durchgeführt. In der EADB sollen diese Aufgaben nun mit automatischer Unterstützung einer Datenbankanwendung durchgeführt werden. Dazu wurden folgender Prozeduren implementiert:

- a. Erzeugung einer Abfrage von potentiellen Duplikaten aus der Datenbank. Hierbei sind folgende Vergleiche zu berücksichtigen: Akzessionsnummer - Donornummer - Sammelnummer - andere Nummer - Akzessionsbezeichnung/-name. Die Verwendung von Präfixen und Suffixen bei den Nummern wird von verschiedenen Genbanken nicht einheitlich gehandhabt. Die Nummern werden daher in einen numerischen und einen Textteil aufgespalten, die getrennt berücksichtigt werden. Die Verwendung der o.g. Attribute ist oft nicht konsistent. Insbesondere sind „andere Nummern“ (OTHERNUMB) nicht klar zuzuordnen. Auch finden sich häufig Akzessionsnummern oder Sammelnummern in der Spalte des Akzessionsbezeichners (ACCNAME). Die Vergleiche müssen daher nicht nur innerhalb eines Attributs sondern attributübergreifend vorgenommen werden. Beim Vergleich von Bezeichnern muss von uneinheitlichen Schreibweisen abstrahiert werden (Groß-, Kleinschreibung nicht berücksichtigen, Leer- und Sonderzeichen herausfiltern, Textteile berücksichtigen).
- b. Interaktive (manuelle) Bereinigung des Suchergebnisses.
- c. Die Suche muss jeweils mit den neu gefundenen Duplikaten so lange iteriert werden, bis keine weiteren, den Bedingungen entsprechenden Datensätze, gefunden werden.
- d. Zusammenfassung aller verfügbaren gemeinsamen Herkunfts- oder Genotypinformationen für eine Duplikatgruppe in einem Datensatz der GENOTYP-Tabelle bzw. mit ihr verbundener Detailtabellen. Dabei interaktive Bereinigung der Genotyp-Information von in der Duplikatgruppe vorhandenen inkonsistenten Informationen.

Abstract:

A database application, assisting duplicate search in the EADB was implemented. Following attributes are used for finding duplicates: accession number, donor number, other number, collecting number, accession name. Several data cleansing mechanisms and a four step interactive process is necessary in the duplicate screening task.

(BAZ-8002, 8008)

Institut für Obstzüchtung  
 Institute of Fruit Breeding  
 Dresden-Pillnitz

Im 10. Jahr des Bestehens der BAZ kann das Institut für Obstzüchtung auf eine erfolgreiche Entwicklung zurückblicken. Wichtigstes Ziel in der Forschung ist die Bereitstellung von neuen Sorten und Unterlagen bei Baum- und Beerenobst für einen umweltschonenden Obstbau sowohl mit kontrollierter integrierter Produktion als auch ökologischer Produktion. Im Vordergrund steht dabei die Resistenzzüchtung zur weiteren Minimierung des Pflanzenschutzmittelbedarfs, aber auch die Erhöhung der Qualitätseigenschaften des Obstes für Verbraucher und Verarbeitungsindustrie. Im Ergebnis einer intensiven züchterischen Bearbeitung konnten seit Bestehen der BAZ eine Reihe von Sorten und Unterlagen bei verschiedenen Obstarten zum Sortenschutz angemeldet und für den Obstbau freigegeben werden (Tab. 1).

Tab. 1: Obstsorten und -unterlagen, für die die BAZ die Sortenrechte besitzt  
 Table 1: Scion and rootstock varieties of the BAZ

	Sortenschutz seit	Gemeinschaftssortenschutz EU seit
<b>Apfelsorten</b>		
Renora	1994	
Resi	1994	1999
Pia	1995	
Pirella	1995	1997
Releika	1995	
Rebella	1997	2002
Regine	1997	2002
Piflora	1999	
Pingo	1999	
Regia	2000	
Pikosa	Beantragt	
Pirouette	Beantragt	
Pisaxa	Beantragt	
Pivita	Beantragt	
Rekarda	Beantragt	
Recolor	Beantragt	
<b>Kirschenunterlage</b>		
Piku 4	2001	
<b>Sauerkirschsorten</b>		
Achat	Beantragt	
Jade	Beantragt	
Rubellit	Beantragt	
<b>Erdbeersorten</b>		
Frabella	2001	
Fraroma	2001	
Frasanta	2002	
<b>Himbeersorten</b>		
Saxa Rekord	2002	
Saxa Bliss	2002	

Die Forschungskonzeption des Institutes beinhaltet auch eine Verknüpfung klassischer Methoden der Klonzucht mit Methoden der Zell- und Gewebekultur, mit molekularbiologischen und gentechnischen Verfahren. Als wesentliche Forschungsergebnisse für das Jahr 2002 sind dabei zu nennen:

Für Süß- und Sauerkirschen konnte ein *In-vitro*-Labortest entwickelt werden, mit dem es möglich ist, die Resistenz gegenüber der Sprühfleckenkrankheit, die eine der wichtigsten pilzlichen Erkrankungen neben Monilia-Spitzendürre darstellt, zu evaluieren. Erste Kirschengenotypen wurden nunmehr durch künstliche Infektion mit dem Erreger geprüft, so dass resistente und tolerante Sorten und Wildarten beschrieben werden konnten.

Die seit 1987 durchgeführten Arbeiten zur Herstellung von DH-Pflanzen bei Apfel aus männlichen und weiblichen Gameten auf verschiedenen Wegen der Induktion *in vitro* wurden im Berichtsjahr abgeschlossen. Die im Ergebnis des Forschungsprojektes entstandenen Pflanzen wurden in *Ex-vitro*-Bedingungen überführt und sollen weiterhin unter verschiedenen wissenschaftlichen Gesichtspunkten evaluiert werden.

Ein wesentliches Forschungsergebnis auf dem Gebiet der Genomanalyse war die Entwicklung von diagnostischen molekularen Markern für die Vr-Schorfresistenz, die im Rahmen einer markergestützten Selektion eingesetzt werden können. Die molekulare Kartierung weiterer Schorf- und Mehltaresistenzen, darunter auch polygen vererbter Resistenzen, wurde intensiviert, da vor dem Hintergrund bereits beschriebener neuer Schorffrasen in der Apfelmzüchtung zunehmend das Ziel der Akkumulation von verschiedenen Resistenzen in einer Sorte verfolgt wird. Für eine effizientere Bearbeitung der Aufgaben im Bereich Markerentwicklung steht dem Institut seit Sommer 2002 ein automatisches Sequenziergerät zur Verfügung.

Im Mittelpunkt der gentechnischen Forschung stehen der Apfel und die Verbesserung der Resistenz gegenüber Feuerbrand, eine der gefährlichsten Krankheiten im Apfelanbau. Durch finanzielle Unterstützung über Projektmittel des Bundes und des Freistaates ist es möglich, eine Reihe von Untersuchungen auf dem Gebiet der Risikoforschung gentechnisch veränderter Pflanzen durchzuführen, die für mehrjährige Gehölze und Fremdbefruchter von besonderem Interesse sind.

Das Jahr 2002 war wie das vergangene Jahr von einem Umbruch im Wissenschaftlerbereich gekennzeichnet. Auf dem Gebiet der Erdbeersortenzüchtung fand ein Wechsel in der wissenschaftlichen Bearbeitung der Forschungsprojekte statt. Durch Umsetzung innerhalb der BAZ konnte am Institut die Arbeit auf dem Gebiet der Molekulargenetik nunmehr endlich tatkräftig in Angriff genommen werden. Für die Apfelsortenzüchtung gelang es, die Wissenschaftlerstelle zum neuen Jahr neu zu besetzen. Trotz der Einschränkungen durch das Rahmenkonzept für die Bundesforschung, das erhebliche personelle Einsparungen vorsieht, wird damit erstmalig wieder eine planmäßige und zielgerichtete wissenschaftliche Arbeit am Institut möglich. Dies wirkte sich insgesamt positiv auf die Arbeitsatmosphäre im Institut aus.

Das Institut reiht sich ein in die Pillnitzer Tradition. In diesem Jahr feierte Pillnitz das 80. Jubiläum seit der Gründung der „Höheren Lehranstalt“. Ein besonderes Merkmal der Pillnitzer Einrichtung war und ist die enge Verbindung von gärtnerischer Ausbildung und Forschungsarbeit für den Gartenbau, zu dem von Anfang an auch der Obstbau gehörte. Heute bilden mehrere Einrichtungen von Forschung und Lehre das „Grüne Zentrum Pillnitz“, in dem das Institut der BAZ einen wichtigen Beitrag leistet. Neben der Arbeit an Forschungsaufgaben beteiligen sich die WissenschaftlerInnen auch an der Ausbildung und Lehre: in diesem Jahr waren es 13 Diplomanden und Praktikanten, die in Zusammenarbeit mit der Hochschule für Technik und Wirtschaft Dresden, der Technischen Universität Dresden und der Sächsischen Bildungsgesellschaft als Volontäre eine Ausbildung in einem modernen Forschungsinstitut erhielten.

Am 25. Februar 2002 erfolgte nach 18-monatiger Bauzeit die Übergabe des neuen Kabinengewächshauses an das Institut als Nutzer. Es stehen nunmehr 31 modern ausgerüstete Gewächshauskabinen mit einer Nutzfläche von rund 1.550 m<sup>2</sup> zur Durchführung der vielfältigen Versuche und Aufgaben zur Verfügung. Erste Erfahrungen aus der diesjährigen Vegetationsperiode zeigen, dass sich unter den optimalen Bedingungen die Qualität der Versuchsergebnisse verbessert hat und höhere Wachstumsleistungen bei den Pflanzen erzielt werden. Für die gesamte Baumaßnahme einschließlich des Funktionsgebäudes und der Außenanlage investierte der Bund 4,188 Mio. €. Im September 2002 erfolgte der erste Spatenstich zur Vernetzung der Telefon- und Datennetze zwischen Labor- und Funktionsgebäude. Im Januar 2003 wird diese Anlage voraussichtlich in Betrieb gehen. Die Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft erneuerte in diesem Jahr die Pflanzenschutzstation, die die BAZ mitnutzt. Auch hier haben sich die Arbeitsbedingungen wesentlich verbessert.

Im August fielen im Raum Pillnitz innerhalb von zwei Tagen über 272 mm Regen. Diese gewaltige Niederschlagsmenge konnte vom Boden nicht mehr aufgenommen werden. In kurzer Zeit verwandelte sich das Versuchsfeld in eine Seenlandschaft und die Keller des Institutsgebäudes wurden über die Kellerfenster und -wände geflutet. Durch das Hochwasser der Elbe, das 3 Tage später folgte, waren die Einrichtungen des Instituts glücklicherweise nicht betroffen. Der Pegelstand der Elbe erreichte den Pillnitzer Platz und blieb unmittelbar vor dem Laborgebäude stehen. In diesen Tagen waren die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Instituts physisch und psychisch stark gefordert, zumal auch persönliche Schicksale mit dieser Situation verbunden waren. Erst 10 Tage später normalisierte sich die Lage an der Elbe wieder. Die Freilandflächen waren durch das aufgestaute Wasser stark geschädigt und eine Bodenbearbeitung dringend notwendig. In einer einmaligen Welle der Solidarität unterstützten uns in fünf Arbeitseinsätzen Mitarbeiter der BAZ-Standorte Quedlinburg und Aschersleben mit Hacke, Sense und Pflanzkelle, bis alle liegen gebliebenen Arbeiten erledigt waren.

Zum 1. Januar 2003 wird die Genbank Obst des Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben in das Institut für Obstzüchtung integriert. Damit übernimmt die BAZ die Aufgabe, genetische Ressourcen von Kern-, Stein-, Beeren- und Wildobst zu sammeln, zu erhalten, zu evaluieren und zu nutzen.

In the tenth year of existence of the BAZ, the Institute for Fruit Breeding in Dresden Pillnitz is looking back on a successful development. The major objective of research is to provide 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. Since the formation of the BAZ, the intensive breeding work resulted in the release of several cultivars and rootstocks of different species which are accessible for fruit growers (Tab. 1).

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 2002 are highlighted:

For sweet and sour cherries an *in vitro* assay has been developed to evaluate resistance to leaf spot, one of the most important fungal diseases in cherry. Using artificial inoculation, first cherry genotypes were tested and resistant/tolerant varieties as well as wild species could be found.

Research on the development of DH-plants in apple originated from male and female gametes using different ways of induction *in vitro*, which started in 1987, was completed this year. From this research resulted plants were transferred *ex vitro* and will be evaluated under various scientific points of view.

One of the most important results in the field of genome analysis was the development of diagnostic molecular markers for Vr scab resistance which can be used in marker assisted selection. Taking in mind the development of new scab races, molecular research for scab and mildew resistances of monogenic but also polygenic origin was intensified to accumulate different resistances in a single cultivar by apple breeding. To realize a more efficient development of markers, since summer this year the institute has got an automatic sequencer.

In the field of genetic engineering, the research is focused on apple and the improvement of resistance to fire blight, one of the most serious diseases in apple production. Financial support of the State of Saxony and the Federal Republic enabled the institute to work on a range of projects and investigations in the field of risk assessment for genetically modified plants, which is especially important for perennials and cross-pollinated crops.

As the year before, 2002 was again characterised by change of personnel in the scientific area. In the strawberry breeding section, the position of the scientist was newly manned and it was finally possible to establish the section of molecular technology in the institute by a change of one scientist within the BAZ. Moreover, it was possible to reoccupy the position of the apple breeder for the beginning of next year. Despite the restrictions which are caused by the frame conception for research in the Federal Republic, in which substantial reductions in personnel are intended, it is again possible to restart a precise and systematic scientific work in the institute now. This also improved largely the overall atmosphere.

The institute follows a long tradition of horticulture in Pillnitz. This year the 80<sup>th</sup> anniversary of the foundation of the „Höhere Lehranstalt“ (Institut of Higher Education) was celebrated, which always provided a close co-operation of horticultural education with scientific work and fruit growing has been an important part of this from the beginning on. Today there are several institutions for research and education which forms the „Green Centre of Pillnitz“ and the BAZ institute contributes greatly. Besides working in research, the scientists take part in the education in co-operation with the University of Applied Sciences (HTW), the Dresden University of Technology (TUD) and the Saxon Society for Education: in this year 13 students had the possibility to gain work experience in a modern research institute during a training or diploma project.

After an 18 month building period, the key for the new glasshouse was handed over to the institute on the 25<sup>th</sup> of February. Now there are 31 high technically equipped compartments with a total area of 1550 m<sup>2</sup> available for various uses in the experiments and projects. First results of this year's season reveal that the optimum conditions which can now be achieved allow an improvement of the results and lead to a more vigorous plant growth. The building project, which also includes a functional building with social rooms, offices and sanitary facilities meant a large scale investment of 4.188 millions € in total for the Federal Republic. In September 2002, work on the connection of telephone and computer network between institute and functional building was started and is expected to be finished in January 2003. The Saxon State Centre for Agriculture has modernised its station for pesticides which is also used by the BAZ institute. This was another important improvement of the working conditions for the Institute for Fruit Breeding.

In August, the region around Pillnitz had more than 200 mm of rainfall within two days. This massive amount of water was too much to be absorbed by the ground and within a short period of time the orchards were turned into a small lake district and the basement of the institute was flooded through the windows and cellar walls. Fortunately, the institute building was not affected by the flood of the river Elbe, which followed only three days later. The water level of the Elbe in Pillnitz reached the Pillnitzer Platz and stopped there, close to the laboratory building. These days cost the

staff much, mentally and physically, especially as some colleagues were affected personally with their homes being flooded. Not until ten days later, the situation along the river began to normalise again. The orchards and fields had been seriously damaged by the dammed up water and soil treatments were urgently needed. As a unique sign of solidarity, we were supported in this by colleagues of the BAZ institutes in Aschersleben and Quedlinburg, who came the long way to Dresden with hoe, scythe and other to help in the fields until all work was finished.

With the 1<sup>st</sup> January 2003 the fruit gene bank will be integrated into the Institute for Fruit Breeding. The main topic is the collection, conservation and evaluation of fruit genetic resources of pome and stone fruit, berries and fruit wild species.



# 1. Züchtung Breeding

## 1.1 Entwicklung von Apfelsorten mit multipler Resistenz gegen *Venturia inaequalis*, *Podosphaera leucotricha*, *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae*, *Panonychus ulmi* in Kombination mit hoher Produktqualität

### Development of apple cultivars with multiple resistances to *Venturia inaequalis*, *Podosphaera leucotricha*, *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae* and *Panonychus ulmi* combined with high product quality

Fischer, C., Hanke, V.

#### Zielsetzung/Aim:

Das langjährige Apfelzüchtungsprogramm beinhaltet: Züchtung neuer Apfelsorten mit hoher Resistenz gegen biotische und abiotische Schadfaktoren, mit hoher Fruchtqualität und hohen, stabilen Erträgen, mit hoher Ertragssicherheit; Züchtung auf dauerhafte Mehrfachresistenz, vor allem gegen Schorf, Mehltau und Feuerbrand als die ökonomisch wichtigsten Krankheiten sowie hohe Winterfrosthärte, gekoppelt mit hoher Fruchtqualität; Herstellung neuer, multipel resistenter Donoren; Prüfung der Stabilität der Resistenzen im Feldbestand; Vererbung der Resistenzen und obstbaulicher Merkmale.

In the long-term apple breeding program at Pillnitz the following characteristics will be combined: high fruit quality, regularly high productivity, resistance to economically important diseases especially scab, mildew, fire blight. Further breeding aims: durability of multiple resistances, development of multiple resistant donors, screening for resistance durability in the open ground, heritability of breeding objectives.

#### Ergebnisse:

Im Berichtsjahr wurde aufgrund eines bevorstehenden Wechsels in der wissenschaftlichen Bearbeitung das seit den 70er Jahren realisierte Zuchtprogramm bei Apfel, das insbesondere auf die Resistenzzüchtung orientiert war, zu einem gewissen Abschluss gebracht. Im Verlauf von ca. 30 Jahren sind in Pillnitz 24 neue Apfelsorten gezüchtet worden. Durch Verknüpfung einer anwendungsorientierten Züchtungsforschung, praktischer klassischer Klonzüchtung und Sortenprüfung konnten Sorten zugelassen und herausgegeben werden, die eine gute Fruchtqualität und Ertragsleistung mit Resistenzeigenschaften gegen die wirtschaftlich wichtigen Schaderreger Schorf, Mehltau, Feuerbrand, Obstbauspinnmilbe, Bakterienbrand und die abiotischen Schadfaktoren Winterfrost und Spätfrost in sich vereinigen. Es entstanden sowohl Tafelapfelsorten für den Frischverzehr als auch Sorten für die Verarbeitung zur Nutzung im umweltschonenden, kontrolliert integrierten Erwerbsobstbau als auch zur Nutzung im ökologischen Obstbau, Klein- und Hausgarten. Pillnitzer Sorten mit sehr guter Fruchtqualität sind als 'Pi'-Sorten in Deutschland, Europa und Übersee bekannt geworden. Die Sorten der

'Re'-Serie zeichnen sich insbesondere durch ihre Widerstandsfähigkeit (Resistenz) gegenüber Krankheiten und Schädlingen aus. Hervorzuheben ist die Stabilität dieser Resistenzeigenschaften, die bisher an den meisten Standorten in Deutschland erhalten geblieben ist. Einen besonderen Erfolg der Züchtungsarbeit stellen die mehrfach resistenten Sorten 'Rebella', 'Regia', 'Regine', 'Reglindis', 'Rewena', 'Remo' und 'Reanda' dar. Mit diesen Sorten lässt sich im Apfelanbau ein weiterer Fortschritt erreichen, u. a. durch Verminderung der Fungizidspritzungen. Diese Sorten stellen aber auch eine wichtige Grundlage für die zukünftige Züchtung dar: Durch Pyramidisierung von verschiedenen monogenen Resistenzen und durch Anreicherung polygener Resistenzen in einem Genotyp kann das Durchbrechen von Resistenzen verhindert werden. Die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen ist Sortenrechtsinhaber für die Sorten 'Pia', 'Piflora', 'Pingo', 'Pirella', 'Rebella', 'Regia', 'Releika', 'Renora', 'Resi' und 'Regine', die Vermehrungs- und Nutzungsrechte wurden vergeben. Für die Sorten 'Rebella' und 'Regine' besteht seit 2002 Gemeinschaftlicher Sortenschutz innerhalb der Europäischen Gemeinschaft.

Tab. 1: Sortenempfehlungen für die Nutzung der Pillnitzer Apfelsorten (nach M. Fischer, 2002)

Table 1: Recommendation of the Pillnitz varieties for different purposes

für Erwerbsobstbau	Piros, Pia, Pirella, Piflora, Pinova, Pingo, Pilot	Retina, Reglindis, Resi, Reanda, Rebella, Renora, Regine, Regia
für Bio-Anbau	Piros, Pingo, Pilot	Retina, Reka, Reglindis, Resi, Reanda, Rebella, Rewena, Regia, Renora, Regine, Relinda
für Haus- und Kleingarten	Piros, Pia, Piflora, Pingo	Reglindis, Resi, Rebella, Regia, Renora, Regine, Retina
für Landschaftsgestaltung und Streuobstanbau	-----	Retina, Reka, Relinda, Rewena
für Verarbeitung	Pikant, Pingo, Pilot	Remo, Rewena, Rene, Relinda

#### Abstract:

In 2002, the breeding programme for apple which was started in the 70-ies and primary orientated on resistance breeding strategy was completed due to the forthcoming alteration of the scientist being in charge. During 30 years of breeding, 24 new apple cultivars were selected. Combining applied breeding research, classical clonal breeding and testing of candidates new varieties were recommended for fruit growing characterized by a good fruit quality,

yield capacity and resistance to economically important diseases like scab, mildew, fire blight, bacterial blight and abiotic stress factors like winter and spring frost. New varieties are available for fresh market as well as for processing used in an integrated fruit production, biological fruit production and in house gardening. The Pillnitz varieties of the 'Pi' and of the 'Re' series are well-known in Germany, Europe and over-seas. The Re-varieties are resistant to diseases and pathogens with high durability in most German regions. An exceptional success was obtained in multiple resistant cultivars 'Rebella', 'Regia', 'Regine', 'Reglindis', 'Rewena', 'Remo' and 'Reanda'. In fruit production, using these varieties, the application of fungicides can be reduced. These varieties are also the basis for further breeding work: pyramiding several monogenic resistances and accumulating polygenic resistances in a single genotype can avoid the breakdown of resistance. The Federal Centre for Breeding Research in Cultivated Plants is the owner of breeder's rights in 'Pia', 'Piflora', 'Pingo', 'Pirella', 'Rebella', 'Regia', 'Releika', 'Renora', 'Resi' and 'Regine', the propagation rights were given to others.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Aschersleben, Richter, Habekuß, Proeseler; IPK, Genbank Obst, Dresden-Pillnitz, Fischer, Geibel; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden-Pillnitz, Handschack, Wilcke, Wiedemann; INRA, Angers, Frankreich, Laurens, Lespinasse; EFA, Wädenswil, Schweiz, Kellerhals; ETH, Zürich, Schweiz, Gessler, Koller; Cornell University, Geneva, USA, Brown.

(BAZ-4101)

## 1.2 Reduktion chemischer Pflanzenschutzmittel in der Apfelproduktion zum Vorteil für Verbraucher und Anbauer durch ein Entwicklungskonzept zur Erhöhung dauerhaft natürlicher Resistenz gegenüber Krankheiten

**Kurztitel: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel**

**Reducing chemical input in apple production in response to consumer and growers environmental concerns by increasing the durability of natural disease resistance**

**Short title: Durable disease resistance in apple (D.A.R.E.)**

Fischer, C.; Urbanietz, A.; Dunemann, F.

Zielstellung/Aim:

Entwicklung von neuem, dauerhaft resistentem Pflanzenmaterial beim Apfel gegen Schorf und Mehltau, Bearbeitung eines Netzwerkes der Pathogene über die Verbreitung und das Auftreten von verschiedenen Biotypen der Pilze, Erarbeitung von Grundlagen für Entwicklung und Marketing neuer Apfelsorten mit dauerhafter Resistenz gegen Schorf und Mehltau.

Development of plant material, a pathogen observation network, knowledge and methodologies, basic for the cre-

ation and marketing of new apple varieties carrying durable resistance against scab and powdery mildew.

Ergebnisse:

Die im Rahmen der Laufzeit des EU-Projektes D.A.R.E. (bis April 2002) durchgeführten praktischen Arbeiten zur Evaluierung von Apfelsorten und Kreuzungsnachkommenschaften hinsichtlich einer stabilen Schorf- und Mehltaresistenz wurden mit Ende der Vegetationsperiode 2001 abgeschlossen. Die am Institut für Obstzüchtung Dresden-Pillnitz erarbeiteten Ergebnisse im Arbeitspaket „Charakterisierung des Resistenzstatus von Apfelsorten“ wurden bereits im Jahresbericht 2001 vorgestellt.

Tab. 1: Liste von Apfelsorten und -arten, welche als mehltaresistent (++) bzw. mehltautolerant (+) eingestuft werden konnten; die Klassifizierung basiert auf den informativsten Boniturnoten (Ahrensburg - Gewächshaus 1999-2001; Dresden Feld 2001; Wädenswil Feld 2001), [o - einzelne Mehltausymptome; nd - keine Daten]

Table 1: List of apple cultivars/species that are regarded as powdery mildew resistant (++) or tolerant (+), respectively; classification based on most informative data sets (Ahrensburg-Glasshouse 1999-2001; Dresden-Field 2001; Wädenswil Field - 2001), [o = some mildew symptoms observed, nd = no data]

Sorte/Art/Cultivar/Species	Ahrensburg	Dresden	Wädenswil
Democrat	+	o	o
Dülmener Rosenapfel	++	++	++
Maiden's Blush	o	o	+
Melba	o	+	o
Peasgood's Nonsuch	+	o	o
Pi-AS-22/17	o	+	++
Rote Sternrenette	++	+	++
Discovery	+	o	+
M. robusta persicifolia	++	++	++
M. zumi calocarpa	o	++	++
White Angel (E295-4)	++	nd	nd
D12 (Original)	++	++	++
D12 (A871-14)	++	nd	nd
Mildew Immune Seedling	++	++	++
M. hupehensis (E334-62)	++	++	nd
M. hupehensis (745)	++	++	nd
M sargentii	nd	+	++
M. sieboldii	nd	+	+
M. baccata 'Jackii'	++	nd	+
M. baccata mandshurica	++	nd	nd
M. trilobata (428)	++	nd	nd



Nach Auswertung aller vorliegenden Daten kann als Zusammenfassung für das Gesamtprojekt für den Apfelschorf Folgendes festgehalten werden: Nach Resistenztestungen im Gewächshaus auf der Grundlage von insgesamt 14 lokalen Mischinokula und definierten Schorfisolaten, die teilweise speziell für dieses Vorhaben erstellt wurden, konnten neun Apfelsorten mit einer breiten, d. h. rassenspezifischen, Schorffresistenz identifiziert werden. Es handelt sich hierbei um die Sorten 'Colapuis', 'Ruban', 'Firiki', 'Z190', 'Discovery', 'Alkmene', 'Durello di Forli', 'Lombarts Calville' und 'Dülmener Rosenapfel'. Letztere Sorte war als einzige Sorte gegen alle getesteten Inokulate und Rassen resistent und stellt daher einen ausgezeichneten potentiellen Kreuzungspartner in Apfelmehltauprogrammen dar. Die im „European network of core orchards for scab assessment“ zusammengetragenen Freiland-Boniturergebnisse für Schorf haben gezeigt, dass die Schorffrasse 7, welche in der Lage ist, den ursprünglichen  $V_f$ -Resistenzdonor *Malus floribunda* 821 zu überwinden, mittlerweile in Belgien, England, Deutschland, den Niederlanden und in der Schweiz präsent ist. Die ebenfalls virulente Rasse 6, die erstmals in Deutschland (Ahrensburg) gefunden wurde, scheint auch in Frankreich und in den Niederlanden aufzutreten. Unter den im Freilandversuch geprüften polygen resistenten Sorten zeigten 'Durello di Forli' und 'President Roulin' an sechs verschiedenen europäischen Standorten eine gute Resistenz. Fünf weitere Sorten ('Colapuis', 'Discovery', 'La Paix', 'Rote Sternrenette' und 'TN 10-8') konnten an fünf der sechs Standorte als schorffresistent klassifiziert werden. Es zeigte sich, dass die Ergebnisse der Blatt- und Fruchtbonituren nicht immer gut korrelieren. Es ist daher auch in Zukunft erforderlich, für beide Parameter jeweils eigene Schorfbonituren vorzunehmen.

Beim Apfelmehltau waren in Abhängigkeit der sehr unterschiedlichen klimatischen Bedingungen an den fünf europäischen Teststandorten Ahrensburg, Dresden-Pillnitz, Wädenswil (Schweiz), Angers (Frankreich) und East Malling (England) teilweise sehr uneinheitliche Befallsmuster zu verzeichnen. Die informativsten Mehltau-Boniturergebnisse im Gewächshaus wurden in einem dreijährigen Versuch am Institut für Zierpflanzenzüchtung der BAZ in Ahrensburg zusammengetragen. Seit dem Jahr 1998 war hier das bei allen Partnern zu prüfende Mehltau-Testsortiment, bestehend aus mehr als 20 überwiegend älteren europäischen Apfelsorten und einigen als resistent geltenden Wildarten sowie mehreren anfälligen Kontrollsorten, unter optimalen Befallsbedingungen in einem Foliengewächshaus kultiviert worden. Die informativsten Freilanddaten, d. h. quantitative Befallsdaten nach natürlichem Mehltaubefall, wurden am Institut für Obstzüchtung in Dresden-Pillnitz und bei der ETHZ-FAW in Wädenswil (Schweiz) ermittelt. Als Ergebnis ist eine Liste von *Malus*-Genotypen entstanden, welche standortunabhängig ein hohes Maß an Resistenz aufwiesen und somit als Kreuzungspartner in zukünftigen Apfel-Resistenzuchtprogrammen besonders zu empfehlen sind (Tab. 1). Als mit Abstand beste Kultursorten bezüglich einer stabilen Mehltauresistenz konnten 'Dülmener Rosenapfel' und 'Rote Sternrenette' ermittelt werden.

Abstract:

The D.A.R.E project (Durable Apple Resistance in Europe) was finished end of April 2002. Summarizing the pathological work of all European partners within Subtask 1 (characterisation of the resistance status of a large range of apple cultivars) this is the conclusion: Nine cultivars with a broad spectrum of resistance to scab have been identified after greenhouse tests with 14 strains/inocula. Some of these strains were isolated in another part of this project. The cultivars 'Colapuis', 'Ruban', 'Firiki', 'Z190', 'Discovery', 'Alkmene', 'Durello di Forli' and 'Lombarts Calville' were resistant to a large range of scab inocula. One cultivar ('Dülmener Rosenapfel') was resistant to all the tested inocula. The good level of resistance has been confirmed in core orchards for two cultivars. The final evaluation of the phenotypic scoring data points out the necessity to evaluate scab resistance on both leaves and fruits. Microscopic characterisation of resistance symptoms allowed to define additional parameters such as percentage of conidia germination on leaves, mycelium aspect, sporulation intensity, annelation number, host reaction, which better depict the interaction between the strain and the cultivar. Resistance breakdown of  $V_f$ -resistant cultivars was better described with such parameters than with macroscopic evaluations. A list of cultivars or wild species genotypes with high resistance to powdery mildew was also established thanks to greenhouse and field tests. Certain cultivars such as 'Discovery' or 'Dülmener Rosenapfel' appeared to be highly resistant to both scab and powdery mildew in different environments.

In Zusammenarbeit mit: BAZ Ahrensburg; INRA Angers, Frankreich, Lespinasse, Durel; CPRO-DLO Wageningen, Niederlande, Schouten, van der Weg; ETH und FAW Zürich und Wädenswil, Schweiz; Gessler, Kellerhals; HRI East Malling, England, Evans, James; DCA-BO Bologna, Italien, Sansavini, Tartarini; NAGREEF Naoussa, Griechenland, Manganaris; CRA Gembloux, Belgien, Lateur.

(EU-Projekt FAIR5-CT97-3898)

### 1.3 Entwicklung ertragreicher Sauerkirschensorten 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**

Schuster, M.

Zielsetzung/Aim:

Züchtung von neuen selbstfertilen Sauerkirschensorten mit guter Fruchtqualität und Verarbeitungseignung, mit Resistenz bzw. Toleranz gegenüber *Monilinia* spp., *Blumeriella jaapii*, *Pseudomonas syringae* sowie Spätfrosttoleranz. Gezielte Kreuzungskombinationen; Selektion von Sämlingen; Resistenzprüfungen; Generationsbeschleunigung;

markergestützte Selektion; Prüfung der Verarbeitungseignung; obstbauliche Prüfung; Vererbungsanalysen.

Breeding of new self-compatible sour cherry cultivars with high fruit quality and processing ability, with resistance or tolerance to *Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii*, *Pseudomonas syringae* and spring frost. Controlled hybridizations; seedlings selection; resistance screenings; acceleration of generations; marker-assisted selection; test of fruit processing; fruit growing qualification tests; inheritance analysis.

Ergebnisse:

Im Berichtszeitraum wurden 16 Kreuzungskombinationen realisiert. Im Mittelpunkt standen dabei die Übertragung von Fruchtqualitätsmerkmalen und die Krankheitsresistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz und der Monilia-Spitzendürre. Von den 10.309 bestäubten Blüten konnten 684 Früchte geerntet werden (Ø Ansatz: 6,6 %). Aus den Kreuzungen des Vorjahres wurden in diesem Jahr 372 Sämlingsbäume im Versuchsfeld ausgepflanzt.

Die genetischen und molekularen Untersuchungen bei Sauerkirschen wurden an der Kreuzungskombination 'Köröser Gierstädt' x 'Vowi' fortgeführt. Hierzu wurden neben phänologischen, inhaltsstofflichen und Ertragsmerkmalen die Fertilität und die Reaktion gegenüber Krankheiten bewertet. Die beiden Kreuzungseltern unterscheiden sich in ihrem Habitus, den Fruchtmerkmalen, der Fertilität und in ihrer Reaktion gegenüber Pathogenen. Zur Frage der Selbstinkompatibilität wurden der Fruchtansatz nach Selbstung und „freier Abblüte“ bestimmt sowie fluoreszenzmikroskopische Untersuchungen zum Pollenschlauchwachstum im Griffel durchgeführt.

In Fortführung der Arbeiten zur Krankheitsresistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz, *Blumeriella jaapii*, wurden neue Infektionsmethoden im Gewächshaus und im Labor geprüft. Siehe hierzu die Ergebnisse im Projekt BAZ-4121. Im Ergebnis eines Infektionstests im Labor mit 38 Sauerkirschenarten und -klonen konnten 8 Sorten mit einem Befallstyp (0-2) resistent gegenüber dem Sprühfleckenpilz bewertet werden. Die erhaltenen Ergebnisse müssen in einem Freilandtest unter natürlichen Infektionsbedingungen in den nächsten Jahren bestätigt werden.

Abstract:

16 cross combinations were realized to continue the breeding program. 684 fruits were harvested (fruit set 6,6 %) from 10.309 pollinated blossoms. 372 new seedlings of the last season were planted in the orchard. The genetic and molecular evaluation of a F<sub>1</sub>-population 'Köröser Gierstädt' x 'Vowi' has been continued.

In result of an inoculation test, 38 sour cherry cultivars or clones were tested for leaf spot resistance in the lab. 8 cultivars showed a resistant reaction type. These results have to be confirmed under field conditions in the next years.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden-Pillnitz, Wiedemann, Großmann; IPK, Genbank Obst, Dresden-Pillnitz, Fischer; LVA Erfurt, Möhler; LVA Müncheberg, Schwärzel; SLVA Oppenheim, Hilsendegen; Michigan State University, East Lansing, USA, Iezzoni; Research Institute of Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, Apostol, Bujdosó.

(BAZ-4102)

#### **1.4 Entwicklung von Sübkirschensorten mit Selbstfertilität, hoher Produktivität und Toleranz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Blumeriella jaapii*, *Monilinia* ssp., *Pseudomonas syringae*)**

**Development of sweet cherry cultivars with self-fertility, high fruit quality and tolerance to diseases (*Blumeriella jaapii*, *Monilinia laxa*, *Pseudomonas syringae*)**

Schuster, M.

Zielsetzung/Aim:

Züchtung von Sübkirschensorten mit hoher Fruchtqualität (Fruchtgröße, -farbe, -festigkeit und geringe Platzempfindlichkeit), Selbstfertilität und Toleranz gegen *Blumeriella jaapii*, *Monilinia* ssp., *Pseudomonas syringae* und Spätfrost. Gezielte Kreuzungskombinationen; Selektion von Sämlingen; Resistenzprüfungen; Generationsbeschleunigung; befruchtungsbiologische Untersuchungen; markergestützte Selektion; Prüfung der Verarbeitungseignung; obstbauliche Prüfung; Vererbungsanalysen.

Breeding of sweet cherry cultivars with high fruit quality (fruit size, fruit firmness, fruit color, low susceptibility to cracking), self-compatibility and tolerance to *Blumeriella jaapii*, *Monilinia* ssp., *Pseudomonas syringae* and spring frost. Controlled hybridizations; seedlings selection; resistance screenings; acceleration of generations; investigations on fertility; marker-assisted selection; test of fruit processing; fruit growing qualification tests; inheritance analysis.

Ergebnisse:

Im Rahmen des diesjährigen Kreuzungsprogramms wurden wie im vergangenen Jahr Kreuzungskombinationen mit zuchtmethodischem Schwerpunkt durchgeführt. Im Mittelpunkt standen dabei Fragen zur Vererbung der Resistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz, *Blumeriella jaapii*, in *Prunus canescens*. Von den 1.087 bestäubten Blüten konnten aber nur 37 Früchte (3,4 %) geerntet werden. Ungünstige Witterungsbedingungen erschwerten in diesem Frühjahr die Kreuzungsarbeiten. Aus den Kreuzungen des Vorjahres wurden in diesem Jahr 119 Sämlingsbäume in das Versuchsfeld ausgepflanzt.

In Fortführung der Arbeiten zur Resistenz gegenüber dem Erreger der Sprühfleckenkrankheit, *Blumeriella jaapii*, erfolgten methodische Untersuchungen und Resistenztests im Labor und im Gewächshaus. Voraussetzung für einen

erfolgreichen Infektionsversuch ist neben optimierten Infektionsbedingungen der Einsatz einer definierten Erregersuspension. Da die Konidienanzahl in den Inokulaten, welche von *in-vitro*-vermehrten Sprühfleckenpilzen gewonnen wurden, zu gering war, erfolgten Untersuchungen zur Nutzung der Konidien von trockengelagerten, natürlich in-



Abb. 1: Herstellung von Konidiensuspensionen von *Blumeriella jaapii* von trockengelagerten, infizierten Blättern und von *in-vitro*-vermehrten Pilzen  
 Fig. 1: Conidia suspension of *Blumeriella jaapii* of dry stored infected leaves and of *in vitro* propagated fungus

fizierten Blättern (Abb. 1). Im Ergebnis zeigte sich, dass die trockengelagerten, infizierten Kirschenblätter bis zu einem Jahr erfolgreich zur Herstellung von Inokulaten verwendet werden können.

In Zusammenarbeit mit K. Tobutt vom HRI East Malling erfolgten Resistenztests gegenüber dem Sprühfleckenpilz an Süßkirschensorten, Kirschenwildarten und F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften (Artbastarde). Hierzu wurden die Genotypen im Gewächshaus handveredelt und angezogen. Im Ergebnis des Resistenztests im Labor mit abgetrennten Blättern oder Blattstücken konnten 8 Wildarten (*P. sargentii*, *P. serrulata* var. *spontanea*, *P. subhirtella pendula rosea*, *P. incisa*, *P. canescens*, *P. kurilensis*, *P. nipponica*, *P. maackii*) mit einem Befallstyp 0-1 für resistent und eine Art (*P. dawyckensis*) als anfällig beurteilt werden. Die neun untersuchten Süßkirschensorten zeigten alle Anfälligkeit gegenüber *B. jaapii*. Bei den F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften konnten 6 Populationen bonitiert werden, welche das Merkmal Sprühfleckenresistenz in resistente und anfällige Genotypen spalteten. Fünf Populationen zeigten keine Spaltung für dieses Merkmal. Alle Sämlinge waren resistent. Weiterführende Untersuchungen sollen die Resistenz im Freiland bewerten.

**Abstract:**

Cross combinations were made to investigate the inheritance of resistance to leaf spot, *Blumeriella jaapii*, in *Prunus canescens*. A hybrid of *P. avium* x *P. canescens* was used as resistant crossing parent. In result of the pollination of 1087 flowers 37 fruits were harvested (3,4 %

fruit set). In an inoculation test sweet cherry cultivars, cherry species and F<sub>1</sub>-progenies were tested for resistance to leaf spot in the lab. In results, 8 cherry species showed resistance to leaf spot (reaction type 0-1), *P. sargentii*, *P. serrulata* var. *spontanea*, *P. subhirtella pendula rosea*, *P. incisa*, *P. canescens*, *P. kurilensis*, *P. nipponica*, *P. maackii*. The cherry species *P. dawyckensis* showed a susceptible reaction to leaf spot. All investigated 9 sweet cherry cultivars are susceptible. 6 F<sub>1</sub>-progenies showed a segregation in resistant and susceptible genotypes to leaf spot infection. 5 F<sub>1</sub>-populations did not show any segregation to leaf spot infection. All genotypes were resistant.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden-Pillnitz, Wiedemann, Großmann; IPK, Genbank Obst, Dresden-Pillnitz, Fischer; LVA Erfurt, Möhler; LVA Müncheberg, Schwärzel; SLVA Veitshöchheim, Siegler; Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Großhansdorf, Schüler; HRI, East Malling, Großbritannien, Tobutt, Sonneveld; Research Institute of Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, Apostol, Bujdoso; Research and Breeding Institute, Holovousy, CZ, Blazkova.

(BAZ-4121)

**1.5 Züchtung von Erdbeersorten mit hoher Resistenz gegen pilzliche Schaderreger und hoher Qualitätsleistung für integrierte und biologische Anbauverfahren**

**Breeding of high quality cultivars of strawberry with a high degree of resistance to fungal pathogens for integrated and biological cultivation methods**

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 ist 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 color, -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:

Im September 2002 erfolgte ein Neustart auf dem Gebiet der Erdbeerzüchtung. Erste Aufgabe war die Definition der zukünftigen Züchtungsziele zur Selektion von neuen Sorten, die den Anforderungen eines umweltschonenden



Abb. 1: Isolation von *Verticillium dahliae* aus Blattstielen kranker Pflanzen

Fig. 1: Isolation of *Verticillium dahliae* from petioles of diseased plants

Erwerbsanbaus genügen. Neben den fruchtspezifischen und leistungsorientierten Parametern steht die Festlegung auf resistenzzüchterische Arbeiten zu besonders praxisrelevanten Krankheiten. Mit dem Aufbau aktueller Erregerstammsammlungen zu den drei genannten Pathogenen wurde begonnen. Über die Isolation aus erkrankten Pflanzen konnten drei neue Isolate von *Verticillium dahliae* ge-

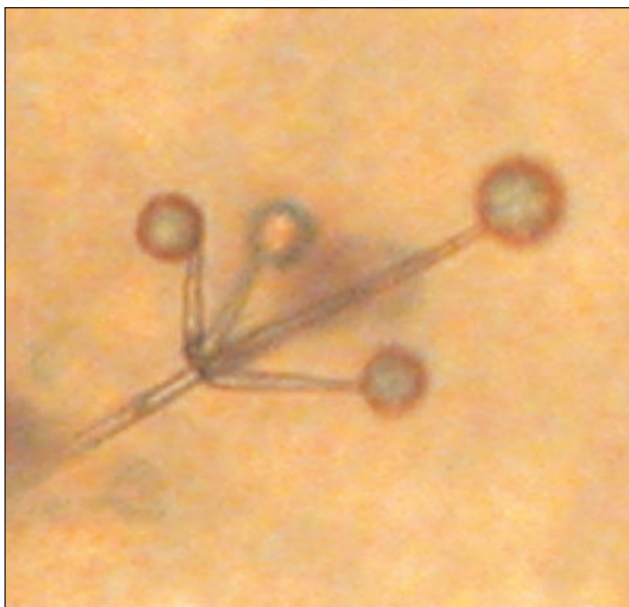


Abb. 3: Phyalide von *Verticillium dahliae*

Fig. 3: Phyalides of *Verticillium dahliae*

wonnen werden. Erregerisolate anderer Institute und die mikroskopische bzw. differentialdiagnostische Arbeit mit den Isolaten bilden die notwendige Basis für Resistenztestungen 2003. Ein erster Gewächshausversuch zur Testung auf *Verticillium*resistenz mit Sorten und Zuchtklonen von *Fragaria x ananassa* befindet sich in der Durchführung.

Kreuzungspläne für 2003 sind erarbeitet.

Abstract:

One of the first tasks was the definition of breeding aims specific to the German background. In addition to parameters which are specific to fruit characteristics and productivity, resistances are relevant for cultivation. In order to establish a reliable base for resistance evaluation (*Verticillium dahliae*, *Colletotrichum acutatum*, *Phytophthora fragariae* var. *fragariae*) collections of topical isolates of different origins have to be assembled. Pathogen isolation from diseased plants led to three isolates of *Verticillium dahliae*, requiring microscopic analysis. Successful effort has been made to exchange isolates with other institutes. This creates the necessary background for resistance breeding in 2003.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogenagnostik, Aschersleben, Gabler; BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Kopahnke; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden, Krieghoff, Mirsch, Schumann.

(BAZ-4136)

## 2. Züchtungsforschung Breeding Research

### 2.1 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 of 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; Beurteilung des Shelf-life; Bestimmung von sensorischen Eigenschaften (Verkostungen).

Analysis of quality determining features of the fruit in breeding material of strawberry, cherry and apple 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; evaluation of shelf-life; sensorical characterization (degustations).

Ergebnisse:

In der Erntesaison 2002 wurden bei Erdbeere ca. 130 Klone unterschiedlicher Selektionsstufen sowie die wichtigsten sich im kommerziellen Anbau befindlichen Sorten auf ihren Gehalt an löslicher Trockensubstanz (Brix-Werte), bezüglich des pH-Wertes als Anhaltspunkt für den Säuregehalt sowie hinsichtlich der Fruchtfestigkeit untersucht. Des Weiteren liegen die Daten über die Gewichts- bzw. Größenklassenanteile am Gesamtertrag sowie die Anteile unverkäuflicher Früchte vor. Die statistische Verrechnung der Daten der einzelnen Versuche muss noch erfolgen.

Bei Sauerkirsche wurden 24 Sorten, 10 Klone und 123 Selbstungen der Kombination 'Köröser Gierstädt' x 'Vowi' hinsichtlich ihres Gehalts an löslicher Trockensubstanz, titrierbarer Säure (bezogen auf Weinsäure) und Vitamin C sowie der Farbstoffintensität des Saftes untersucht. Die Werte für die lösliche Trockensubstanz lagen in Abhängigkeit vom Genotyp zwischen 11,3 und 19,9 % und für die Säure zwischen 1420,8 und 4109,7 mg/100 ml. Die höchsten Gehalte an löslicher Trockensubstanz ( $\geq 18$  %) verzeichneten 5 Selbstungen, ein Klon und die Sorten 'Stevnsbear', 'Spinell', 'Lara' und 'Jade'; sehr hohe Säurewerte ( $\geq 3000$  mg/100 ml) waren bei 4 Selbstungen, einem Klon sowie bei 'Stevnsbear', 'Morina' und 'Topaz' zu finden. Bei einer Spannweite von 2,8 - 18,0 mg/100 ml lagen die Vitamin-C-Gehalte im Mittel bei 8-12 mg/100 ml. Durch hohe Vitamin-C-Gehalte ( $\geq 15$  mg/100 ml) waren insgesamt 3 Selbstungen, 3 Klone sowie die Sorten 'Stevnsbear' und 'Spinell' gekennzeichnet. Hinsichtlich der Farbtintensität zeigten sich ebenfalls erhebliche Schwankungen, wobei die Selbstungen im Mittel deutlich unter den Werten der Sorten und Klone lagen. Annähernd kamen an die hohe Farbstoffkonzentration von 'Stevnsbear' nur 2 Klone sowie die Sorte 'Topaz' heran.

Erstmals wurde in diesem Jahr die Süßkirsche in die Inhaltstoffanalysen einbezogen. Bei 18 Sorten sowie den Kreuzungspopulationen 'Van' x 'Lapins' (18 Nachkommen) und 'Büttners Späte Knorpel' x 'Sunburst' (22 Nachkommen) wurden die gleichen Parameter wie bei der Sauerkirsche betrachtet. Die Gehalte an löslicher Trockensubstanz lagen zwischen 13 und 37,4 %, die Säurewerte zwischen 484,4 und 1473,4 mg/100 ml und die Vitamin-C-Gehalte zwischen 3,7 und 12,2 mg/100 ml. Die Streuung der Werte aller geprüften Merkmale war in der Population 'Van' x 'Lapins' deutlich höher als innerhalb der Sorten und der Population 'Büttners Späte Knorpel' x 'Sunburst'.

Die Untersuchungen bei Apfel konzentrierten sich auf die Analyse von 6 neuen Pillnitzer Sorten sowie von 5 aussichtsreichen Klonen im Vergleich zu führenden Marktsorten zur Ernte und während der Lagerung. Erfasst wurden die Festigkeit, die Fruchtgröße, die Gehalte an löslicher Trockensubstanz, titrierbarer Säure (bezogen auf Apfelsäure), Vitamin C und Stärke. Die Festigkeitsdaten und der rasche Abbau von Säure und Stärke verdeutlichen einen in diesem Jahr beschleunigten Reifeverlauf, der auch durch die Bonituren bei Verkostungen bestätigt wurde.

Abstract:

About 130 strawberry clones of different selection stages and the most important commercially grown cultivars were investigated concerning their content of soluble solids (Brix) and organic acid (pH) as well as their firmness. Fruit size data in relation to the yield and the amount of unsaleable fruits were also recorded. The statistical evaluation of the data is not yet finished.

In sour cherry, the content of soluble solids (Brix), titratable acid and vitamin C as well as the colour intensity of the juice of 24 cultivars, 10 clones and 123 selfings of the combination 'Köröser Gierstädt' x 'Vowi' were investigated. In dependence on the genotype, the values for soluble solids and acid were 11.3-19.9 % and 1420.8-4109.7 mg/100 ml, respectively. The content of vitamin C was characterized by a mean of 8-12 mg/100 ml at a range of 2.8-18.0 mg/l. High variations could also be observed in the colour intensity, the selfings showed lower intensities than the clones and the cultivars.

For the first time, in 18 sweet cherry cultivars as well as in 2 breeding populations ('Van' x 'Lapins'/18 individuals and 'Büttners Späte Knorpel' x 'Sunburst'/22 individuals) the same parameters as in sour cherry were analyzed. The content varied from 13-37,4 % for soluble solids, from 484,4-1473,4 mg/100 ml for titratable acid and from 3.7-12.2 mg/100 ml for vitamin C. The variations were much higher in the population 'Van' x 'Lapins' than in 'Büttners Späte Knorpel' x 'Sunburst' and within the cultivars.

In apple, the investigations were concentrated on the analysis of 6 new cultivars from Pillnitz and 5 promising clones in comparison to several of the commercially grown cultivars. The investigations included firmness, size, content of soluble solids, titratable acid (expressed as malic acid), vitamin C and starch at harvest time and during storage. The data of firmness and the rapid decrease of acid and starch as well as the results of degustations supported the observation of an accelerated ripening process in this year.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden-Pillnitz, Handschack.

(BAZ-4137)

## **2.2 Erstellung transgener Pflanzen bei ausgewählten Apfelsorten und -unterlagen unter Nutzung von Genkonstrukten zur Induktion von Resistenz gegenüber Phytopathogenen**

### **Transformation of apple scion and rootstock genotypes by gene constructs inducing resistance to phytopathogens**

Hanke, V.

Zielstellung:

Entwicklung eines effizienten Transformationssystems für Apfelsorten und -unterlagen unter Nutzung des *Agrobacte-*

rium-vermittelten Transfers von Nutzenkonstrukten in Blattstücke mit dem Ziel, transgene Pflanzen zu regenerieren, die Resistenz gegenüber Phytopathogenen aufweisen. Methode: Etablierung eines Sprossregenerationssystems an Blattscheiben; Etablierung der Technik des *Agrobacterium*-vermittelten Gentransfers unter Nutzung verschiedener virulenter Stämme; Nutzung von verschiedenen Genkonstrukten; molekulare Untersuchungen an den putativ transgenen Pflanzen; Testung der transgenen Pflanzen auf Resistenz gegenüber Phytopathogenen mittels künstlicher Infektion.

Development of an efficient transformation system for apple scion and rootstock cultivars using the *Agrobacterium*-mediated gene transfer of beneficial constructs into leaf pieces and recovery of transgenic apple plants resistant to phytopathogens. Objectives: to establish a shoot regeneration system on leaf pieces; to establish the *Agrobacterium*-mediated gene transfer using different virulent strains; to apply different gene constructs; to realise the molecular characterisation of putative transgenic plants, to test transgenic plants for resistance to pathogens using artificial infection in the greenhouse.

Ergebnisse:

Im Berichtsjahr wurden die Arbeiten zur molekularen Evaluierung der vorhandenen transgenen Apfellinien fortgesetzt. Im Vordergrund stand dabei die Erarbeitung eines reproduzierbaren Protokolls für den Southern blot unter Verwendung einer DIG-markierten Sonde. Inzwischen konnte eine Reihe von transgenen Linien bezüglich der Anzahl integrierter Kopien untersucht werden, so dass erste Schlussfolgerungen über die Kopienzahl nach *Agrobacterium tumefaciens*-vermitteltem Gentransfer in Abhängigkeit vom verwendeten Genkonstrukt möglich sind.

In diesem Jahr wurden sämtliche Linien, die das Attacin E-Gen aus *Hyalophora cecropia* tragen, einer künstlichen Infektion mit unterschiedlichen Stämmen von *Erwinia amylovora*, dem Erreger des Feuerbrands, im Gewächshaus unterzogen. Einige Linien zeigten signifikante Unterschiede im Anteil befallener Triebblänge im Vergleich zur Ausgangssorte. Die *In-vitro*-Methode zur Testung der Feuerbrandresistenz unter Verwendung von *gfp*-gelabelten *E.-amylovora*-Bakterien wurde methodisch weiter präzisiert, um die Reproduzierbarkeit zu erhöhen.

Für zukünftige Arbeiten im Rahmen der Erstellung transgener feuerbrandresistenter Apfelpflanzen wurde begonnen, vorhandene Konstrukte umzuklonieren und mit einem Signalpeptid zu versehen, um den Transport der Proteine in den extrazellulären Raum zu realisieren und eine effektivere zielgerichtete Wirkungswiese der Proteine zu erreichen. Weiterhin wurden in Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Forkmann der TU München Transformationen mit einem anti-sense-Konstrukt des Flavanon-3-Hydroxylase-Gens aus Apfel durchgeführt. Über eine Blockade des Flavonoidbiosynthesewegs soll eine Bakterienresistenz induziert werden.

Im Rahmen einer Zusammenarbeit mit dem Universitätsklinikum Dresden, Arbeitsgruppe PD Dr. Rösen-Wolff, wurden erste Schritte zur Herstellung von transgenen Apfel- bzw. Tabakpflanzen unternommen, die Hantaviren exprimieren sollen.

Die Effizienz der Transformation hängt bei Apfel stark von der Eignung des Genotyps ab. Aus diesem Grund wurden Untersuchungen zur Verwendung einer Zellsuspensionskultur von Tabak als Ammenkultur durchgeführt, die einen Erfolg erwarten lassen.

Aus dem Programm zur Erstellung gentechnisch veränderter Apfelpflanzen mit Resistenz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Pathogenen stehen nunmehr insgesamt 234 transgene Linien unterschiedlicher Sorten und Unterlagen zur Verfügung, die jeweils auf eine Primärtransformation und insgesamt 12 verschiedene Genkonstrukte zurückgehen. Mit diesem Material wurde ein Forschungsvorhaben zur Untersuchung der Merkmalsausprägung und Merkmalsstabilität gentechnisch veränderter Apfelgehölze vorbereitet, das einen Antrag auf Freisetzung nach dem Gentechnikgesetz einschließt.

Abstract:

In 2002, research on molecular evaluation of transgenic plants was continued. Main focus was on the establishment of a protocol for Southern blot technique using DIG-labelling of the probe. In the mean time a range of transgenic lines was evaluated regarding the number of integrated copies. All line carrying the Attacin E -gene of *Hyalophora cecropia* were inoculated in greenhouse using different strains of *Erwinia amylovora*. Some lines showed significant differences in resistance compared to the mother apple line. The *in vitro* method for resistance evaluation to fire blight using *gfp*-labelled *Erwinia* bacteria was specified.

For future transformation studies, some constructs were cloned in different ways. New transformations were carried out with an anti-sense-construct of the FHT-gene involved in the synthetic pathway of flavones to induce bacterial resistance in plants. The efficiency of transformation in apple is dependent on the genotype used. In order to increase the efficiency, cell suspension culture of *Brassica* was used as a nurse culture. At present, 234 transgenic lines of different scion and rootstock varieties produced from single transformation events and carrying 12 different gene constructs are available. This material will be used in further studies on stability of characteristics in greenhouse and field.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Richter; MPI für Zellbiologie, Ladenburg, Geider; Cornell-University, USA, Aldwinckle, Kim; TU München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Forkmann.

(BAZ-4129)

### 2.3 Untersuchungen zur Stabilität der Merkmalsausprägung in transgenen Gehölzen und zum vertikalen Gentransfer bei Apfel (*Malus domestica*)

#### Investigations on stability of traits in transgenic woody plants and on 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 von Transgenen in Apfeln und zur Lokalisierung bzw. zum Transport von Transgenprodukten erfolgt an *Ex-vitro*-Pflanzen im Gewächshaus. Dazu wurden transgene Linien aus der *In-vitro*-Kultur bewurzelt, in das Gewächshaus überführt und anschließend in unterschiedlichen Kombinationen veredelt. Als Probenmaterial stehen transgene Edelsorten und transgene Unterlagen sowie Pfropfkombinationen mit transgenen bzw. nicht transgenen Edelreis-/Unterlagen-Kombinationen zur Verfügung. 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.

23 Linien der transgenen Veredelungsvarianten wurden mittels ELISA auf die Expression des *nptII*-Markergens untersucht. Dabei konnte für acht dieser Linien keine Expression nachgewiesen werden. Im Anschluss daran wurden diese Linien mittels PCR auf Integration von Fremd- und Markergenen getestet. Im Ergebnis dieser Untersuchung konnte bei einigen Linien weder Ziel- noch Markergenen nachgewiesen werden. Bei anderen Linien war lediglich

das Markergen nachweisbar. Vergleichsweise wurden sowohl *In-vitro*- als auch *Ex-vitro*-Pflanzen dieser Linien analysiert. Die bisherigen Ergebnisse deuten darauf hin, dass es nach der *In-vitro*-Kultur zu einem Verlust der *in-vitro*-integrierten Fremdgene bei den Veredelungsvarianten kommt. Diese Ergebnisse müssen in nachfolgenden Analysen mittels Southern-Blot und T-DNA-AFLP weiter verifiziert werden.

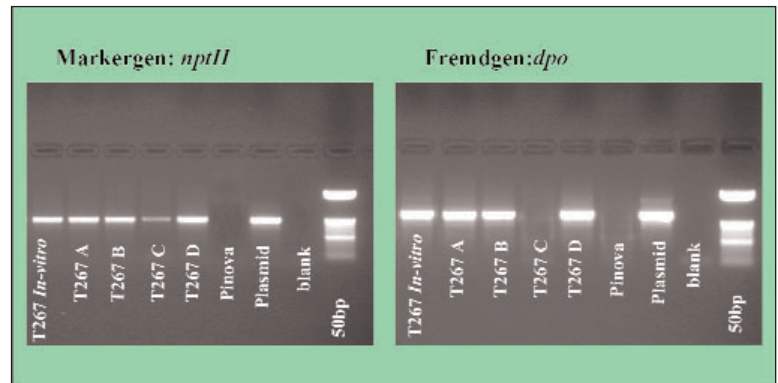


Abb. 1: Ergebnisse der Insert-PCR zum Nachweis von Fremd- und Markergenen an der transgenen *In-vitro*-Pflanze der Linie T267 und der daraus vermehrten vier *Ex-vitro*-Pflanzen (T267 A-D)

Fig. 1: Results of the Insert-PCR to detect target- and marker genes of the transgenic *in vitro* plant (T267) and their four *ex vitro* progenies (T267 A-D)

Für die Untersuchung zum Transport von Transgenprodukten sollen die transgenen bzw. nicht transgenen Veredelungsvarianten in einer Western-Blot-Analyse untersucht werden. Dazu ist es notwendig, eine Methode der Proteinextraktion aus Holz zu entwickeln.

Weitere Schwerpunkt der Arbeiten sind Untersuchungen zum potentiellen Risiko der Übertragung von Genen durch transgenen Pollen auf nicht transgene Apfelngehölze. Dabei soll die Frequenz des „gene flows“ von einer Apfelsorte auf umliegende Populationen in Abhängigkeit von der räumlichen Entfernung mit Hilfe von molekularen Markern geschätzt werden. Für diese Untersuchungen wurden 24 verschiedene Sortengenotypen auf der Versuchsfeldfläche in Dresden-Pillnitz ausgewählt. Drei dieser Sorten wurden als Pollenspenderpflanzen ausgewählt. Die anderen 21 Sorten stehen als Empfängerpflanzen in verschiedenen räumlichen Abständen zu den Pollenspendern. Die DNA der ausgewählten Sorten wurde bisher mit 19 Mikrosatelliten-Markern untersucht, wovon drei Marker spezifisch für die Pollenspenderpflanzen sind. Nach erfolgter Befruchtung wurden Früchte der Empfängerpflanzen geerntet und die DNA der Kerne wird mit den sortenspezifischen Mikrosatelliten-Markern getestet.

#### Abstract:

The investigations on stability of transgenes and localisation/transport of transgene products are performed on different scion-rootstock-combinations of transgenic/non transgenic plant material. The plants were propagated, grafted and prepared for further experiments in green-

house. The analyses of integration and expression of the transgenes were carried out using the PCR-technique and ELISA-test. Some of the investigated plants showed an unstable transgene expression and PCR detected only presence of the *nptII*-markergene, the transgenes or neither of them, respectively. Southern Blot and AFLP-analysis are carried out to determine the T-DNA integration patterns and copy number of these unstable plants. The localisation of the transgenic products in scion-rootstock-combinations will be analysed by Western Blot. To realize this, a method for isolation of proteins from wooden tissue has to be adopted.

For the investigation of vertical gene transfer, 24 different cultivars were chosen within the experimental field in Pillnitz. Three cultivars are present only once in this area and are used as pollinizers. The other 21 cultivars are used as recipients at different distances from the pollen dispenser plants. For the development of genotype specific markers available SSR-markers are tested and will be used for the analysis of the recipient apple plants.

In Zusammenarbeit mit: IPK, Genbank Obst, Dresden-Pillnitz, Fischer; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden-Pillnitz, 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 parthenocarp 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 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 Agrobakterium-vermittelte Transformation bei Apfel wurden Blattstücke der Sorte ‘Pinova’ sowie von 17 verschiedenen transgenen Linien verwendet. Bei den transgenen Linien handelt es sich um Pflanzen, die Resistenzgene gegen die im Apfelanbau bedeutsamen Krankhei-

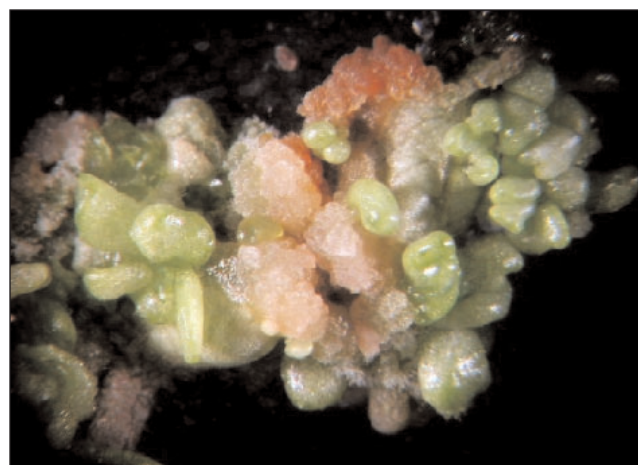


Abb. 1: Bildung von Regeneraten an kanamycinresistenten Blattexplantaten nach Selektion mit Hygromycin B

Fig. 1: Formation of regenerants on kanamycinresistant leaf explants after selection on hygromycin B

ten Mehltau (*Podosphaera leucotricha*), Schorf (*Venturia inaequalis*) und Feuerbrand (*Erwinia amylovora*) enthalten. Dabei wurde neben der bereits standardisierten Kanamycin-Selektion ein zweites Verfahren unter Verwendung von Hygromycin B etabliert.

Für die Entwicklung männlicher Sterilität konnten bereits zahlreiche Regenerate aus Transformationen mit den von Dr. Th. Debener (BAZ, Institut für Zierpflanzenzüchtung, Ahrensburg) erstellten Gen-Konstrukten *pGCBarnase*, *pGCVst1* und *pTA29Barnase* sowie dem Konstrukt *Nin88-Nin88-antisense* (Goetz et al., 2001) selektiert werden. Alle Regenerate wurden hinsichtlich der Integration von Ziel- und Markergenen mittels PCR analysiert. Neben den bereits erzielten Ergebnissen sind für die Zukunft weitere Transformationen mit den bereits erwähnten Konstrukten sowie mit dem Konstrukt *pTA29Vst1* (Dr. Th. Debener) geplant.





Abb. 2: Überexpression eines Genkonstrukts zur Förderung der Blütenbildung - Bildung weißer Regenerate

Fig. 2: Overexpression of a gene construct for flower induction - development of white regenerants

Für die Etablierung von Parthenokarpie wurden zahlreiche Transformationen mit dem Konstrukt *DefH9-iaaM* (Rotino et al., 1997) durchgeführt. Bis zum jetzigen Zeitpunkt konnte lediglich eine transgene Linie erstellt werden. Um das Konstrukt auch zur Selektion mit Hygromycin B nutzen zu können, wurde es in den Vector *pGreen0000* (Hellens et al., 2000) kloniert. Zukünftig sollen zwei weitere Konstrukte mit dem *Barnase*-Gen (*Bacillus amyloliquefaciens*) bzw. dem *iaaM*-Gen von (*Pseudomonas syringae*) erstellt werden. Dabei sollen die Gene gewebespezifisch unter der Kontrolle eines Embryosack- bzw. Endosperm-spezifischen Promotors exprimiert werden. Für die Nutzung der entsprechenden Promotoren wurden bereits MTA's abgeschlossen.



Abb. 3: Organumbildungen nach Überexpression des Birken-spezifischen MADS-Box-Gens BpMADS4

Fig. 3: Neoformation of organs caused by overexpression of a birch specific MADS box gene

Ein weiteres Ziel neben der Etablierung von männlicher Sterilität und Parthenokarpie ist die Verkürzung des juvenilen Zeitraumes bis zur ersten Blüte der transgenen Bäume. Um dies zu erreichen, wurden Transformationen mit dem Konstrukt *35SBpMADS4* (Elo et al., 2001) durchgeführt. Dieses Konstrukt ist bereits für Birke beschrieben und hat dort zu einer erfolgreichen Verkürzung der Generationszeit geführt. Die Ergebnisse dieser Arbeit stehen noch aus. Des Weiteren sind Transformationen mit dem Konstrukt *35SLeafy* (Weigel and Nilsson, 1995) geplant.

Mit dem Ziel, die Verwendung von Antibiotikaresistenzgenen als Markersysteme abzulösen, wurde mit der Etablierung von zwei neuartigen Systemen zur Selektion transgener Apfelpflanzen begonnen. Bei dem ersten System handelt es sich um eine Strategie der positiven Selektion. Als Selektionsmarker wird hier die Phosphomannoseisomerase (Syngenta) verwendet. Bei dem zweiten System handelt es sich um eine Methode zur Erzeugung Markergen-freier transgener Pflanzen (Ebinuma et al., 2000).

#### Abstract:

To establish male sterility and parthenocarpic fruit development in apple using *Agrobacterium tumefaciens* mediated gene transfer in leaf explants, the apple cultivar 'Pino-va' and 17 transgenic lines were used. The transformations for male sterility were performed using gene constructs *pGCBarnase*, *pGCVst1*, *pTA29Barnase* (Th. Debener, BAZ Ahrensburg) and *Nin88-Nin88-antisense* (Goetz et al., 2001). A number of transgenic lines were obtained which were tested for the integration of the gene of interest and the marker gene in a PCR assay. A method for selection of transgenic apple plants using hygromycin was established.

For parthenocarpic fruit development, the gene construct *Defh9-iaaM* (Rotino et al., 1997) was used. At present, one transgenic line was selected. One objective of future work is the development of two new gene constructs using the *barnase* gene from *Bacillus amyloliquefaciens* under the control of an endosperm specific promoter and the *iaaM* gene from *Pseudomonas syringae* in combination with an embryo sac specific promoter.

Beside this, research is also focused on the reduction of the juvenile period of the transgenic trees shortening the generation time. For this part transformations with the flower specific gene constructs *35SBpMADS4* (Elo et al., 2001) and *35SLeafy* (Weigel and Nilsson, 1995) are performed.

Furthermore, the development of two new selection strategies has been started to avoid antibiotic resistance genes as marker genes. The first strategy is a method for positive selection with the phosphomannose-isomerase system from Syngenta. The second is a method for the development of marker free transgenic plants (Ebinuma et al., 2000).

In Zusammenarbeit mit: Bundesanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Großhansdorf, Fladung; Max-Planck-Institut

für Züchtungsforschung, Köln, Sommer; TU Würzburg, Roitsch; BAZ, Institut für Zierpflanzenzüchtung, Ahrensburg, Debener; Universität Hamburg, Dresselhaus; Südwestdeutsche Saatzücht; Syngenta Seeds AG, Schweiz; Nippon Paper Industries, Japan, Yamada-Watanabe; University of Joensuu, Finnland, Sopanen; University of California, Berkeley, USA, Weigel und Cho.

(BAZ-4105)

## 2.5 Charakterisierung der Regeneratpflanzen aus der Haploidenerzeugung beim Apfel

### Characterization of regenerants of haploid induction in apple

Höfer, M.; Fischer, C.; Grafe, C.

#### Zielstellung/Aim:

Ziel ist es, die Regeneratpflanzen aus der Haploidenerzeugung im Hinblick auf den Ploidie- und Zygotiegrad, die Morphologie sowie die Resistenzeigenschaften (Schorf, Mehltau) zu untersuchen. Nach positiver Selektion, der Veredlung im Freiland und der Erfassung der Fertilität wird ein Zuchtprogramm erarbeitet, um durch kombinierten Einsatz von klassischen Züchtungsmethoden und Haploidenerzeugung weitere Möglichkeiten zur Erhöhung der Effizienz in der Selektion zu untersuchen.

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 elaborated to test further possibilities for increased efficiency of selection combining classical breeding and the haploid production.

#### Ergebnisse:

Zum gegenwärtigen Zeitpunkt befinden sich 26 homozygote Linien aus der Antheren- und Mikrosporenkultur sowie aus Versuchen der *In-situ*-Parthenogenese bei Apfel als Veredlungen im Versuchsfeld und es stehen 76 weitere regenerierte Linien zur Überführung bereit.

Zur Erfassung des Ploidiegrades wurden an allen induzierten Embryonen bzw. späteren Regenerationsstadien und Blättern von *In-vitro*-Sprossen flowcytometrische Untersuchungen durchgeführt. Im Ergebnis ergab sich für jeden Donorgenotyp in den untersuchten Linien eine Verteilung des Ploidiegrades vom haploiden, diploiden, triploiden bis tetraploiden Niveau. Erste statistische Berechnungen belegen signifikante Unterschiede zwischen den getesteten Donorgenotypen.

Im zurückliegenden Versuchsjahr bestand das Hauptaugenmerk im Nachweis der Homozygotie. Neben vier Isoenzymmarkern, die in Abhängigkeit von der Allelzusammensetzung des Donorgenotyps zum Einsatz kamen, wurden drei Apfelspezifische SSR-Marker getestet (01a6 und 02b1, Guilford et al. 1997; CH05C07, ETH Zürich). Zunächst konnten Polymorphismen mit drei bis fünf Allelen pro Locus anhand von Analysen der 8 Donorgenotypen nachgewiesen werden. Darauf aufbauende Untersuchungen von Linien aus der Antherenkultur und Mikrosporenkultur zeigten, dass alle Allele der Donorsorten in den Linien auftraten. Allerdings wurde nur ein Allel pro Locus in jeder Probe amplifiziert, so dass die Homozygotie belegt werden konnte. Während die durchgeführten Homogenitätsanalysen zur Untersuchung der Allel-Aufspaltung bei den eingesetzten Isoenzymen bei allen untersuchten Linien eines Donorgenotyps keine signifikanten Abweichungen von der angenommenen 1:1 Spaltung erkennen ließen, konnten bei der Analyse der Allel-Aufspaltung mittels SSR-Markern für einzelne Donorgenotypen signifikante Unterschiede nachgewiesen werden.

Im Versuchsjahr wurden molekularbiologische Untersuchungen zum Vorhandensein von Markern, eng gekoppelt mit dem Schorffresistenz-Gen  $V_f$  von *Malus floribunda* (Tartarini et al. 1999; Vinatzer et al. 2001) und dem  $V_f$ -Gen von 'Russian Seedling' (Boudichevskaja et al., unveröffentlicht), durchgeführt. Insgesamt konnten von 50 untersuchten Linien der Donorsorten 'Remo', 'Rene' und 'Remura' bei 36 Linien Banden für die entsprechenden Marker nachgewiesen werden.



Abb. 1: Haploidenerzeugung bei Apfel - Zwei Linien der Donorsorte 'Alkmene' aus der *In-situ* Parthenogenese  
 Fig. 1: Haploid induction in apple - Two parthenogenic lines of the donor cultivar 'Alkmene'

Die Erfassungen zur Fruchtqualität wurden an den Linien aus der *In-situ*-Parthenogenese fortgesetzt, wobei eine starke Variation neben der morphologischen Merkmalsausprägung (Abb. 1) auch in den geschmacksbestimmenden Inhaltsstoffen im Vergleich zur Donorsorte zu beobachten war.

Fruchtanalysen belegen insbesondere für den Vitamin-C-Gehalt und das Zucker-/Säure-Verhältnis starke Variationen zur Ausgangssorte. So konnte bei zwei Linien von 'Piglos' eine Erhöhung des Vitamin-C-Gehaltes um das 10- bis 15-fache nachgewiesen werden.

Abstract:

At present, 26 homozygous lines from anther and microspore culture and *in-situ*-parthenogenesis in apple are growing as graftings in the orchard.

For determination of the ploidy level, flowcytometrical analyses were performed using all induced embryos, regeneration stages and leaves of *in-vitro*-shoots. A distribution of the ploidy level could be observed between the investigated lines of a single donor genotype. Preliminary statistical calculations demonstrated significant differences between the genotypes.

The investigation of the homozygosity was of top priority in this experimental year. In addition to the characterization by isoenzymes, three apple specific microsatellites were used for molecularbiological characterization (01a6 and 02b1, Guilford et al. 1997; CH05C07, ETH Zürich). Initially, PCR amplification was performed and showed three to five different contrasting alleles for the donor genotypes used. All alleles of the parent cultivar were also found in the progeny, but only one allele per locus was amplified in each sample. According to these analyses, the androgenic regenerated shoots are homozygous.

Molecularbiological studies were carried out to investigate the evidence of markers linked to the  $V_f$  gene for scab resistance from *Malus floribunda* (Tartarini et al. 1999; Vinatzer et al. 2001) and  $V_r$ -gene from *Malus pumila* (Boudichevskaja et al., pers. com.). Out of 50 lines of the cultivars 'Remo', 'Rene' and 'Remura' tested, 36 demonstrated bands of the corresponding markers.

The evaluation of fruit quality of the lines from *in-situ*-parthenogenesis was continued. Strong variations could be observed in addition to the shape and the colour of fruits (Fig. 1) also in the taste determining compounds. Fruit analyses gave an evidence for differences, especially of the concentration of ascorbic acid and the ratio of sugar/acid. Two lines of 'Piglos' demonstrated an increase of the vitamin C-content up to 10-15 times compared to the donor cultivars.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Boudichevskaja, Boudichevskij; INIA, Madrid, Spanien, Bueno; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden-Pillnitz, Handschack.

(BAZ-4124)

## 2.6 Entwicklung von DNA-Markern für Schorf- und Mehltresistenzgene in Apfel

### Development of DNA- markers for resistance genes to scab and mildew in apple

Boudichevskaja, A; Boudichevski, N; Fischer, C; Schuster, M.; Dunemann, F.; Hanke, V.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Projektes ist die Entwicklung molekularer Marker (RAPD, AFLP) unter Nutzung der „Bulked Segregant Analysis“, welche enge Kopplung zu Mehltresistenz (*Podosphaera leucotricha*) und Schorftresistenzgenen (*Venturia inaequalis*) aufweisen.

The project aims at the development of closely linked markers (RAPD, AFLP) by using the „Bulked Segregant Analysis“ method in selected populations segregating for mildew and scab resistance genes. These markers will be used in marker assisted selection and gene diagnosis in the breeding process.

Ergebnisse:

Apfelschorf: Nachdem seit einigen Jahren in der Obstbau-Praxis immer häufiger über das Auftreten von Apfelschorf in Sorten mit Vf-Schorftresistenz aus *Malus floribunda* berichtet wird, wird auch im Institut für Obstzüchtung verstärkt an der Identifizierung und Etablierung alternativer Schorftresistenzen gearbeitet. Eine sehr interessante Schorftresistenzquelle ist dabei die so genannte Vr-Resistenz, die ursprünglich auf den „Russian Seedling“ R12740-7A zurückgeht. Diese sehr ausgeprägte Resistenz konnte inzwischen in Dresden-Pillnitz im Rahmen der praktischen Apfelzüchtung auch in Re<sup>®</sup>-Sorten wie 'Regia' und 'Realka' realisiert werden. Eine markergestützte Selektion auf Vr-Resistenz war bislang aufgrund fehlender molekularer Marker nicht möglich. Aus diesem Grund sollten vorhandene spaltende Apfelpopulationen genutzt werden, um entsprechende DNA-Marker zu entwickeln. Insgesamt standen 12 Populationen mit insgesamt über 800 Nachkommen aus Kreuzungen 'Vr x anfällig' und 'Vr x Vf' für diesen Ansatz zur Verfügung.

Mit Hilfe einer RAPD-gestützten „Bulked-Segregant-Analyse“, in der insgesamt etwa 260 Decamerprimer eingesetzt wurden, konnten zwei polymorphe RAPD-Marker aus den Sorten 'Regia' und 'Realka' amplifiziert werden, die eindeutig mit der Schorftresistenz korreliert waren. Es handelt sich hierbei um die Marker OPD13<sub>950</sub> und OPQ7<sub>1500</sub>. Der ermittelte Markerabstand zum Ziellokus beträgt bei beiden Markern zwischen 5 und 10 cM. Wie die Abbildung 9 am Beispiel des Primers OPQ7 zeigt, besteht ein eindeutiger Zusammenhang zwischen dem Resistenzverhalten ausgewählter Nachkommen und den RAPD-Markern. Mit Hilfe eines zusätzlichen Schorftresistenztests unter kontrollierten Bedingungen im Labor und unter Einbeziehung definierter Schorffrassen soll die bisherige Kartierung verifiziert und mittels der AFLP-Markertechnik fortgesetzt werden. Die Untersuchung von verschiedenen Vf-schorftresistenten Sorten zeigte eindeutig, dass in diesem Material beide Marker nicht amplifiziert werden

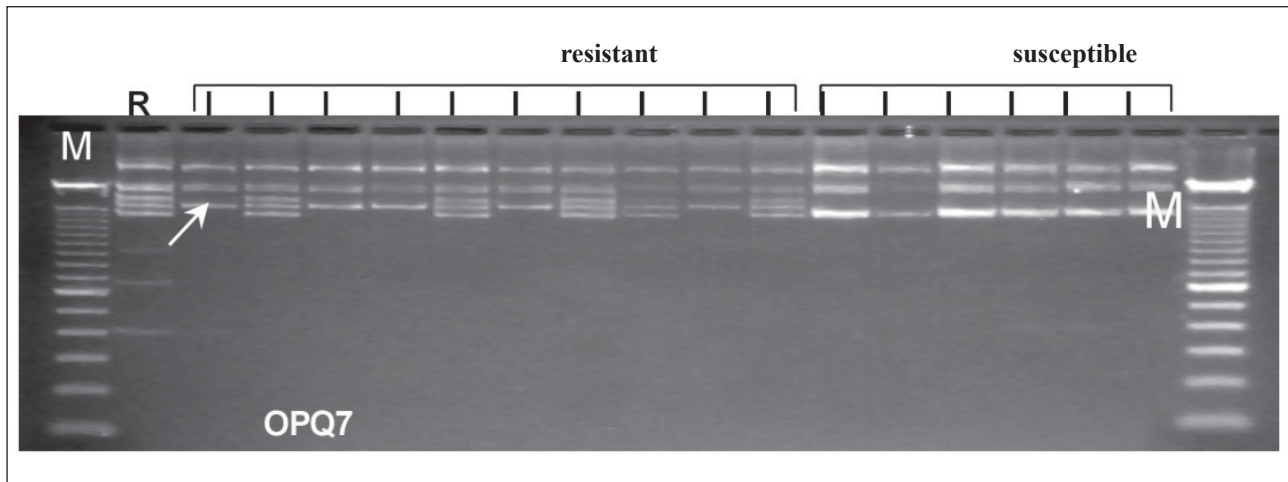


Abb. 1: RAPD-Bandenmuster des Primers OPQ7 (Pfeil) von resistenten und anfälligen Individuen der Nachkommenschaft aus Kreuzung von 'Regia' (Vr) x 'Pingo' (anfällig)

Fig. 1 : RAPD patterns showing the presence or absence of the OPQ71500 fragment (arrow) in a progeny derived from the cross 'Regia' (Vr) x 'Pingo' (susceptible). [R: Regia; M: size marker; 100 bp ladder]

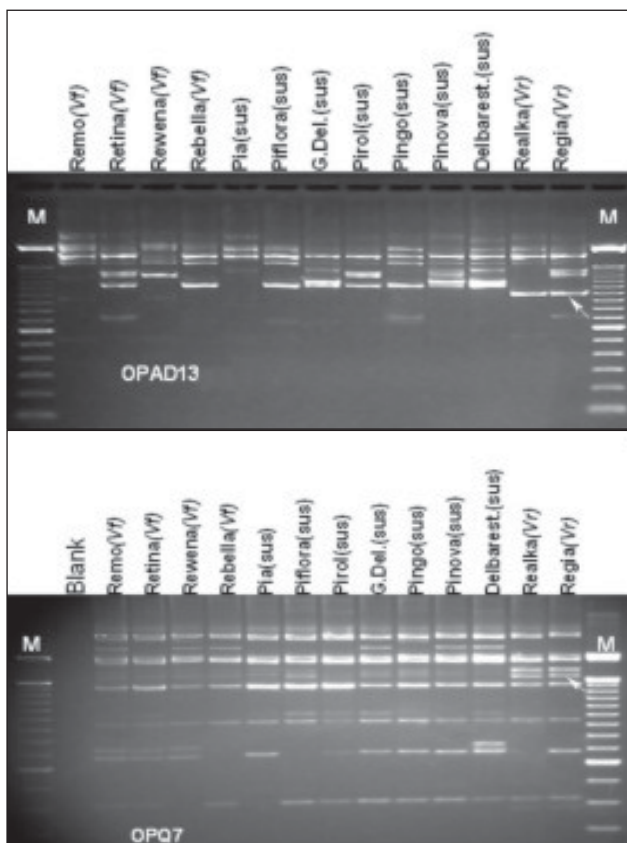


Abb. 2: PCR-Bandenmuster von Apfelsorten mit Vf - oder Vr-Resistenz sowie einigen anfälligen Sorten (sus) mit Vr-spezifischen RAPD-Fragmenten OPAD13<sub>950</sub> and OPQ7<sub>1500</sub> (Pfeile)

Fig. 2: PCR amplification profiles of several apple cultivars carrying the Vf or Vr resistance gene, respectively, and some susceptible control cultivars (sus) with the RAPD fragments OPAD13<sub>950</sub> and OPQ7<sub>1500</sub> (arrows)

konnten und die neuen Marker daher dem Genhintergrund des Vr-Donors zuzuordnen sind (Abb. 1). Beide RAPD-Marker wurden kloniert und sequenziert, um aus ihnen spezifischere SCAR-Marker abzuleiten. Um eine Zuordnung zu den existierenden *Malus*-Kopplungskarten vornehmen zu können, wurde der Versuch einer indirekten Kartierung mit Hilfe universell in *Malus* kartierter Mikrosatellitenloci unternommen. Es zeigte sich, dass Vr mit hoher Wahrscheinlichkeit auf der Gruppe 2 positioniert ist. Dies ist in Übereinstimmung mit Arbeiten einer Arbeitsgruppe an der ETH Zürich (Patocchi, pers. Mitteilung). Interessanterweise befinden sich im Bereich des Vr-Locus einige kartierte *Malus*-Resistenzgenanaloga (Thiermann und Dunemann, s. d. Jahresbericht, Institut für Zierpflanzenzüchtung), die gegenwärtig näher daraufhin untersucht werden, ob sie als Kandidatengene für Vr in Frage kommen.

Mehltau: Zur Erschließung und molekularen Kartierung neuer Mehлтаuresistenzgene werden *Malus*-Populationen untersucht, die auf die Wildarten *M. sieboldii* und *M. baccata* zurückgehen. Von beiden Arten ist bekannt, dass sie weitgehend resistent gegenüber Schorf und resistent gegen Echten Mehltau sind. Mehrjährige Mehltau-Boniturergebnisse von Kreuzungsnachkommenschaften aus dem Freiland deuten an, dass eine 1:1 Spaltung und somit eine monogen dominante Vererbung zugrunde liegt. Für die Identifizierung von molekularen Markern für die Mehлтаuresistenz aus *M. sieboldii* und *M. baccata* wurden DNA-Pools aus anfälligen und resistenten Individuen gebildet, die für die AFLP-Analyse im Rahmen einer „Bulked-Segregant-Analyse“ eingesetzt werden.

Abstract:

Dangerous and important apple disease which spread over all apple growing areas is scab, caused by the fungus *Venturia inaequalis*. Sources of resistance to scab have been identified mainly in a number of *Malus* species. However, only the Vf resistance originated from *Malus floribunda*

has been used widely in apple breeding programmes. The identification of new races of *Venturia inaequalis*, that can overcome the Vf resistance, indicates the need to identify and characterize new sources of resistance as well as to pyramid genes for specific resistance in the same genotype to prevent resistance breakdown. Especially Vr resistance, derived from the „Russian seedling“ R12740-7A may be a valuable alternative or supplement to Vf. The new Recultivars® ‘Regia’ and ‘Realka’ from the Institute of Fruit Breeding Dresden-Pillnitz, demonstrate a very high level of scab resistance. From the apple breeding programme in Dresden-Pillnitz, 12 populations involving about 800 seedlings from the crosses ‘Vr x susceptible’ and ‘Vf x Vr’ are available. Identification of molecular markers linked to the Vr resistance factor is important to screen effectively for seedlings which carry more than one specific gene for resistance. The investigation focuses on the identification of RAPD markers linked to the apple scab resistance gene Vr. RAPD technique together with Bulked-Segregant-Analysis (BSA) was performed using three apple progenies segregating for Vr in a backcross situation. The resistant parent in these crosses is the cultivar ‘Regia’. Using 260 random decamer primers for BSA, two polymorphic markers were identified on the basis of resistant and susceptible DNA pools, OPAD13<sub>950</sub> and OPQ7<sub>1500</sub>. The estimated linkage to Vr is between 5 and 10 cM. Both fragments have been cloned, sequenced and will be converted to SCAR markers.

In Zusammenarbeit mit: IPK, Genbank Obst, Dresden-Pillnitz, Fischer; Geibel.

(BAZ-4133)

## 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. Mit hoher Wahrscheinlichkeit existieren verschiedene Rassen des Erregers, wodurch grundsätzlich die Gefahr besteht, dass die in langjährigen Zuchtverfahren 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 Variabi-

lität 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 of 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:

Zur Klärung der Frage nach der Existenz physiologischer Rassen von *Podosphaera leucotricha* wurden in einem vorangegangenen Projekt eine Reihe von Einsporisolen mit verschiedener geografischer Herkunft erstellt und mit Hilfe eines Apfel-Differentialsortiments als unterschiedlich virulent charakterisiert. Auch eine molekulare Unterscheidbarkeit der Linien war mit Hilfe der AFLP-Technik gegeben (Urbanietz und Dunemann, s. d. Jahresbericht, Institut für Zierpflanzenzüchtung). Für den Einsatz im Rahmen der oben beschriebenen Fragestellung ist die AFLP-Technik allerdings nur bedingt geeignet. Ziel ist es, für den Mehltauerreger eine Kollektion von einfach handhabbaren PCR-Markern zu erstellen, mit deren Hilfe die geplanten großen Probendurchsätze, gegebenenfalls auch ohne spezielle DNA-Isolierung des Pilzes, gehandhabt werden können. Ideal wäre es, wenn mit Hilfe eines einfachen chemischen Aufschlusses direkt aus befallenen Blattsegmenten eine PCR-Amplifikation gestartet werden könnte. Erste Versuche in dieser Richtung unter Einsatz der Substanz Chelex® verliefen vielversprechend. Als ideale molekulare Marker bieten sich in erster Linie Mikrosatelliten- oder SSR-Marker (SSR-simple sequence repeat) an, da sie hochspezifisch sind, einen hohen Informationsgehalt aufweisen und sich ihre Analyse weitgehend automatisieren lässt. In Frage kämen aber auch aus vorhandenen polymorphen RAPD- oder AFLP-Banden entwickelte SCAR-Marker oder SNP- bzw. CAPs-Ansätze auf der Grundlage exprimierter Gene. Aus diesem Grund wird zur Zeit eine EST-Datenbank für *Blumeria graminis* (Thomas et al. 2001, Fungal Genet. Biol. 33, 195-211) analysiert, um entsprechende analoge Gene in *Podosphaera* zu identifizieren. Auch wird an der Umwandlung von RAPD-Markern in spezifischere SCAR-Marker gearbeitet.

Um die genomische DNA des obligat biotrophen Mehltaupilzes für die Markerentwicklung zu gewinnen, wurden verschiedene genotypisch wie im Virulenzverhalten differenzierbare europäische Einsporisolate in Dualkultur auf

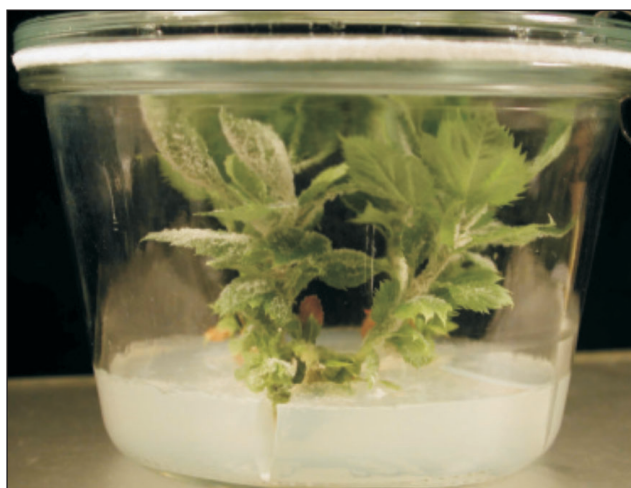


Abb. 1: Apfelmehltau-Einsporisolat während der *In-vitro*-Kultur auf der Apfelsorte 'Gibb's Golden Gage'

Fig. 1: Monosporic isolate of apple powdery mildew growing *in vitro* on apple 'Gibb's Golden Gage'

*In-vitro*-Pflanzen der sehr anfälligen Apfelsorte 'Gibb's Golden Gage' etabliert (Abb. 1). Für eine Massenvermehrung der Isolate wurden bewurzelte *In-vitro*-Pflanzen in kleine abgeschlossene Gewächshauskabinen überführt und mit den Einsporlinien infiziert. Die Entwicklung der SSR-Marker erfolgt mit Hilfe einer für Mikrosatellitenmotive angereicherten genomischen DNA-Bibliothek. Das Anreicherungsprotokoll basiert auf der Bindung von Biotinmarkierten Mikrosatellitenmotiven an Streptavidin-ummantelte magnetische Kügelchen. Zurzeit werden Klonierungen und Sequenzierungen der angereicherten Fragmente durchgeführt, um von den Sequenzen geeignete SSR-Primerpaare abzuleiten. Daneben werden einige bereits entwickelte SSR-Primerpaare auf Ihre Eignung für die gegebene Fragestellung überprüft.

Zusätzlich zu den vorhandenen europäischen Einsporlinien wurden weitere Isolate von infiziertem Material aus Indien gewonnen. Es ist zusätzlich vorgesehen, auch chinesische Isolate zu erstellen. Im Laufe des Frühsommers 2003 wird im größeren Maßstab eine Probennahme an verschiedenen obstbaulich relevanten Standorten in China und Indien erfolgen. In Zusammenarbeit mit Wissenschaftlern der beteiligten Partnerinstitute in China und Indien, die hierzu im Rahmen eines Forschungsaufenthaltes im Herbst 2002 am Institut für Obstzüchtung geschult wurden, soll dieses Material anschließend mit Hilfe der entwickelten molekularen Markertechniken untersucht werden.

#### Abstract:

Apple powdery mildew (*Podosphaera leucotricha*) is one of the most important diseases of cultivated apple. Analyses of isolates from different locations in Europe have revealed variation on the molecular level and in their virulence. This project aims to develop suitable molecular markers for discrimination of different strains to study the population genetics of the pathogen in Europe and Asia.

SSR markers are developed for this purpose as they enable to analyse small amounts of DNA extracted from lesions of leaves and are relatively simple in handling.

Sampling of infected material in Asia will be started in spring 2003 and later on virulence tests of new isolated strains will be carried out with a differential set of *Malus* cultivars to investigate the variability of virulence present in Asia.

In Zusammenarbeit mit: HRI, East Malling, Großbritannien, Xu; HRI, Wellebourne, Großbritannien, Barbara; NSTUAF, Yangling, China, Yang; UHF-SOLAN (HP), Mashobra, Indien, Thakur; PPIHAS, Budapest, Ungarn, Kiss; LYAC, Laiyang, China, Li.

[EU-Projekt ICA4-2000-1001] (BAZ- 4109)

# 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 als Mitglied in den Rat für Agrarwissenschaften Mecklenburg-Vorpommern ein, einem in Deutschland einzigartigen Gremium, in welchem sämtliche im Land ansässigen agrarwissenschaftlichen Institutionen repräsentiert sind. Er ist darüber hinaus verknüpft mit der Biotechnologieregion *BioCon Valley* und hat Teil an der internationalen nordischen *ScanBalt*-Allianz.

Das Institut für landwirtschaftliche Kulturen 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 Keimplasma mit erhöhter Resistenz gegen pilzliche, virale und bakterielle Schaderegner 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;
- Überführung von Ergebnissen der grundlagenorientierten Genomanalyse 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.

Schwerpunkt in der züchterischen Bearbeitung der Kartoffel bleibt polygen bedingte Resistenz gegen *Phytophthora infestans*, den Erreger der Kraut- und Braunfäule. Da eine frühzeitige Berücksichtigung der 30-50 weiteren wichtigen Merkmale dabei erforderlich ist, ergibt sich eine sehr arbeitsaufwendige Vorzüchtung. Besonderen Vorrang hat die Kombination mit qualitätsbestimmenden Merkmalen wie der Verbesserung der Kaltlagerungseignung, die eine wesentliche Komponente der Acrylamidbildung bei Veredlungsprodukten entschärft. Im Rahmen der 15. Dreijahrestagung der European Association for Potato Research (EAPR) in Hamburg nahmen Exkursionsteilnehmer Gelegenheit, sich über den Stand der Groß Lüsewitzer Arbeiten zur Kartoffel zu informieren.

Eines der 2002 neu begonnenen Forschungsprojekte befasst sich mit der Untersuchung europäischer Hafersorten auf Resistenzen gegenüber *Ustilago avenae*, dem Erreger des Haferflugbrands, der bei Verzicht auf Saatgutbeizung ein ernstzunehmendes Problem im ökologischen Haferanbau darstellt (Abb. 1). Diese Aktivitäten sind Teil des Bundesprogramms „Ökologischer Landbau“ und sollen der Schaffung von Grundlagen dienen, um züchterisch adaptiertes Keimplasma mit Eignung für den Ökologischen Landbau zu erzeugen. Ebenfalls bei Hafer liefen in diesem Jahr Forschungsarbeiten an, um den ernährungsphysiologisch günstigen Ballaststoffgehalt im Haferkern mit markergestützten, züchterischen Ansätzen gezielt zu erhöhen und somit verbraucherrelevante Qualitätssteigerungen zu ermöglichen.



Abb. 1: Haferflugbrand - eine im Ökolandbau aktuelle Krankheit

Fig. 1: Oat loose smut - a disease of importance in organic farming

Die Erschließung pflanzengenetischer Ressourcen mit aktuellen Züchtungsmethoden wurde auch in 2002 vorangetrieben, so bei der - züchtungsmethodisch anspruchsvollen - Nutzbarmachung des sekundären Genpools der Gerste, die für wichtige Krankheitsresistenzen mittlerweile auf der Stufe der praxisfähigen, markergestützten Identifizierung von Resistenzgenotypen gelangt ist (Abb. 2).



Abb. 2: Vermehrung homozygot resistenter Gerstenpflanzen mit Introgressionen aus dem sekundären Genpool

Fig. 2: Propagation of homozygous resistant barley plants carrying introgressions from the secondary gene pool

Auch in diesem Jahr wurden umfangreiches Keimplasma mit wertvollen Eigenschaften sowie andere Ergebnisse unserer Forschungsarbeit an Züchter und Forschungseinrichtungen abgegeben. Unter dem abgegebenen Material befinden sich 19 Zuchtklone und 6 interspezifische, somatische Hybriden der Kartoffel, 20 Haferzuchtstämme mit introgressierter Mehltaresistenz, 140 Triticalezuchtstämme, 5 Roggenlinien mit je unterschiedlichen Braunrostresistenzen sowie insgesamt mehr als 1100 transgene Rapspflanzen mit 28 verschiedenen Genkonstrukten für die Beeinflussung des Samenölgehalts an Ölsäure, Erucasäure oder Wachsesteren im Hinblick auf die Nutzung von Raps als nachwachsenden Rohstoff bzw. für die Eliminierung von transgenen Selektionsmarkern im Hinblick auf den Verbraucher-



schutz. Ernte- und Ölproben (Abb. 3) von transgenen Raps-Versuchsgliedern des von 1996-2002 in Groß Lüsewitz durchgeführten Freisetzungsversuchs werden an verschiedene Partner der Wirtschaft zur Verarbeitungsprüfung sowie an Forschungsinstitutionen, unter anderem an die FAL, für Fütterungsversuche zur Verfügung gestellt.

Die züchterische Erschließung pflanzengenetischer Ressourcen zur Verbreiterung der genetischen Diversität für wertvolle Merkmale in ausgewählten Kulturarten wird in den kommenden Jahren zu den Kernaktivitäten des Instituts für landwirtschaftliche Kulturen zählen. Unter den Krankheitsresistenzen werden verstärkt solche berücksichtigt, welchen klimatisch, durch die Ausweitung des Ökolandbaus oder durch die Anforderungen des Verbraucherschutzes bedingt eine wachsende Bedeutung zukommen wird. Die züchterischen Aspekte der „Gesunden Pflanze“, der „Nachwachsenden Rohstoffe“, der „Produktqualität“ und des Verbraucherschutzes dürfen dabei nicht isoliert betrachtet, sondern müssen durch eine gesamtheitliche Bearbeitung zu einer politik- und anwendungsrelevanten Schnittmenge geführt werden.

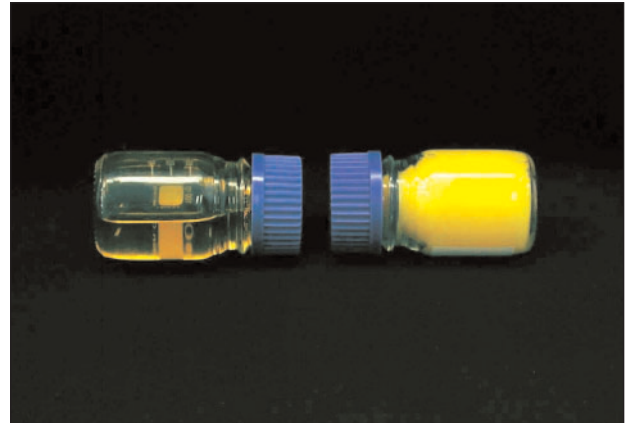


Abb. 3: Ölproben bei 4 °C von transgenem, mit mittelkettigen Fettsäuren angereichertem Raps (rechts) und der nichttransgenen Ausgangsform (links)

Fig. 3: Seed oil samples at 4 °C from transgenic MCF A oilseed rape (on the right) and the original, non-transgenic cultivar (on the left)

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 is integrated in the biotechnology region *BioCon Valley* and takes part in the international nordic *ScanBalt Alliance*.

The Institute of Agricultural Crops 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 environmentally 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 potato, breeding efforts continuously focus on polygenic resistance of foliage and tubers to late blight caused by *Phytophthora infestans*. Prebreeding in this crop is especially challenging since 30 to 50 additional traits have to be considered at an early stage in the breeding of resistant germplasm. Priority is given to combinations of late blight resistance and quality traits such as improved cold-storage ability the latter of which addresses a main component of acrylamide formation in the course of chips and French fries production. Participants of the 15th Triennial Conference of the European Association for Potato Research (EAPR) in Hamburg seized the opportunity to visit our location and have a look at potato research done here.

One of the projects launched in 2002 is directed to the screening of European oat cultivars for resistance to *Ustilago avenae*, the causative agent of loose smut in oat (Fig. 1) which is of importance in organic farming where fungicide seed dressings must not be applied. This research activity is part of the Federal Scheme for Organic Farming whose support measures are to set in specifically where growth of organic farming can be efficiently boosted by closing gaps in support. Another novel research effort in oat addresses beta-glucan as a prebiotic fibre and its augmentation via marker-assisted breeding.

In 2002, our efforts in unlocking plant genetic resources via modern breeding methods proceeded, e. g., in barley where meanwhile, marker-assisted backcross programmes have been established to introgress novel disease resistance genes from the secondary gene pool into adapted barley germplasm (Fig. 2).

As in the previous years, adapted germplasm enriched with valuable traits as well as other outcomes of our research were provided to plant breeders and research institutions. For instance, 19 clones and 6 interspecific somatic hybrids of potato, 20 lines of oat with introgressed resistance to powdery mildew, 140 triticale lines, 5 rye lines each with genetically different leaf rust resistance and more than 1100 transgenic oilseed rape plants carrying a total of 28 constructs for seed oil modification (Fig. 3) or elimination of selection markers, were provided.

Unlocking plant genetic resources for broadening genetic diversity of our crop plants is expected to constitute the core activity of our institute in the years to come. Among disease resistances, those ones shall be given priority which are of increasing relevance due to climatic changes, extension of organic farming, or concerns of consumer protection. Breeding aspects of 'healthy plant', renewable resources, product quality as well as consumers' concerns must, though, not be handled as separate tasks of plant breeding. Rather, they need to be worked on in an integrated way today if they are to meet the requirements of tomorrow's consumers and agriculture.

## 1. Basismaterial/Genetische Ressourcen Pre-Breeding/Genetic Resources

### 1.1 Entwicklung von Basismaterial der Kartoffel mit relativer *Phytophthora*-Resistenz (Kraut- und Braunfäule) auf breiter genetischer Basis (*Solanum*-Arten)

**Breeding of basic material with relative resistance to *Phytophthora infestans* (foliage and tubers) using a wide range of *Solanum* species**

Darsow, U.

Zielsetzung/Aim:

Das langfristige Programm zum Auffinden neuer Resistenzquellen sowie zur Einführung der Gene für relative Resistenz in das Genom von *S. tuberosum* (= tbr) einschließlich der Vorlaufzüchtung bis zur BC4 berücksichtigt als Daueraufgabe alle wichtigen weiteren Zuchtmerkmale in Abhängigkeit von der Verwertungsrichtung. Die Kombinationszüchtung erfordert eine breite genetische Basis. Mehrjährige Resistenzprüfungen am Kraut und an den Knollen erfolgen nach angepassten Prüfungsverfahren.

The aims of a long-term programme are: discovery of new resources for relative late blight resistance, introgression of resistance genes into the *S. tuberosum* genome, and breeding to BC4 with consideration of all important traits of potato in the breeding concept. Cross parents are chosen for starch, processing or table potatoes. Combining breeding requires a wide range of sources of resistance. Several years of resistance tests on foliage and tubers are carried out by use of different methods.

Ergebnisse:

Im Jahr 2002 war folgender Zuchtaufbau vorhanden: 36680 Sämlinge wurden auf Krautfäuleresistenz selektiert, von denen 9950 getopft wurden und 4800 auf Braunfäuleresistenz untersucht werden (Abb. 1). Von der Aussaat des Jahres 2001 wurden 3800 Einzelstauden angebaut, von denen bei der Ernte 837 zur Untersuchung auf Braunfäuleresistenz behalten wurden. Unter 586 A-Klonen, die auf das Aussaatjahr 2000 zurückgehen, wurden 180 Klone allein wegen mangelnder Blüte verworfen. Von 76 sehr „wilden“ Klonen geht die weitere Verbreiterung der Resistenzbasis aus.

In der Leistungsprüfung mit Untersuchung auf etwa 50 Merkmale standen 60 mittelfrühe Klone und 133 mittelspäte der Aussaatjahre 1997 bis 1999 getrennt nach Reifezeit. Parallel zur Leistungsprüfung erfolgt ein Anbau zur Ermittlung der Braunfäuleresistenz im Test ganzer, erntefrischer Knollen und die gesonderte Feldprüfung auf Krautfäuleresistenz. Die scharfe Reduzierung des Materials in wenigen Jahren trägt der quantitativen Vererbung der *Phytophthora*-Resistenz und anderer Merkmale Rechnung. Das Kreuzungsprogramm mit Unterprogrammen der Verwertungsrichtungen wie Speise- oder Stärkekartoffeln enthält 117 tetraploide Mütter mit insgesamt 560 Kombinationen im Teil des fortgeschrittenen Basismaterials und

120 Kreuzungskombinationen an 40 noch „wilden“ tetraploiden Müttern.

Materialabgabe: In diesem Projekt wurde der Sortenzüchtung über die GFP der tetraploide Klon BAZ-GL-96.7419.10 als Resistenzvererber angeboten. Dieser Klon hat Speiseeignung mit starker Kochverfärbung, aber hohe *Phytophthora*-Resistenz an Kraut und Knollen bei guter Virus-, *Erwinia*-, *Fusarium*- und Krebsresistenz (Pathotyp 1 und 18) sowie hoher Ertragsleistung. Zur Erweiterung der genetischen Basis wurden auch drei osteuropäische Sorten mit *Phytophthora*-Resistenz vermittelt. Dem N.I. Vavilov Institute of Plant Industry wurden 500 Samen des Klons GI-Tü-97.C4 zur Selektion und Auslese von Kreuzungseltern überlassen.



Abb. 1: Knollen von Sämlingen in der Prüfung auf relative Braunfäuleresistenz, sechs Tage nach Inokulation

Fig. 1: Assessment of seedlings tubers for late blight resistance, 6 dpi

Abstract:

The scale of clones assessed in 2002 for horizontal late blight resistance and 50 other traits is presented. Selection started with about 55000 seeds. In the subsequent years, the scale was narrowed down to 3800 single-hill plants, 586 A-clones, 100 B-clones, 60 C-clones, and 33 D-clones, respectively. The latter ones are crossed with elder clones and varieties in the cross programme to produce seeds of about 700 cross combinations. One tetraploid clone was handed over to commercial variety breeders and seeds from one clone to VIR, Russia.

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)

**1.2 Kombination von Qualitätsmerkmalen mit Resistenz gegen *Globodera pallida* bzw. *Phytophthora infestans* bei dihaploiden Kartoffeln**  
**Potato breeding on the diploid level for combination of quality traits with resistance to *Globodera pallida* or *Phytophthora infestans***

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 die somatische Fusion angewendet.

The advantage of breeding at the diploid level will be focussed 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:**

Fortschritt ist augenfällig in der Dihaploidenzüchtung im Hinblick auf den Merkmalskomplex Qualität. Durch internationalen Austausch konnte die genetische Basis verbreitert werden mit dem wichtigen Effekt der Minderung der Inzuchtdepression, der sich auch in verbesserter Fertilität bemerkbar macht. An der Kombination von Kaltlagereignung und Knollenform für Pommes frites wird gearbeitet. Gleichfalls erfahren Glattschaligkeit und Keimruhe stärkere Beachtung als bisher.

Im Jahr 2002 kamen 56 Kreuzungskombinationen zur Dihaploidenerzeugung aus tetraploiden Klonen (BAZ-3114) in Richtung *Phytophthora*-Resistenz zur Aussaat, 25 weitere Kreuzungskombinationen, z. T. als Artkreuzungen, wurden ebenfalls ausgesät. Bei den Einzelstauden (Aussaat 2001) standen 490 Klone in Richtung Pommes frites, 200 in Richtung Chips, 630 in Richtung *Phytophthora*-Resistenz, 600 in Richtung *Globodera-pallida*-Resistenz. Unter den A-Klonen (Aussaat 2000) befanden sich in Richtung *Phytophthora*-Resistenz 54 Dihaploide, in Richtung Chips 54, in Richtung Pommes frites 117, in Richtung Speise 144, in Richtung Stärke 73, in Richtung *Globodera-pallida*-Resistenz 46 Klone. In der Leistungsprüfung (Aussaat 1997 - 1999) wurden Richtung Chips 27 Klone (Abb. 1), Pommes 44, Speise 50, Stärke 11 und Pallida-Resistenz 4 dihaploide Klone untersucht. Auf tetraploider Stufe wurden entsprechend 10, 38, 36, 2, 7 Klone weiter untersucht.

Auf diploider Stufe wurden etwa 110 Kreuzungskombinationen in Richtung *Phytophthora*-Resistenz versucht. Für nicht blühende Klone dieser Gruppe wurde ein Fusionsprogramm mit 67 Kombinationen gestartet.

Von 852 A-Klonen gingen im Jahre 2002 nur 16 auf Protoplastenfusion zurück. In der dreijährigen Leistungsprüfung befanden sich neben dem Hauptteil des Materials aus Kreuzungen auch 27 Fusionshybriden zur weiteren Prü-

fung auf Eignung für Pommes frites, 12 auf Chipseignung, 12 auf Speiseeignung und einer auf hohen Stärkegehalt. Im diesjährigen Kreuzungsprogramm wurde erstmals ein Stamm aus Protoplastenfusion als Vererber für Veredlungseignung bei Kaltlagerung eingesetzt.

Materialabgabe: Über die GFP wurden aus der Vorlaufzüchtung dieses Projekts die mittelfrühen, an Kraut und Knollen hoch *Phytophthora*-resistenten und gegen Pathotyp 1 und 18 krebsresistenten Klone BAZ-GL-96.6991.1 und BAZ-GL-96.6997.1 der Sortenzüchtung zur Nutzung über Fusion angeboten. Weiterhin wurden zwei mittelfrühe tetraploide Vererber für hohen Stärkegehalt (BAZ-GL-90.9617.06 mit 23 % Stärke, BAZ-GL-92.6907.06 mit 21 % Stärke) sowie zwei Klone mit Veredlungseignung abgegeben. BAZ-GL-97.307.02 ist frühreif, oval, Ro1-resistent und für Pommes frites nach 4 °C-Lagerung geeignet. Unter den an die Züchtung abgegebenen Kartoffelklonen befindet sich mit BAZ-GL-FH-97.21.02 auch ein durch Protoplastenfusion erzeugter, züchterisch nutzbarer Klon, welcher langovale Form mit hohem Ertrag, Ro1-Resistenz, Eignung für Chips und Pommes nach Kaltlagerung (4 °C), hellgelbe Fleischfarbe, gute Braunfäuleresistenz und sehr hohe Virusresistenz verbindet. Abgegeben wurde auch ein bewährter Vererber für Resistenz gegen *Globodera pallida* (Pa2, Pa3), der knapp mittlere Speiseeignung aufweist: BAZ-GL-86.625.01. Dem N.I. Vavilov Research Institute of Plant Industry in St. Petersburg, Rußland, wurde BAZ-GL-86.625.01 zu Kreuzungen im eigenen Zuchtprogramm überlassen.

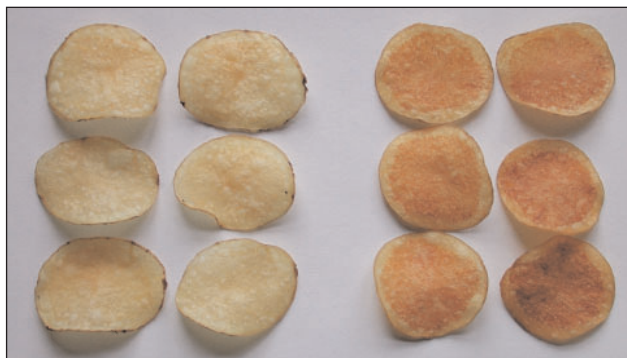


Abb. 1: Prüfung dihaploider Klone auf Eignung zur Chipsherstellung nach Lagerung bei 4 °C. Links: geeignet, rechts: ungeeignet

Fig. 1: Assessing of dihaploids for their suitability in potato chip production after storage at 4 °C. On the left: suitable, on the right: unsuitable

**Abstract:**

Progress is visible in the breeding of diploid germplasm with quality traits concerning growth habit, fertility and tuber size. Production of primary dihaploids from tetraploid late-blight resistant clones was continued. A fusion programme was started. The numbers of clones in the six-years selection scheme are given. To German variety breeders clones with the following characters were handed over in 2002: two dihaploids with late blight resistance,

two second early tetraploids with high starch content, two tetraploids with suitability to processing after storage at 4 °C, one with resistance to *Globodera pallida*. An additional clone was given to VIR, Russia, for research purposes.

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)

### 1.3 Genetische Optimierung der Kartoffel als dominierender Stärkelieferant der Bundesrepublik Deutschland durch Züchtung, Zell- und Molekularbiologie

**Teilprojekt Groß Lüsewitz: Kombination von relativer Kraut- und Braunfäuleresistenz mit verbessertem Stärkegehalt**

**Genetic optimization of potato by breeding, cell and molecular biology as a main donor of starch in the Federal Republic of Germany**

**Part: 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 Krautfäuleresistenz. Das Ziel der Vorlaufzüchtung in der BAZ in diesem Projekt besteht in der Verbindung von relativer Kraut- und Braunfäuleresistenz mit mittelfrüher Reifezeit und hohem Stärkegehalt. Im Jahre 2003 sind von der BAZ zwei mittelfrühe Klone mit  $\geq 17$  % Stärke und Kraut- und Braunfäuleresistenz mit Note  $\geq 6.5$  sowie zwei mittelfrühe bis mittelspäte Klone mit  $\geq 19$  % Stärke und *Phytophthora*-Resistenz  $\geq 7$  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  $\geq 6.5$ . Two additional ones have to be second early to middle late with  $\geq 19$  % starch and blight resistance  $\geq 7$ . Additional clones are planned to be handed over to variety breeding in 2006.

Ergebnisse:

Im Berichtsjahr wurde 26 tetraploide Kreuzungskombinationen mit je 120-900 Samen ausgesät und sowohl auf Krautfäuleresistenz als auch auf Braunfäuleresistenz untersucht und selektiert. Ausreichende Krautfäuleresistenz lag je nach Kombination bei 15-67 % der Nachkommen vor. Durch die Selektion auf Form, Augentiefe, Stolonen-

bildung, Knollengröße erfolgte eine Reduktion um etwa 40 %. An den vorjährigen Sämlingen wurde die Auslese fortgesetzt.

Zur Auslese neuer Kreuzungseltern aus Material der Aussaaten 1996 - 1998 standen in der Leistungsprüfung im Jahre 2002 zwölf mittelfrühe und 16 mittelfrühe bis mittelspäte C- und D-Klone.

Materialabgabe: Um den in der BAZ vorhandenen Forschungsvorlauf noch während der Laufzeit des Verbundprojekts in die Sortenzüchtung einfließen zu lassen, wurde die für 2003 vorgesehene Abgabe unter Berücksichtigung von Basismaterial früherer Jahrgänge auf das Jahr 2002 vorgezogen.

	Reife	Stärkegehalt %	Krautfäuleresistenz	Braunfäuleresistenz
BAZ-GL-93.7091.8	5.2	21.0	7.7	6.8
BAZ-GL-95.7286.1	4.7	20.3	7.0	7.6
BAZ-GL-93.6984.7	3.7	21.9	7.6	7.8
BAZ-GL-94.7235.3	3.1	23.0	7.7	8.0

Tab. 1: Abgabe von vier Zuchtstämmen aus der BAZ als vorgezogene Abschlußleistung 2003. Bewertung der Reife und Resistenz mit Noten 1-9, wobei 9 sehr früh reif bzw. höchste Resistenz bedeutet

Table 1: Delivery of four BAZ clones to variety breeders from the prebreeding programme. Score 9 in the 1-9 scale for very early or highly resistant, respectively

Die vier Klone des Basismaterials erfüllen das gesteckte Ziel. Sie übertreffen 'Producent' in der Kraut- und Braunfäuleresistenz um eine bzw. drei bis vier Noten (Abb. 1). Drei Klone sind als Bestäuber geeignet. Drei entsprechen 'Producent' im Ertrag und Stärkegehalt. BAZ-GL-94.7235.3 hat nach einjähriger Prüfung auch Eignung zur Pommes-frites-Erzeugung nach 4 °C-Lagerung. Die Virusresistenz wird als gut eingestuft. Drei Klone zeichnen sich durch hohe relative Naßfäuleresistenz aus, einer ist nematodenresistent (Ro1), einer gegen Krebs Pathotyp 1. Umfangreiche Einzeldaten zur Bewertung der Klone wurden den Züchtern mitgeteilt.

Abstract:

One part of the project is focussed on 26 cross combinations of the year 2001, sown in 2002 to select inheritors until 2006 for the combination of tuber and foliage blight resistance with good starch content and second early maturity up. Results of clonal selection of fixed cross combinations of the years 1997 and 1998 up to date comprise six clones with the desired combination according to 1-2-years' results. Four elder late-blight resistant clones were handed over to variety breeders before 2003 according to



Abb. 1: Knollen von BAZ-GL-95.7286.01: mittelfrüh, 20 % Stärke, hohe Kraut- und Braunfäule-, Naßfäule- und Virusresistenz, als Resistenzvererber an deutsche Sortenzuchtfirmen 2002 abgegeben

Fig. 1: Tubers of the clone BAZ-GL-95.7286.01: second early, 20 % starch, high resistance to foliage and tuber blight, soft rot and virus diseases, handed over to German variety breeders in 2002

the conditions 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.

Zusammenarbeit mit: BBA Braunschweig/Kleinmachnow Niepold, F.; Stachewicz, H.; GFP und Kartoffelzuchtbetriebe; IPK Gatersleben, Genbank Groß Lüsewitz, Schüler, K.; LPSA Rostock, Kruse, H.

Beginn: 01.09.2000/Ende: 31.08.2003

(BAZ-3143), gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR)

#### 1.4 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/Aim:

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:

Zur Selektion potenzieller Resistenzquellen gegen Braunrost (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*), Schwarzrost (*Puccinia graminis*), *Rhynchosporium*-Blattflecken (*Rhynchosporium secalis*) und Mehltau (*Erysiphe graminis*) wurden im Berichtsjahr 2002 weitere 95 Genbankakzessionen weltweiter Herkunft in einer Mikroprüfung (1.5 m<sup>2</sup>, Dünnsaat) auf ihren Befall unter natürlichem Infektionsdruck untersucht. In einer zweiten Prüfparzelle in normaler Saatstärke wurden agronomische Merkmale (Standfestigkeit, Wuchshöhe, TKG usw.) erfasst.

Schwarzrost trat 2002 vergleichbar stark auf wie in den vergangenen Jahren. Unter den geprüften Genbankherkünften wurden vier mit nur schwachem Schwarzrostbefall selektiert und sollen zur Erschließung möglicher Resistenzen weiter bearbeitet werden. Weitere fünf potenzielle Resistenzquellen aus früheren Evaluierungen wurden mittlerweile zur Entwicklung von spaltenden F<sub>2</sub>-Populationen in Kreuzungen mit einer anfälligen Inzuchtlinie verwendet. Zur genetischen Analyse dieser Resistenzen sollen In-situ-Blattsegmenttests (BST) bzw. Adultpflanzentests unter Freiland- bzw. Klimakammer-Bedingungen zum Einsatz kommen.

Das starke natürliche Auftreten von Mehltau ermöglichte 2002, im Gegensatz zu den vorangegangenen Jahren, die Beurteilung der genetischen Ressourcen auch gegenüber diesem Schadpilz. Bei mittelstarkem Befall der Standardsorte 'Motto' zeigten drei Populationen keinen und weitere drei Akzessionen einen schwachen Befall und repräsentieren Quellen zur Erschließung potenzieller Resistenzen gegenüber diesem Pathogen.

Wie im Jahr 2001 zeigten alle geprüften Genbankakzessionen auch im Berichtsjahr einen sehr hohen Befall an *Rhynchosporium*-Blattflecken. Die geringe Anfälligkeit von zwei potenziellen Resistenzquellen aus früheren Evaluierungsprogrammen konnte 2002 im Feld nach künstlicher *Rhynchosporium*-Inokulation bestätigt werden. Diese, sowie verschiedene nur schwach befallene Inzuchtlinien wurden bereits zur Entwicklung spaltender Generationen in Kreuzungen mit einer anfälligen Inzuchtlinie eingesetzt. Zur einfacheren und schnelleren Untersuchung potenzieller Resistenzen gegen *Rhynchosporium*-Blattflecken soll auch für diese Krankheit an der Etablierung von Resistenztests unter Klimakammerbedingungen gearbeitet werden.

Bei starkem natürlichem Braunrostbefall wurde im Evaluierungsanbau 2002 eine Genbankakzession mit schwachem bis mittlerem Befall registriert. Die als schwach anfällig eingestufte Standardsorte 'Motto' zeigte auch 2002

einen starken Braunrostbefall. Die weitere Bearbeitung von Braunrost-Resistenzquellen aus entsprechenden Evaluierungen der vergangenen Versuchsjahre stellten, begründet in der Bedeutung von Braunrost als wichtigste windverbreitete Pilzkrankheit bei Roggen, auch im Jahr 2002 den Schwerpunkt der Arbeiten dar.

Aus weiteren 9 Populationen wurden mittlerweile über BST Braunrost-Resistenzdonoren selektiert, diese in Kreuzungen mit der hochanfälligen Inzuchtlinie L301-N eingesetzt und spaltende F2-Generationen entwickelt. Durch BST soll in 2003 an diesem Material die genetische Charakterisierung dieser Resistenzen erfolgen.

Die Ergebnisse aus BST zweier F2-Populationen (n = 96), für die in 2001 jeweils die Existenz eines dominant wirkenden Majorgens nachgewiesen wurde, zeigten eine Übereinstimmung von 92 % und 99 % mit Feldprüfungen (Adultpflanzen) nach künstlicher Inokulation. Hiermit wird die Wirksamkeit dieser Resistenzen unabhängig vom Entwicklungsstadium der Pflanzen dokumentiert.

In jüngster Zeit erbrachten BST von zwei weiteren spaltenden F2-Populationen den Nachweis dominanter Resistenzgene aus Resistenzquellen, die in Evaluierungsarbeiten der vergangenen Jahre selektiert wurden. Zur chromosomalen Lokalisation und molekularen Markierung der Resistenzgene (BAZ-3140) werden diese F2-Familien direkt als Kartierungspopulationen eingesetzt.

Die bereits kartierten Braunrostresistenzgene *Lr-a*, *Lr-b*, *Lr-g* und *Lr-h* wurden in Kooperation mit der BBA Kleinmachnow in BST mit 15-23 Einzelpustelisolaten geprüft. Das dabei beobachtete differenzielle Reaktionsmuster lässt den Schluss zu, dass es sich bei den untersuchten um nicht identische *Lr*-Gene handelt.

Die Einlagerung der bereits kartierten Resistenzgene (*Lr-a*, *Lr-b*, *Lr-c*, *Lr-f*, *Lr-g*, *Lr-h* und *Lr-n*) sowie der jüngst identifizierten Resistenzgene in L301-N zur Bildung isogener Linien wurde fortgesetzt und entsprechende Rückkreuzungen (BC2 bis BC5) erstellt.

Durch die Kombinationen verschiedener kartierter Resistenzgene wurde die Pyramidisierung von *Lr*-Genen fortgesetzt. F1-Nachkommen aus der markergestützten Pyramidisierung zeigten im BST die erwarteten Spaltungsverhältnisse. Für die *Lr*-Gen-Kombination *Lr-a/Lr-c* war aufgrund der charakteristischen Resistenzreaktion der beiden Gene neben der molekularen auch eine phänotypische Differenzierung von Trägern der verschiedenen *Lr*-Gene möglich.

Ergänzend wurde *Lr-a*- sowie *Lr-c*-resistentes Material im Berichtszeitraum in Kooperation mit der Universität Rostock einer cytologischen Charakterisierung unterzogen. Dabei konnte durch die Bestimmung des Pilzwachstums, sowie durch Untersuchungen von Zellwandveränderungen und hypersensitiven Reaktionen gezeigt werden, dass *Lr-c* das Pathogen *P. recondita* schon an der Ausbildung erster Haustorien hindert, während *Lr-a* erst zum Abbruch einer bereits etablierten Infektion führt.

Abstract:

The objectives of these studies are (1) the evaluation of rye accessions which have been rarely employed in rye breeding to date, (2) the characterisation of valuable traits from selected accessions and (3) their synchronous transfer into basic breeding material.

Out of 95 accessions from different genebank collections tested for resistance to leaf rust, stem rust, scald and powdery mildew under natural infection pressure, one accession, showing little to medium leaf rust symptoms and four populations displaying little stem-rust infestation were selected. These provenances and additional three populations which were found to allow no infestation with powdery mildew, represent potential sources of resistance.

Detached-leaf tests of segregating generations of additional sources of leaf-rust resistance led to the identification of two dominant leaf-rust resistance genes. The application of a large number of single-pustule lines in detached-leaf tests allowed the differentiation of the previously mapped *Lr*-genes *Lr-a*, *Lr-b*, *Lr-g*, and *Lr-h*.

Concerning the *Lr* genes which were already mapped (*Lr-a*, *Lr-b*, *Lr-c*, *Lr-f*, *Lr-g*, *Lr-h*, and *Lr-n*) and further *Lr* genes identified recently, the development of near-isogenic lines on the basis of L301-N and the pyramiding of different *Lr* genes was continued.

In Zusammenarbeit mit: VIR (St. Petersburg), Solodukhina, O. Universität St. Petersburg, Voylokov, A.; Universität Rostock, von Tiedemann, A.; BBA, Kleinmachnow, Flath, K.; Universität Halle, Klocke, B.; BAZ, Inst. f. landwirtschaftl. Kulturen, Groß Lüsewitz, Ruge, B., Hackauf, B. (BAZ-3140).

(BAZ-3122)

## **1.5 Untersuchungen zur Nutzung und züchterischen Verbesserung von perennierendem Roggen**

### **Investigations on the use and breeding improvement of perennial rye**

Roux, S. R.

Zielstellung/Aim:

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 November 2001 wurde der 4. Zyklus eines rekurrenten Selektionsprogrammes zur Steigerung der Perennierungsfähigkeit im untersuchten Material gestartet. Die im 3. Zyklus im Rahmen der Feldprüfungen in Groß Lüsewitz und an der Universität Stuttgart-Hohenheim selektierten Subpopulationen wurden dabei in getrennten Blöcken angelegt. Im 4. Zyklus umfassten die beiden Materialgruppen 336 bzw. 340 Einzelpflanzen, die mit jeweils 2 gärtnerisch erstellten Klonteilen ausgepflanzt wurden.

In der Groß Lüsewitzer Subpopulation wurde im November 2002 eine Perennierungsfähigkeit von 98,2 % [mindestens 1 Klonteil der Einzelpflanze perennierend (KT1)] bzw. 92,2 % [beide Klonteile perennierend (KT2)] ermittelt. Die Perennierungsfähigkeit der Population, die im 2. Zyklus in Stuttgart-Hohenheim selektiert wurde, betrug 98,2 % (KT1) bzw. 90,3 % (KT2). Die Perennierungsfähigkeit ergab sich hierbei aus dem Anteil im November 2002 vorhandener, neu ausgetriebener Pflanzen, prozentual bezogen auf die Pflanzenzahlen im Frühjahr des Jahres.

In Zyklus 4 des rekurrenten Selektionsprogrammes zur Steigerung der Perennierungsfähigkeit konnten somit weitaus höhere Perennierungsraten erreicht werden als in den Prüfungen, die in den vergangenen Jahren in Groß Lüsewitz im Laufe der Selektionsarbeiten durchgeführt wurden.

Anhand der Merkmale Lagerneigung, Vitalität, TKG und Fallzahl werden im Frühjahr 2003 aus den mit je 2 Klonteilen perennierenden Einzelpflanzen beider Subpopulationen insgesamt ca. 80 Einzelpflanzen selektiert, die im Sommer 2003 pollenisoliert durchkreuzt werden und das Ausgangsmaterial zum Start eines möglichen neuen Zyklus darstellen.

**Abstract:**

In the 4<sup>th</sup> cycle of a recurrent selection programme two subpopulations which were selected in Groß Lüsewitz and Stuttgart-Hohenheim were tested in 2002 with 336 and 340 plants, respectively, and 2 clones per individual. The trait of top priority „perennial habit“ and several agronomical traits were assessed. In the subpopulation derived from Groß Lüsewitz a „perennial habit“ (difference of the number of plants in spring and autumn of 2002) of 98.2 % (at least 1 clone perennial) and 92.2 % (both clones perennial) was registered.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hohenheim, Stuttgart, Geiger, H.H.; Landessaatzuchtanstalt, Stuttgart, Miedaner, T.

(BAZ-3129)

Tab.1: Spaltungszahlen für Mehltaresistenz von Kreuzungsnachkommen mit der resistenten *A.-sativa*-Herkunft AVE 321  
Table 1: Segregation of F2 and BC1 populations of crosses with powdery-mildew resistant *A. sativa* accession AVE 321

Generation	Kreuzung	Resistente	Anfällige	Geprüfte Spaltung	$\chi^2$ -Wert
F1	AVE 321 x 'Wistar'	5	0	-	-
F2	AVE 321 x 'Freddy'	113	30	3 : 1	1,23*
F2	AVE 321 x 'Wistar'	234	64	3 : 1	1,97*
F2	AVE 321 x 'Wistar'	231	67	3 : 1	1,01*
BC1	'Freddy' x (AVE 321 x 'Freddy')	61	59	1 : 1	0,03*
BC1	'Wistar' x (AVE 321 x 'Wistar')	18	7	1 : 1	4,84

\* signifikant für  $\alpha = 0,05$

**1.6 Erstellung von Basismaterial bei Hafer mit Resistenz gegen Echten Mehltau und Gerstengelverzweigungsvirus**

**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 gegen Mehltau und Toleranz gegen *Barley Yellow Dwarf Virus* (BYDV) durch geeignete Kreuzungsprogramme auf leistungsfähige Saathaftersorten 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 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 250 bisher nicht untersuchten *A.-sativa*-Akzessionen der Genbank des IPK Gatersleben wurden diese im Gewächshaus mit Mehltau inokuliert. Unter den mitgeprüften Vergleichsstandardsorten erwiesen sich 'Flämingsglanz' und 'Flämingslord' als resistent, während alle anderen Prüfglieder Anfälligkeit zeigten.

Die im vorjährigen Screening gefundene Mehltaresistenz der *A.-sativa*-Herkunft AVE 321 wurde hinsichtlich ihrer Vererbung untersucht. Dazu wurden die F1, F2 und BC1 mit Hilfe des Blattsegmenttests geprüft. In Tab. 1 sind die Spaltungszahlen aufgeführt, die auf einen monogen-dominanten Erbgang der Resistenz schließen lassen.

Die obigen Spaltungsverhältnisse sowie weitere Aufspaltungsergebnisse werden 2003 durch die Prüfung der F3 validiert.



Zur Übertragung der Mehltreueresistenz aus der *A. strigosa*-Herkunft AVE 128 auf Saathafer wurden die im Vorjahr geselbsteten Kreuzungsnachkommen mehrfach verklont und mittels Durchflusszytometrie der Ploidiegrad bestimmt. Trotz des bei einigen Pflanzen vorliegenden hexaploiden Status waren alle Pflanzen fast vollständig steril und auch die gezielte Bestäubung mit den *A. sativa*-Eltern ergab keinen Kornansatz. Insgesamt wurden von 69 Pflanzen 12990 Ährchen geprüft und 2 Karyopsen geerntet. Im kommenden Jahr soll das Restsaatgut für eine erneute Pflanzenanzucht unter kontrollierten Temperaturbedingungen zur Blüte sowie zur Rückkreuzung mit *A. sativa* genutzt werden.

Abstract:

A screening conducted in 2002 of 250 *Avena sativa* accessions from the IPK genebank for resistance to powdery mildew revealed resistance exclusively in 'Flämingsglanz' and 'Flämingslord'. The inheritance of the resistance to powdery mildew in *A. sativa* accession AVE 321 found in the screening in the previous year was investigated using F1, F2 and BC1 populations. Results suggest a monogenic dominant inheritance of the resistance.

Hybrids of powdery-mildew resistant *A. strigosa* accession AVE 128 with *A. sativa* genotypes were selfed and/or backcrossed with *A. sativa*. High sterility of the F1 and F2 plants was visible and only 2 karyopses from 12990 spikelets were obtained.

(BAZ-3118)

### 1.7 Untersuchung europäischer Hafersorten auf Resistenz gegenüber Haferflugbrand (*Ustilago avenae*)

#### Investigation of oat cultivars for resistance to smut (*Ustilago avenae*)

Herrmann, M.

Zielstellung/Aim:

Für den ökologischen Anbau von Hafer stellt der Haferflugbrand ein großes wirtschaftliches Problem dar, da diese Pilzkrankheit den Ertrag reduziert und die Saatguterzeugung gefährdet. Ein potenzieller Lösungsansatz für dieses Problem ist gezielte Resistenzzüchtung. Dazu soll eine Resistenzprüfmethode etabliert, die Virulenz verschiedener Flugbrandherkünfte untersucht und ein breites Hafersortiment auf Resistenz zweiertig geprüft werden. Im Ergebnis des Projekts sollen sichere Aussagen zum Resistenzniveau aktueller Sorten vorliegen und darauf aufbauend die Chancen für eine erfolgreiche Resistenzzüchtung eingeschätzt werden können.

To investigate the potential of breeding for resistance to smut, a method for the inoculation of oat with *Ustilago avenae* has to be developed, virulence phenotypes of *U. avenae* races will be characterized and the resistance of 100 oat cultivars to smut will be investigated.

Ergebnisse:

Als erstes Teilziel in diesem Projekt wurde zur Etablierung einer Inokulationsmethode auf Grundlage der unterdruckvermittelten Infiltration von Saatgut mit wässrigen Sporensuspensionen ein methodischer Versuch durchgeführt, bei dem die Faktoren Genotyp, Unterdruck, Saatgutbehälter und Inokulumkonzentration variiert wurden. Jeder dieser Faktoren zeigte einen signifikanten Einfluss auf den Flugbrandbefall. In Abb. 1 ist der Einfluss des Flugbrandbefalls von der Inokulumkonzentration, dem Genotyp und dem Unterdruck dargestellt.

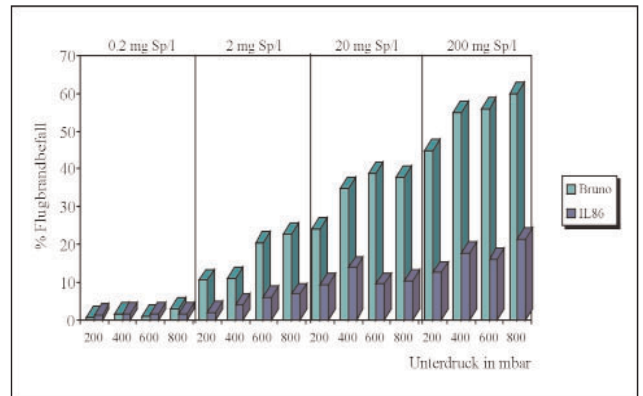


Abb. 1: Flugbrandbefall (% Pflanzen) von zwei Haferlinien in Abhängigkeit von der Inokulumdichte und dem angelegten Unterdruck bei der Infiltration (Mittelwert aus 6 Wdh.)

Fig. 1: Percent smutted plants in dependence on inoculum density and vacuum pressure applied for infiltration (mean of 6 replications)

Die Sorte 'Bruno' erwies sich als anfälliger als die Linie IL86, wobei der Unterschied bereits bei einer Sporendichte von 2mg Sporen/L nachgewiesen wurde. Mit zunehmender Inokulumkonzentration steigt jedoch die Differenz zwischen beiden Sorten und im Allgemeinen die Sicherheit der Eingruppierung von Genotypen. Für die Prüfung von Haferlinien unter kontrollierten Umweltbedingungen erscheinen 200mg Sporen/L (~ 2,5 Mio. Sporen/ml) und -800 mbar Unterdruck für eine Differenzierung von Genotypen geeignet. Bei Prüfungen im Freiland sollte wegen der für den Pilz mitunter ungünstigen hohen Bodenfeuchte und tiefen Temperatur eine Inokulumkonzentration nicht unter 1 g/L gewählt werden. Mit der hier verwendeten Methodik kann Zuchtmaterial effektiv und reproduzierbar in züchtungsrelevantem Umfang für Resistenzprüfungen inokuliert werden.

Abstract:

In an initial experiment, four factors which influence the infection with *Ustilago avenae* were investigated using vacuum-mediated infiltration of oat seed with an aqueous spore suspension. Two oat lines, four vacuum pressures, two different seed bags and four inoculum densities were applied. The infection percentage was most influenced by genotyp and inoculum density, followed by the vacuum

pressure (Fig. 1) and the seed bag. Whereas spore suspensions of 2 mg/L allowed to differentiate between genotypes spore densities higher than 200 mg/L and vacuum pressure of -800 mbar are recommended for examination of the resistance level in controlled environments. For field examinations, inocula with at least 1 g spores per litre are recommended.

In Zusammenarbeit mit: Müller, K.J. Getreidezüchtungs-forschung Darzau; durchgeführt im Rahmen des Bundesprogramms „Ökologischer Landbau“.

(BAZ-3158)

### 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 Merkma-

le 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 and BAZ genebanks will be evaluated for important agronomical characters and resistances to scab and other pathogens.

Ergebnisse:

Um methodische Hinweise für die Entwicklung der primären Weizen-Roggen-Bastarde zu fertilen Triticalestämmen zu erhalten, wurden drei Kreuzungsvarianten aufgebaut. Dazu wurden die F1-Pflanzen aus der Kreuzung zwischen primären Triticale und den Triticalesorten 'Vision' oder 'Lasko' verklont und jeder Klon mit 'Trimaran' und einer fertilen F1 von ('Kimon' x 'Hacada') x 'Lasko' (= 'KIHALA') gekreuzt und geselbstet. Nach vier Generationen Single-seed-descent hat sich die Fertilität bei den Nachkommen der ersten Kreuzungsvariante auf ein insgesamt ähnliches Niveau wie bei der Standardsorte 'Trimaran' eingestellt (Tab. 1). Deutlich minderfertil waren die Nachkommen der Kreuzung mit 'KIHALA' sowie die Selbstungsnachkommen, von denen einige gänzlich während der Single-seed-descent nicht zur Reife gelangten und für die weitere Bearbeitung ausfielen. Die Fertilität korreliert mit der Kornbonitur, welche weitgehend die Kornfüllung beschreibt (Tab. 1). Auch in diesem Merkmal waren nur wenige der Kreuzungsnachkommen mit 'Trimaran' dem Leistungselter ebenbürtig. In den kommenden zwei Jahren werden die übrigen agronomischen Eigenschaften der se-

Tab. 1: Kornbonitur und Kornzahl pro Spindelstufe von unterschiedlichen Kreuzungsnachkommen mit primären Triticale nach vier Generationen Single-seed-descent

Table 1: Kernel filling and seed set per rhachis of different combinations with primary triticale after four generations of single seed descent

Weizen x Roggen x Triticale	'Trimaran'	KIHALA**	Selbstung	'Trimaran'	KIHALA**	Selbstung
	Kornbonitur (1...9; 1=sehr gut)			Kornzahl pro Spindelstufe		
	F5	F5	F6	F5	F5	F6
'Bovictus' x 'Hacada' x 'Vision'	4,7	5,9	5,9	3,8	1,9	3,1
'Bovictus' x 'Hacada' x 'Vision'	4,0	5,9	5,2	4,5	3,5	3,4
'Pegassos' x 'Hacada' x 'Vision'	5,1	5,8	6,4	3,7	3,6	1,9
'Piko' x 'Motto' x 'Lasko'	4,6	5,9	6,8	3,8	2,1	2,8
'Piko' x 'Motto' x 'Lasko'	4,9	6,4	5,6	4,0	3,4	3,5
WW2509 x 'Motto' x 'Vision'	5,3	4,6		3,8	3,5	
WW2509 x 'Motto' x 'Vision'	5,1	6,3		3,4	3,0	
'Kimon' x 'Motto' x 'Vision'	5,5		5,5	3,9		3,6
'Kimon' x 'Motto' x 'Vision'	4,8	5,9		3,4	2,9	
'Kimon' x 'Motto' x 'Vision'	4,5	6,0	6,3	2,8	2,8	2,5
'Lindos' x 'Motto' x 'Vision'	5,6	6,6		3,7	3,1	
'Aristos' x 'Motto' x 'Vision'	5,1	5,9	5,8	4,4	3,7	3,0
'Aristos' x 'Motto' x 'Vision'	5,1	5,8	8,6	3,8	2,7	3,5
'Aristos' x 'Motto' x 'Vision'	5,1	5,7		3,7	3,0	
<b>Mittelwert</b>	5,0	5,9	6,2	3,8	3,0	3,0
'Trimaran'	4,3			4,0		
GD Tukey				1,4		

\* Mittelwert von 4 bis 20 Einzelpflanzen

\*\* fertile F1 von ('Kimon' x 'Hacada') x 'Lasko'

lektierten Einzelpflanzen der drei Kreuzungsvarianten im Zuchtgarten geprüft, um Aussagen zur Methodik der Nutzung primärer Triticale ableiten zu können und entsprechendes Basismaterial für die Züchtung bereitzustellen.

Im Rahmen des Programms zur Evaluierung der Triticale-Herkünfte der IPK- und BAZ-Genbanken sind bisher 1030 von 1400 Akzessionen mehrortig geprüft worden, wobei in jedem der untersuchten Merkmale eine signifikante Variation festgestellt wurde. Besonders hoch ist die Variation des Genbanksortiments in den Merkmalen Wuchshöhe, Ährenschieben, Rostresistenz, Ährenseptoria, Tausendkorngewicht und Kornfüllung. Bezüglich Fallzahl und Fusariumresistenz (Ähre) wurden bisher nur wenige züchterisch wertvolle Akzessionen gefunden.

#### Abstract

To develop basic genetic materials with resistances to pre-harvest sprouting, scab and lodging, the selection programme of secondary triticale populations was continued. Different types of secondary triticale were developed until F6 generation. Lower kernel numbers per rachis and lower kernel filling were detected in most of the progenies in comparison to 'Trimaran'.

In the joint evaluation programme, 1010 out of 1400 triticale accessions from the genebanks of IPK Gatersleben and BAZ have been examined to date mainly for heading, plant height, resistances to leaf rust and yellow rust, scab, falling number and kernel filling. Significant variability was found in all traits investigated. Only few accessions revealed higher falling numbers and a higher scab resistance than the best standard cultivars and, thus, deserve integration in actual breeding programmes for triticale.

In Zusammenarbeit mit: Thiemt, E., Landessaatzuchtanstalt Stuttgart; Wahle, G., SAKA GmbH; Schachschneider, R., Nordsaat Saatzeit GmbH; Schinkel, B., Lochow-Petkus GmbH.

(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, Auswuchsfestigkeit, Tausendkorngewicht und andere Merkmale. Ergänzend zur Heterosis werden die gca- und sca-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 und Tausendkorngewicht und eine überwiegend negative Heterosis für Fallzahl. Das Ährenschieben und der Auswuchs nach Provokation der Ähren wurden durch Heterosiseffekte nicht modifiziert.

#### Abstract:

A set of eight winter triticale genotypes with different falling numbers was crossed in a diallelic scheme. Heterosis for important agronomic features was assessed at four locations from F1 without reciprocals. In 2001 and 2002 negative hybrid effects were found for falling number and positive effects for thousand-kernel weight and plant height.

In Zusammenarbeit mit: Thiemt, E., LSA Stuttgart; Wahle, G., SAKA GmbH; Schinkel, B., Lochow-Petkus-GmbH.

(BAZ-3148)

### 1.10 Freisetzung und züchterische Bearbeitung von Raps (*Brassica napus* L.) mit gentechnisch veränderter Fettsäurezusammensetzung

#### Field release and breeding of oilseed rape (*Brassica napus* L.) with genetically engineered fatty acid composition

Rudloff, E.

#### Zielsetzung/Aim:

Ziel des 1996 begonnenen Freisetzungsvorhabens ist es, die Stärke und Stabilität der Expression des Thioesterasegens *CIFatB4* aus *Cuphea lanceolata* in Sommerraps der Sorte 'Drakkar' zu untersuchen und geeignetes Ausgangsmaterial für die Sortenzüchtung zu erzeugen. Die Genexpression bewirkt die Bildung der in Rapsöl nicht vorhandenen Myristinsäure (C14:0) und eine erhöhte Produktion von Palmitinsäure (C16:0).

Genetically modified spring-type oilseed rape carrying the thioesterase gene *CIFatB4* from *Cuphea lanceolata* accumulates the fatty acid myristic acid (C14:0) and an increased level of palmitic acid (C16:0) in its seed oil. Transgenic plants of this type have been field-released since 1996. The objectives are (1) to study the stability and strength of transgene expression, (2) to select suitable genetic material for breeding and (3) to produce sufficient amounts of rapeseed from transgenic lines with high C14:0 contents for studies of seed and oil processing.

#### Ergebnisse:

Das myristinsäurehaltige Öl der transgenen Pflanzen kann ein wertvoller Rohstoff für die Erzeugung von chemischen Grundstoffen sein. Für die Wirtschaftlichkeit bestimmter

Verfahren der Fettsäuregewinnung spielt das Verhältnis von Palmitinsäure (C16:0) zu Myristinsäure (C14:0) eine Rolle. Das Öl soll mehr C14:0 als C16:0 enthalten. Der Quotient aus C16:0 und C14:0 (C16/C14-Quotient) soll von derzeit 1,4 bis 1,5 auf weniger als 1,0 gesenkt werden.

In dem in 2000 geernteten Material der Linienselektion wurden eine ausreichende Variabilität im C16/C14-Quotienten beobachtet und mit der Selektion begonnen. Für die Selektion in 2001 wurden neben 9 auf hohen C14:0-Gehalt selektierten Linien (Gruppe I) auch 11 Linien mit einem niedrigen C16/C14-Quotienten (Gruppe II) ausgesät. Der C16/C14-Quotient schwankte in der ersten Gruppe zwischen 1,33 und 1,58 und in der zweiten Gruppe zwischen 0,98 und 1,03. Die Differenzen zwischen beiden Gruppen sind offensichtlich genetisch bedingt, denn die 2001 geernteten Nachkommen dieser Linien lassen eine deutliche Trennung beider Gruppen erkennen (Tab. 1).

Bemerkenswert ist, dass mit der Selektion auf niedrigen C16/C14-Quotienten eine signifikante Erhöhung des C14:0-Gehaltes verbunden war (Tab. 1). Der C16/C14-Quotient der Einzelpflanzen variierte zwischen 0,86 und 1,18.

Tab. 1: Vergleich von C14:0- und C16:0-Gehalt bei Selektion auf C14:0-Gehalt (Gruppe I) und C16/C14-Quotienten (Gruppe II)

Table 1: Comparison of C14:0 and C16:0 content in the selection for C14:0 content (group I) and C16/C14 ratio (group II)

	Gruppe I	Gruppe II	Differenz	t
C16/C14	1,48	0,99	0,49	55,80*
C14:0 (%)	13,1	15,0	1,9	10,65*
C16:0 (%)	19,4	14,8	4,6	32,03*

\* Mittelwertdifferenz signifikant (t-Test;  $t_{\text{Tab.}(\alpha = 0.05; 219 \text{ FG})} = 1,97$ )

\* Significantly differing means (t-test;  $t_{\text{Tab.}(\alpha = 0.05; 219 \text{ df})} = 1.97$ )

Die Analyse der 20 Linien (Generation T9), darunter die 11 mit niedrigem C16/C14-Quotienten, zeigte eine Variation im Liniennittel zwischen 12,1% und 16,5 % C14:0 und in den Einzelpflanzenwerten zwischen 8,0 und 19,6 % C14:0.

Mit dem Ziel, über eine Akkumulation von Transgenkopien den C14:0-Gehalt zu steigern, wurden Linien aus unterschiedlichen Primärtransformanten (3 bis > 6 Kopien) gekreuzt. Eine additive Erhöhung des C14:0-Gehaltes wurde nicht beobachtet, wohl aber eine vergrößerte Variabilität. In 2001 wurden 41 Nachkommenschaften der Generation F6 bzw. F7 geprüft. Der mittlere C14:0-Gehalt schwankte zwischen 13,0 und 17,1 %. Die Einzelpflanzenwerte variierten zwischen 10,0 und 19,9 % C14:0, und

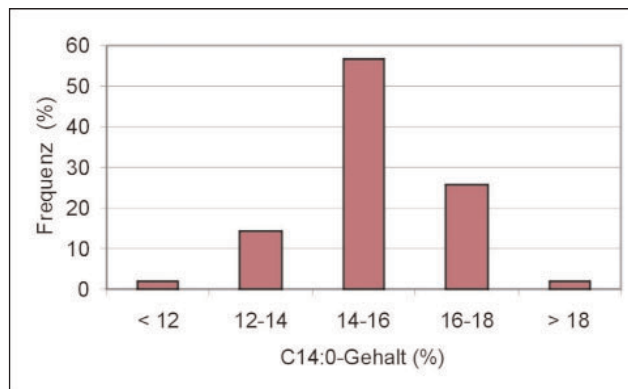


Abb. 1: Verteilung des C14:0-Gehaltes in Nachkommen aus Kreuzung zwischen verschiedenen transgenen Linien (Freisetzung 2001)

Fig. 1: Distribution of the C14:0 content in the offspring ( $F_6/F_7$ ) of crosses between different transgenic lines (trial 2001)

27,2 % der Pflanzen hatten einen C14:0-Gehalt von über 16 % (Abb. 1). Der C16/C14-Quotient lag zwischen 1,18 und 1,67.

Zur Erzeugung größerer Mengen transgener Rapssaat für die Gewinnung von Öl wurden zwei transgene Linien vermehrt, die aus den o. g. Kreuzungen stammen und sich durch einen hohen C14:0-Gehalt auszeichneten. Die Vermehrung erfolgte auf Drillparzellen von 17,7 m<sup>2</sup> Fläche. Die fünf Parzellen der Linie V5 hatten einen C14:0-Gehalt zwischen 17,6 und 18,5 % (Mittel = 18,1 %; s % = 1,92). Für die Linie V6 (12 Parzellen) wurden zwischen 15,3 und 17,8 % C14:0 gemessen (Mittel = 16,5 %; s % = 4,25). Von beiden Linien wurden in 2002 insgesamt ca. 43 kg Rapsaat für die Gewinnung von Öl übergeben, das von den Firmen Fuchs Petrolub, Mannheim, und Sasol, Hamburg, für weitere Untersuchungen genutzt wird. Weiterhin wurde Rapsöl an die Firmen ASG Analytik-Service Gesellschaft mbH Augsburg und Leuna-Tenside GmbH für anwendungsorientierte Untersuchungen übergeben.

Ferner wurde myristinsäurehaltiges Öl gemeinsam mit anderen Rapsölqualitäten am Institut für Ernährungswissenschaften der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg für Fütterungsversuche an Goldhamstern eingesetzt, wobei u.a. beobachtet wurde, dass das Öl im Vergleich zu tierischem Schmalz trotz ähnlichem Anteil gesättigter C14- und C16-Fettsäuren zu einer deutlich verminderten LDL-Cholesterinkonzentration führte (Eder und Brandsch 2002). Der Freisetzungsversuch wurde in 2002 planmäßig beendet.

Abstract:

Decreasing the ratio of palmitic to myristic acid (C16/C14 ratio) may be beneficial in regard to the processing of C14:0 from transgenic oil. In 2000, plants with a low C16/C14 ratio were identified displaying a C16/C14 ratio between 0.98 and 1.03. The C16/C14 ratio normally is 1.4 to 1.5. Their offspring confirmed these results, varying from 0.86 to 1.18 and, thus, indicating the possibility to select for a low C16/C14 ratio.

Crosses between different transgenic lines performed with the aim to accumulate transgenic copies did not result in an additive accumulation but in a markedly higher variation of the C14:0 content. Two lines displaying high and relatively stable C14:0 contents of 18.1 % and 16.5 %, respectively, have been propagated to produce amounts of rape-seed sufficient to study the industrial application of the oil. Several seed and oil samples have been provided to different companies for this purpose in 2001 and 2002.

In Zusammenarbeit mit: BAZ Inst. f. Stressphysiologie und Rohstoffqualität, Jürgens, H.-U.; Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung - IFZ d. Justus-Liebig-Uni Gießen, Lühs, W.

(BAZ-3121)

### **1.11 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:

Im Rahmen einer „EUCARPIA Multisite Rust Evaluation“ erfolgte am Standort Groß Lüsewitz in den Jahren 2001 und 2002 unter Freilandbedingungen die Bewertung von 18 *L.-multiflorum*- und 33 *L.-perenne*-Sorten hinsichtlich ihrer Resistenz gegenüber dem Kronenrost und anderen Rost- und Blattfleckenkrankheiten. Die Sorten wurden im gleichen Zeitraum an 22 weiteren Standorten unter Beteiligung von insgesamt 10 westeuropäischen Ländern evaluiert. Aufgrund der Bedeutung des Kronenrostes bildete die

Beurteilung der Resistenz gegenüber diesem Pathogen den Schwerpunkt bei der Auswertung des Sortenversuchs. Im Vergleich der mittleren Befallsbonituren über alle Sorten (Notenskala 1-9, 1 = kein Befall, 9 = Blätter vollständig befallen) gehört Groß Lüsewitz zu den Standorten mit den höchsten Befallswerten bei den *L.-perenne*-Sorten. Dieses gilt nicht für den Befall von *L.-multiflorum*-Sorten. Die Sorten-x-Orte-Wechselwirkungen waren sowohl beim Deutschen als auch Welschen Weidelgras zwar signifikant, aber insgesamt gering. Zu den resistentesten Sorten beim Deutschen Weidelgras zählen ‘Gwendal’, ‘Bocage’, ‘Lacerta’; beim Welschen Weidelgras sind es die Sorten ‘Tarandus’, ‘Domino’, ‘Caballo’. Das Resistenzniveau dieser Sorten ist hoch, und das Mittel über alle Orte bewegt sich in dem Intervall von 2,11-2,58 der Befallsskala 1-9. Diese Sorten bedeuten eine wichtige Grundlage für die weitere Selektion resistenten Materials.

Abstract:

In the course of the „EUCARPIA Multisite Rust Evaluation“ 18 *L. multiflorum* and 33 *L. perenne* cultivars were tested at 23 sites in Europe to crown rust in the field. Disease severity was recorded on a 1 to 9 scale (1, no disease, 9, foliage completely covered with rust). Groß Lüsewitz belonged to the sites with the highest infestation in respect to *L. perenne* cultivars. Though significant, cultivars x sites interaction was low both for *L. perenne* and *L. multiflorum* cultivars. The level of the best resistant cultivars ranged from 2.11 to 2.58 on the 1 to 9 scale. These cultivars constitute an important basis for further selection of resistant material.

In Zusammenarbeit mit: Willner, E., Genbank IPK Gatersleben.

(BAZ-3110)

### **1.12 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* (s. Jahresbericht 1999) 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*.

Durch die In-situ-Prüfung (Blattsegmenttest) von I<sub>0,1</sub>-Linien auf Resistenz gegenüber dem Erreger des Kronenrostes (*P. coronata*) konnten auch in *L. multiflorum* homogen resistente Linien gefunden werden. Zur Erzeugung von F1-Populationen wurden diese Linien mit homogen anfälligen Linien von *L. perenne* gekreuzt. Nach den Ergebnissen der F1-Nachkommenschaftsprüfung liegt eine dominante Vererbung des Merkmals Resistenz vor. Alle F1-Pflanzen zeigten sich im In-situ-Test befallsfrei. Nach Vernalisation dieser Pflanzen wurden F2- und Rückkreuzungspopulationen erzeugt und die Spaltungszahlen ermittelt. In Tabellen 1 und 2 sind die entsprechenden Spaltungen in den einzelnen Nachkommenschaften angegeben. Die Homogenitätsprüfung ergab, dass die fünf F2- und fünf BC1-Nachkommenschaften hinsichtlich ihrer Aufspaltung für Kronenrost jeweils homogen sind ( $\chi^2_{(FG=4)} = 2,96$  bzw.  $\chi^2_{(FG=4)} = 2,54$ ). In Tabellen 2 und 3 sind daher auch die gepoolten Spaltungszahlen angegeben. Die F2- und BC1-Spaltungsdaten sind vereinbar mit einer 3:1- bzw. 1:1-Spaltung, wie sie unter der Annahme einer Segregation eines dominanten Resistenzgens in den untersuchten Nachkommenschaften zu erwarten ist.

Bereits im *L. perenne*-Material wurden Resistenzgene beschrieben, die die Bezeichnung *Cr1* und *Cr2* erhielten. Es ist zu prüfen, ob das in *L. multiflorum* gefundene Resistenzgen mit einem dieser beiden Resistenzgene identisch ist. Voraussetzung für die Charakterisierung der Kronenrostresistenzgene ist der Einsatz molekularer Marker. Unter Verwendung von SSR-Markern erfolgt die Kartierung dieser Gene innerhalb des *Lolium*-Genoms.

Tab. 1: Aufspaltung von resistenten und anfälligen Genotypen in F2-Nachkommenschaften

Table 1: Segregation of resistant and susceptible genotypes in F2 progeny

F2	n	Aufspaltungen		$\chi^2_{3:1}$
		res.	anf.	
1	71	54	17	0,04
2	74	52	22	0,88
3	74	59	15	0,88
4	76	61	15	1,12
5	73	54	19	0,04
<b>Gesamt</b>	<b>368</b>	<b>280</b>	<b>88</b>	<b>0,23</b>

Tab. 2: Aufspaltungen von resistenten und anfälligen Genotypen in BC1-Nachkommenschaften

Table 2: Segregation of resistant and susceptible genotypes in BC1 progeny

BC1	n	Aufspaltungen		$\chi^2_{1:1}$
		res.	anf.	
1	74	40	34	0,48
2	64	32	32	0,00
3	45	21	24	0,20
4	72	41	31	1,39
5	67	32	35	0,16
<b>Gesamt</b>	<b>322</b>	<b>166</b>	<b>156</b>	<b>0,31</b>

**Abstract:**

Inbred lines in *L. multiflorum* were selected which were homozygous for resistance to crown rust. Resistance is expressed dominantly in F1 progeny. Using these lines, F2 and BC1 offspring was produced and tested for resistance to *P. coronata*. Segregation analysis revealed that the resistance is controlled by a single dominantly acting gene. The segregating populations are used for molecular marker analysis to identify the gene for resistance and to test its relationship to the genes *Cr1* and *Cr2* previously found in *L. perenne*. In addition, genetic analysis will be carried out to identify further resistance genes in *L. multiflorum* and *Festuca arundinacea* introgressions.

In Zusammenarbeit mit: Bothe, R., Versuchsstation Thüle der DSV.

(BAZ-3106)

### 1.13 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 eng mit der Kulturgerste verwandte Wildgerstenart *Hordeum bulbosum* besitzt aufgrund ihrer vielfältigen Krankheitsresistenzen eine potentielle Bedeutung als genetische Ressource in der Gerstenzüchtung. Da der interspezifische Gentransfer durch sexuelle Hybridisierung mit der Gerste schwierig ist, sollen die Sterilitätsbarrieren durch Anwendung von In-vitro-Techniken überwunden werden. Im Rahmen eines Hybridisierungsprogramms sollen neue interspezifische Hybriden hergestellt werden. Die Einbeziehung zahlreicher *H.-bulbosum*-Akzessionen und verschiedener *H.-vulgare*-Sorten in das Kreuzungsprogramm soll eine breite genetische Vielfalt der erzeugten interspezifischen Hybriden gewährleisten. Diese Hybriden sollen als Ausgangsmaterial für eine stabile Introgression von Merkmalsgenen in die Kulturgerste dienen.

The wild species *H. bulbosum* is closely related to cultivated barley. *H. bulbosum* has potential value as genetic resource for barley breeding due to its manifold disease resistances. Since interspecific gene transfer through sexual hybridisation with barley is difficult, application of *in vitro* techniques shall help to overcome these sterility barriers. Within the scope of a hybridisation programme, new interspecific hybrids shall be produced. Use of various *H. bulbosum* accessions as well as barley cultivars within the crossing programme should expand the genetic diversity of interspecific hybrids. These hybrids may serve as a starting point for stable introgressions of trait genes into cultivated barley.

##### Ergebnisse:

Durch interspezifische Kreuzung zwischen *H. vulgare* (2x) und einer *H.-bulbosum*-Herkunft (4x) mit Mehrfachresistenz (Mehltau, Zwergrost, Gelbmosaikviruskomplex [BaMMV, BaYMV-1, 2], Gelbverzwergungsvirus [BYDV]) wurden Arthybriden erzeugt. Nach Inokulation mit dem Isolat BYDV-PAV blieben einige Hybriden gegenüber dem Gelbverzwergungsvirus befallsfrei (ELISA). Diese Genotypen zeichnen sich zusätzlich durch eine Zwergrostresistenz aus. Von interspezifischen Hybriden aus Kreuzungen

zwischen *H. vulgare* (2x) und sechs weiteren *H.-bulbosum*-Herkünften wurden durch Selbstung und Rückkreuzung Nachkommen erzeugt. In ersten zytologischen Untersuchungen wurden diploide, triploide und tetraploide Pflanzen nachgewiesen.

Antheren- und Mikrosporenkultur führte bei drei Hybriden zu grünen Pflanzen. Euploide Nachkommen mit 14 Chromosomen werden hinsichtlich einer möglichen Introgression von *H.-bulbosum*-Chromatin untersucht.

##### Abstract:

Interspecific hybrids were produced by crossing *H. vulgare* (2x) with a *H. bulbosum* accession (4x) the latter of which expressed multiple resistance to *Erysiphe graminis*, *Puccinia hordei*, BaMMV, BaYMV-1, -2 and BYDV. After inoculation with the strain BYDV-PAV several hybrids remained without symptoms and were virus-negative according to ELISA. These hybrid plants are also resistant to leaf rust. By selfing and backcrossing of interspecific hybrids from crosses of *H. vulgare* (2x) and six *H. bulbosum* accessions progeny plants were produced. Ploidy analysis and chromosome counting indicated diploid, triploid or tetraploid status of these plants. By anther and microspore culture of three hybrids green plants were regenerated. Euploid offspring carrying 14 chromosomes will have to be further tested for introgression of *H. bulbosum* chromatin.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. Epidemiologie u. Resistenz, Aschersleben, Habekuß, A.

(BAZ-3149)

## 2. Molekulare Züchtungsmethoden Molecular Breeding Methods

### 2.1 Entwicklung molekularer Marker für die Roggenzüchtung/Entwicklung und Kartierung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen Development of molecular markers for rye breeding/Development and mapping of microsatellite markers in rye

Hackauf, B.; Krause, L.; Wehling, P.

##### Zielstellung/Aim:

Für die effektive markergestützte Selektion bei Roggen soll die bislang unzureichende Zahl verfügbarer Mikrosatellitenmarker wesentlich erhöht werden. Hierzu werden im Rahmen eines im Genomforschungsprogramm GABI eingebetteten Forschungsprojekts neuere Strategien der SSR-Markerentwicklung angewandt. Darüber hinaus wird

im Rahmen einer vergleichenden Genomanalyse an einem Fallbeispiel geprüft, welche Perspektiven sich im Hinblick auf die Übertragbarkeit der Reisgenomdaten auf andere Kulturpflanzen aus der Familie der Poaceae, z. B. den Roggen, eröffnen.

To support marker-assisted selection the number of microsatellite markers available for the rye genome has to be considerably increased. Novel strategies shall be applied to this end. In addition, a case study *via* 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.

**Ergebnisse:**

In Zusammenarbeit mit Dr. S. Rudd wurden im Rahmen von GABI-Info die etwas mehr als 8000 Roggen-ESTs aus unterschiedlichem Gewebe bioinformatisch prozessiert. In diesem Datensatz konnten perfekte, imperfekte, zusammengesetzte oder unterbrochene di-, tri-, tetra- und pentanukleotide SSRs in ca. 1300 ESTs identifiziert werden. Diese Sequenzinformation wird für die Markerentwicklung im Roggen verwendet. Im Rahmen des Projekts wurden für 290 dieser ESTs Primer abgeleitet. Diese EST-SSR werden gegenwärtig sowohl in die bereits aus AFLP- sowie SSR-Markern etablierte genetische Karte der BC1-Familie *BC9953* mit einer Gesamtlänge von gegenwärtig 697 cM integriert, als auch in der F2-Interpool-Kartierungspopulation *LAC1300* kartiert. Wie für den Roggen als fremdbefruchtende Art zu erwarten, zeichnen sich die ausgewählten Populationen durch einen hohen Grad an Polymorphismus (41 % bzw. 55 %) für die EST-SSRs aus. Aufgrund der teilweise konservierten Struktur exprimierter Gene lassen sich zum gegenwärtigen Zeitpunkt ca. 60 % der kartierten EST-SSR im Reisgenom *in silico* kartieren. Mit der Erschließung der Reisgenomdaten über die vergleichende Kartierung von EST-SSRs eröffnen sich neue Perspektiven für die Analyse des Roggengenoms, für das nur ein begrenztes Reservoir an genomanalytischen Ressourcen zur Verfügung steht.

Auf Grundlage der Syntäniebeziehungen zwischen Teilen von Reischromosom 4R und Roggenchromosom 2RL konnten die zu einer Genfamilie von S-Rezeptor-Proteinkinase (SRK) im Reis orthologen Roggengene gezielt über eine PCR-gestützte Strategie kartiert werden (Abb. 1).

Über RT-PCR mit degenerierten Primern ließen sich Fragmente der erwarteten Größe von cDNA aus Roggennarben bzw. -ovarien sowie aus unreifen Antheren amplifizieren. Die Spezifität der eingesetzten Primer wurde aus dem Se-

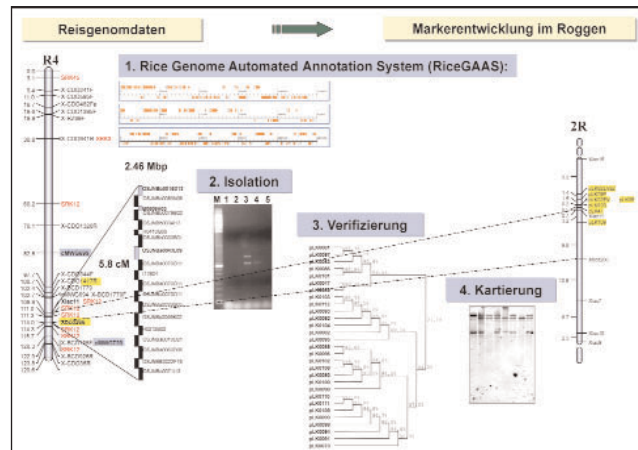


Abb. 1: Entwicklung molekularer Marker auf Roggenchromosom 2RL auf Grundlage der Syntnie zu Reischromosom R4. Die Reisgenomdaten dienen als Grundlage für die Entwicklung genspezifischer Primer (1), mit deren Hilfe subgenomische Fragmente aus Roggen-Narben inklusive Ovarien- bzw. -Antheren cDNAs isoliert und kloniert werden (2). Die amplifizierten Fragmente werden durch Sequenzanalyse verifiziert und entsprechend ihrer Diversität in Gruppen eingeteilt (3). Abschließend erfolgt die Kartierung individueller Klone (4). Die ausgewählten Klone kartieren im erwarteten Markerintervall auf Chromosom 2RL.

Fig 1: Development of molecular markers on rye chromosome 2RL based on the synteny to rice chromosome R4. Gene-specific primers were developed based on the rice genome data (1) and were used to isolate subgenomic fragments from generative tissues in rye (2). These fragments were verified by sequence analysis (3) and subsequently mapped (4). The selected clones mapped within the expected marker interval on chromosome 2RL.

quenzvergleich von 59 gewonnenen ESTs mit den Reisgenomdaten abgeleitet. Die Roggen-SRKs kartieren als Cluster eng gekoppelter Gene im erwarteten Markerintervall auf Chromosom 2RL, so dass für diesen Genomabschnitt auf ein hohes Maß an Kolinearität zwischen Reis und Roggen geschlossen werden kann. Diese Ergebnisse zeigen, dass die Reisgenomdaten eine wertvolle Ressource für die gezielte Entwicklung genspezifischer molekularer Marker für das Chromosom 2RL des Roggens darstellen.

**Abstract:**

In cooperation with the GSF Bioinformatics Resource Centre (GABI-Info, Dr. S. Rudd), more than 8000 rye



ESTs were processed using a state-of-the-art EST clustering pipeline with novel algorithms for the characterisation 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 source for the development of SSR markers in rye. PCR primers have been derived for 290 of these ESTs, and polymorphic SSRs are being mapped in the backcross population *BC9953* as well as in the F2 interpool mapping population *IAC1300*. The selected populations reveal a high level of polymorphism for microsatellites (41 % and 55 %, respectively), as can be expected for an outbreeding species like rye.

In a case study we have started to analyze a family of S receptor kinases (SRK) on rye chromosome 2RL based on the chromosomal localization of their orthologues on rice chromosome 4. Colinearity between rye and rice for the chromosomal segment bearing this gene family could be demonstrated on the macro-level using the marker loci cMWG699, bcd266 and cMWG720. RT-PCR with primers derived from the extracellular domain of rice SRKs yielded rye cDNA fragments of the expected size specifically amplified from stigmas and anthers. Sequence analysis revealed that rye SRK amplicons displayed the highest degree of similarity to the underlying rice SRK sequences. The rye SRKs mapped as a cluster of closely linked genes to the expected interval on 2RL, suggesting a high degree of colinearity within this defined chromosomal segment. To conclude, the rice genome data provides a valuable platform for the targeted development of gene-specific markers for a selected region of rye chromosome 2RL.

In Zusammenarbeit mit: Geiger, H.H., Universität Hohenheim; Miedaner T., Landessaatzuchtanstalt Hohenheim; Rudd, S., MIPS; Wilde, P., Lochow-Petkus GmbH; Wortmann, H., Hybro GmbH

(BAZ-3136, BAZ-3146)

## 2.2 Erschließung des sekundären Genpools der Gattung *Hordeum* als genetische Ressource für Resistenz gegen Gelbmosaikviren

### Unlocking the secondary gene pool of the genus *Hordeum* as a genetic resource for yellow mosaic virus resistance

Ruge, B., Linz, A.

Zielsetzung/Aim:

*Hordeum bulbosum* stellt als Vertreter des sekundären Genpools der Gerste eine bisher wenig genutzte Ressource dar, die über ein großes Potential für die Erschließung

neuer Resistenzen verfügt. Das Auftreten von Rekombination zwischen den beiden Genomen ermöglicht die Identifizierung Resistenz bedingender *H.-bulbosum*-Introgressionen im Gerstengenom. Auf der Basis von diploiden Rekombinanten erfolgt die Entwicklung von Kartierungspopulationen, die eine genetische und molekulare Charakterisierung von introgressierten Resistenzen gegenüber Gelbmosaikviren erlaubt.

The studies aim at the introgression of novel resistance genes against the barley yellow mosaic virus complex from *H. bulbosum* into cultivated barley. Resistances will be analyzed genetically and mapped by use of molecular markers.

Ergebnisse:

Zwei dominant vererbte Gelbmosaikvirusresistenzen, die auf verschiedene *H.-bulbosum*-Resistenzdonoren zurückgehen, konnten in unterschiedlichen, jeweils monohybrid aufspaltenden Kartierungspopulationen dem Gerstenchromosom 6HS zugeordnet werden. Eines der beiden neuen Resistenzgene, *Rym14<sup>hb</sup>*, ist gegen den gesamten Komplex (BaMMV, BaYMV-1, -2) wirksam (s. Jahresbericht 2001). Die Wirksamkeit der Virusresistenz, die von dem anderen *H.-bulbosum*-Resistenzdonor stammt, wird zur Zeit im Freiland auf unterschiedlichen Virus-Kontaminationsflächen geprüft.

Der Erfolg in der züchterischen Nutzung solcher Resistenzen, die durch Introgression von „Wildchromatin“ in die Kulturform eingeführt wurden, hängt nicht zuletzt von der Charakterisierung mit molekularen Markern ab. Für beide Kartierungsfamilien liegen diagnostische sowie rekombinante Marker vor; die Anordnung gemeinsamer Marker ist identisch, jedoch mit unterschiedlichen genetischen Distanzen zur Resistenz (Abb. 1).

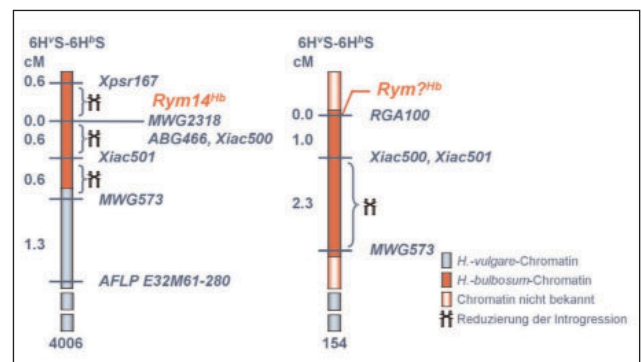


Abb. 1: Kartierung zweier unabhängiger Introgressionen auf Chromosom 6HS, die Resistenz gegen den Gelbmosaikviruskomplex vermitteln

Fig. 1: Mapping of two introgressions on chromosome 6HS that confer resistance to the soil-borne virus complex

Mit Hilfe der molekularen Marker konnte die genetische Ausdehnung der in den beiden Kartierungspopulationen segregierenden *H. bulbosum*-Introgressionen definiert werden. In einer Kartierungsfamilie reicht die proximale Ausdehnung der Introgression maximal bis zum Gerstenankermarker *MWG573* (Abb.1).

Dagegen schließt die Introgression in der zweiten Familie den Marker *MWG573* ein, da in dieser Population ein für *H. bulbosum* spezifisches Markerallel nachgewiesen wurde. In beiden Populationen treten Rekombinanten auf, die eine Verkleinerung der Introgression im Vergleich zur ursprünglichen Größe zur Folge haben. In der ersten Familie konnte die Introgression durch Rekombination zwischen der Resistenz und dem Marker *Xpsr167* von ursprünglich ca. 13 cM auf 11.3 cM reduziert werden, bezogen auf die Konsenskarte der Gerste. Zur Zeit werden weitere gemeinsame Marker in den beiden Familien kartiert, die eine Identifizierung weiterer Rekombinanten mit verkleinerter Introgression ermöglichen sollen.

**Abstract:**

Interspecific crosses between *H. bulbosum* and *H. vulgare* were used for the transfer of novel resistance genes against the barley yellow mosaic virus complex into cultivated barley. Two mapping populations were developed independently using two different *H. bulbosum* donor parents. Mapping data demonstrates that introgressions of different extent were present on chromosome 6HS in both families. For both introgressions diagnostic markers are available. Recombination events resulted in reduced introgression sizes.

In Zusammenarbeit mit: Crop & Food Research, Neuseeland, Pickering, R.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie u. Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G., Habekuß, A.

(BAZ-3115)

**2.3 Erschließung von *Hordeum bulbosum* als Quelle neuer Resistenzgene für die Kulturgerste**  
**Unlocking *Hordeum bulbosum* as a source for novel resistances genes in barley**

Ruge, B.; Linz, A.; Wehling, P.

**Zielsetzung/Aim:**

Zusätzlich zur Resistenz gegen die Gelbmosaikviren werden Resistenzen gegen die beiden Blattkrankheiten Zwergrost und Mehltau aus dem sekundären Genpool übertragen. Durch die Introgression multipler Resistenzen soll neues, züchterisch adaptiertes Ausgangsmaterial im Hinblick auf das Zuchtziel „Gesunde Gerste“ geschaffen werden.

The transfer of multiple resistances in cultivated barley shall be accomplished by interspecific crosses between *H. vulgare* and *H. bulbosum*. Genetic and molecular studies will be performed in segregating populations to create adapted germplasm in respect to the breeding goal of the „healthy plant“.

**Ergebnisse:**

Die Analyse spaltender Kartierungspopulationen für Zwergrost- und Mehlttauresistenzen weist auf das Vorhandensein mehrerer dominanter Resistenzgene hin, die durch Introgression homoeologer Genomabschnitte aus *H. bulbosum* in die Kulturgerste übertragen wurden. Bevorzugte Rekombinationsorte bilden dabei die distalen Bereiche des Chromosoms 2H. Sowohl auf dem kurzen als auch auf dem langen Arm konnten Resistenz bedingende Introgressionen identifiziert werden (Abb. 1).

In der Linie 3027 wurde auf dem Chromosom 2HS ein Locus (*Pm<sup>Hb</sup>*) lokalisiert, der Resistenz gegen Mehltau (Tab. 1) bewirkt sowie ein weiterer Genort (*Rph<sup>Hb</sup>, Pm<sup>Hb</sup>*), der Resistenz gegenüber Mehltau und Zwergrost (Linie

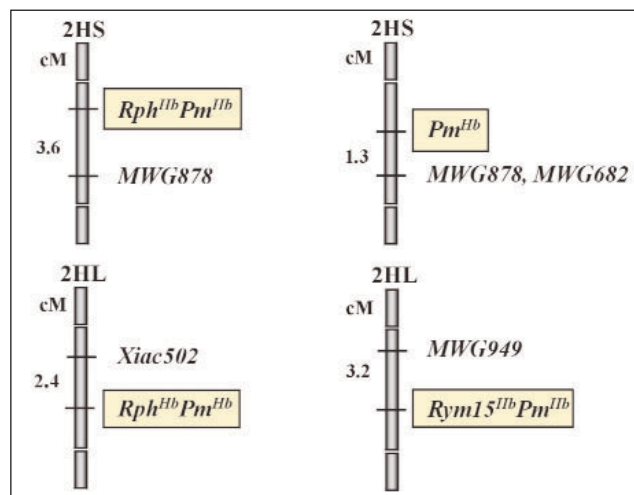


Abb. 1: Verschiedene Resistenzloci auf den Chromosomen 2HS und 2HL

Fig. 1: Resistance loci mapped on chromosome arms 2HS and 2HL

3026) vermittelt. Die beiden Loci zeigen eine enge Kopplung zu dem RFLP-Marker *MWG878* (Abb. 1). Die unterschiedliche Wirksamkeit dieser beiden 2HS-Mehltau-Resistenzen gegenüber den getesteten Isolaten weist auf das Vorhandensein unterschiedlicher Resistenzgene bzw. Allele am Mehlttauresistenzlocus hin (Tab. 1). Es soll geprüft werden, ob durch die Kreuzung resistenter Genotypen der beiden Linien das Wirkungsspektrum der Resistenz erhöht werden kann.

Tab. 1: Wirksamkeit von Resistenzloci auf dem Gerstenchromosom 2H gegenüber verschiedenen Mehltau- und Zwergrostisolaten ( $R^{Hb}$ , Resistenz aus *H. bulbosum*; S, Suszeptibel; n.u., nicht untersucht)

Table 1: Effectiveness of resistance loci on barley chromosome 2H against different strains of powdery mildew and leaf rust ( $R^{Hb}$ , Resistance from *H. bulbosum*; S, susceptible; n.u., not determined)

<i>Erysiphe graminis</i>						<i>Puccinia hordei</i>			
	Isolat	1	2	3	4	5	1	2	3
Chromosom	Linie								
2HS	3026	S	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	S	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$
2HS	3027	$R^{Hb}$	S	$R^{Hb}$	S	n.u.	S	S	n.u.
	Isolat	1	6	7	8	9	1	2	3
Chromosom	Linie								
2HL	4034	n.u.	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	S	S	n.u.
2HL	3021	$R^{Hb}$	n.u.	n.u.	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$
2HL	1282	S	$R^{Hb}$	S	n.u.	n.u.	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$	$R^{Hb}$

Die Wirksamkeit gegenüber verschiedenen Pathogenen konnte für Introgressionen auf dem Chromosom 2HL nachgewiesen werden. Die Resistenzen gegenüber Mehltau und Zwergrost in der Linie 3021 kosegregieren. In der Linie 4034 wurde ein weiteres, dominantes Gen (*Rym15<sup>Hb</sup>*) lokalisiert, welches Resistenz gegenüber den Gelbmosaikviren vermittelt. In dieser Introgressionslinie wurde gleichzeitig eine aus *H. bulbosum* stammende Mehltau-Resistenz nachgewiesen (Tab. 1). Die Resistenzreaktion gegenüber den verwendeten Mehltau-Isolaten ist in den Linien 4034, 3021 und 1282 unterschiedlich. Gegenüber den untersuchten Zwergrostisolaten konnte keine Unterschiede in der Resistenzreaktion beobachtet werden (Tab. 1). Das Resistenzgen *Rym15<sup>Hb</sup>* kartiert 3.2 cM von dem RFLP-Marker *MWG949*. Der zweite auf Chromosom 2HL lokalisierte Resistenzlocus zeigt eine genetische Distanz von 2.4 cM zu dem STS-Marker *Xiac502*. Die Primer für diesen STS-Marker wurden von dem RFLP-Marker *MWG866* abgeleitet.

#### Abstract:

For resistance breeding the effectiveness of the resistance as well as a marker-assisted selection are of interest. Mapping of resistances by using anchor markers gives a first information on the number of resistance genes located on the barley chromosomes. Different resistance loci which are characterized by using different pathogen strains, could be mapped on chromosomes 2HS and 2HL. Linkage analysis revealed closely linked RFLP markers for each lo-

cus. For a resistance locus located on 2HL which confers resistance to both powdery mildew and leaf rust a STS marker was developed.

In Zusammenarbeit mit: Crop & Food Research, Neuseeland, Pickering, R.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie u. Resistenz, Aschersleben, Habekuß, A.; BBA, Inst. f. Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Flath, K.; Saatzuchtgesellschaft Streng's Erben GmbH & Co. KG, Greif, P.; Deutsche Saatveredelung Lippstadt Bremen GmbH, Vaupel, J.; Saatzucht Bauer GmbH, Ramgraber, L.

(BAZ 3134, BAZ 3151)

#### 2.4 Molekulare Charakterisierung von Resistenzgenen bei Roggen und anderen Gräsern Molecular characterization of disease resistance genes in rye and other grasses

Bringezu, Th.; Linz, B.; Wehling, P.

#### Zielsetzung/Aim:

Sequenzmotive verschiedener, bereits klonierter Resistenzgene sollen in diesem GABI-Projekt als Grundlage der Entwicklung von PCR-Markern zur Identifizierung resistenzgen-analoger Sequenzen in Getreidepopulationen mit aufspaltenden Resistenzen gegen pilzliche und virale Krankheitserreger dienen.

Based on sequence motifs shared by several cloned resistance genes PCR markers shall be developed to identify analogous sequences in crop populations segregating for resistance against fungal or viral diseases.

#### Ergebnisse:

Die Arbeiten im Berichtszeitraum konzentrierten sich auf die Darstellung von Vertretern der NBS-LRR-Genfamilie und deren Beziehung zu definierten Braunrostgenen sowie einem Mehltauresistenzgen im Roggen. Für 16 auf dem kurzen Arm der homoeologen Gruppe 1 in Gerste und Weizen lokalisierte NBS-LRR-Analoga wurden sequenzspezifische Primer zur Darstellung subgenomischer Fragmente aus dem Roggen genom eingesetzt. Mit 14 dieser STS-Primer konnten Produkte der erwarteten Größe dargestellt werden. Für 50 % dieser PCR-Fragmente war ein Polymorphismus in den ausgewählten Kartierungspopulationen zu beobachten. Neben dem Ursprung und der korrekten Größe der PCR-Produkte weist ihre chromosomale Lokalisation auf Chromosom 1RS darauf hin, dass auf Grundlage der Syntanie zwischen den Getreidearten mit den eingesetzten Primern orthologe Sequenzen im Roggen dargestellt werden konnten.

Die bislang erarbeiteten Kartierungsdaten zeigen, dass auch im Roggen NBS-LRR-Analoga geclustert im distalen Bereich von 1RS kartieren. Dieser Cluster liegt gekoppelt zu einem dominanten Mehlauresistenzgen *Pm* vor (Abb. 1).

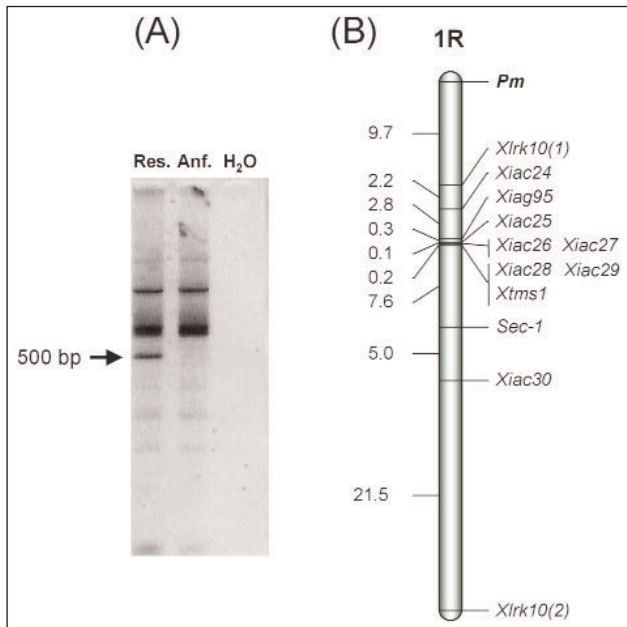


Abb. 1: Entwicklung und Kartierung von NBS-LRR-Sequenzen im Roggen. (A) Amplifikation von subgenomischen Fragmenten unter Einsatz genspezifischer Primer aus NBS-LRR-Genen. (B) Kartierung von Vertretern der subgenomischen Fragmente (*Xiac24* bis *Xiac30*) relativ zu einem Mehlauresistenzgen (*Pm*) auf Chromosom 1RS

Fig. 1: Development and mapping of NBS-LRR sequences in rye. (A), Amplification of subgenomic fragments by use of primers derived from sequenced NBS-LRR genes in Triticeae. (B), Mapping of NBS-LRR members (*Xiac24* through *Xiac30*) in relation to a powdery mildew resistance gene (*Pm*) on rye chromosome 1RS

Neben dem Einsatz genspezifischer Primer erfolgte eine Darstellung von Resistenzgen-Analoga aus der NBS-LRR-Familie mit Hilfe degenerierter Primer. Die so gewonnenen subgenomischen Fragmente werden zurzeit über eine Bulk-Segregant-Analyse in Beziehung zu insgesamt 15 Braunrostresistenzgenen und einem Mehlauresistenzgen kartiert, die wir an Hand von SSR-Ankermarkern auf den Chromosomen 1R, 2R, 4R, 6R bzw. 7R lokalisieren konnten (vgl. BAZ-3140).

Abstract:

Research was focussed on members of the NBS/LRR gene family in relation to defined leaf-rust and powdery-mildew resistance genes in rye. STS primers were developed for 16 NBS-LRR members which had already been mapped on the short arm of homoeologous group 1 chromosomes in wheat and barley. Subgenomic fragments of the expected size could be amplified from the rye genome with fourteen primer pairs. Within the selected mapping populations polymorphisms were detected for 50 % of these STS. The chromosomal localization of these markers on the short arm of rye chromosome 1R indicates that orthologous sites have been tagged in rye. As has been reported for other small grain cereals, our mapping data demonstrates the presence of a cluster of NBS-LRR genes located on rye chromosome 1RS (Fig. 1). Further NBS-LRR genes are currently being mapped in relation to fifteen leaf-rust resistance genes and one gene conferring resistance to powdery mildew using degenerated primers and bulked-segregant analysis.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Hermann, M. (BAZ-3118); Lellbach, H. (BAZ-3110); Roux, S.R. (BAZ-3122); Ruge, B. (BAZ-3115); gefördert durch BMBF.

(BAZ-3141)

## 2.5 Kartierung von Genen für Braunrostresistenz bei Roggen

### Mapping of genes for leaf-rust resistance in rye

Hackauf, B.; Wehling, P.; Ruge B.

Zielstellung/Aim:

Ziel des Projekts ist die Charakterisierung neu identifizierter Resistenzgene gegen den Erreger des Braunrostes (*Puccinia recondita* f.sp. *secalis* Rob. Ex Desm.) im Roggen mit Hilfe molekularer Marker. Neben der Lokalisation der Resistenzgene im Roggengenom sollen die Marker für die Kombination unterschiedlicher Resistenzgene eingesetzt werden.

To support marker-assisted selection and pyramidization of resistance genes the project aims at developing molecular markers for novel resistance genes to leaf rust (*Puccinia recondita* f.sp. *secalis* Rob. Ex Desm.) in rye.

Ergebnisse:

Mit den im Projekt BAZ-3136 entwickelten und in eine genetische Karte des Roggens integrierten Mikrosatellitenmarkern ('SCM'-Markern) steht ein effektives Werkzeug für die Kartierung von Resistenzgenen im Roggen zur Ver-

fügung. Mit Hilfe der SCM-Marker ist es im Berichtsjahr gelungen, weitere Braunrostresistenzgene unterschiedlicher Herkunft chromosomal zu lokalisieren. Die mit vorläufigen Symbolen benannten Gene *Lr-i*, *Lr-k* und *Lr-n* konnten auf Chromosom 1R lokalisiert werden; auf diesem Chromosom sind zuvor bereits die Gene *Lr-c*, *Lr-g* und *Lr-h* kartiert worden. Weitere Braunrostresistenzgene wurden auf Chromosom 2R (*Lr-f*), Chromosom 4R (*Lr-j*, *Lr-l*) sowie auf dem langen Arm von Chromosom 7R (*Lr-b*) lokalisiert. Das Resistenzgen *Lr-b* kartiert am distalen Ende auf Chromosom 7RL. Dieser Genomabschnitt ist ortholog zu einem Segment der homoeologen Gruppe 2S der Triticeae. Im Weizen sind eine Reihe von Sorten als Träger des Resistenzgenclusters *Lr37/Yr17/Sr38* bekannt, der über ein 2S-Segment aus *Triticum ventricosum* auf das Weizenchromosom 2AS transloziert worden ist. Unsere Beobachtung, dass ein Resistenzgen auf dem Roggenchromosom 7RL gekoppelt mit 2S-Markern vorliegt, steht somit im Einklang mit den Syntänie-Beziehungen innerhalb der Triticeae für diesen Genomabschnitt.

Bislang sind im Rahmen dieses Projekts *Lr*-Gene auf 11 definierten Genomabschnitten des Roggens identifiziert worden. Die Lokalisation dieser Gene auf fünf der insgesamt sieben Chromosomen zeigt, dass auch im Roggen Genom eine erhebliche Diversität im Hinblick auf Resistenzgene gegen Braunrost vorliegt.

Für eine markergestützte Selektion bei der Entwicklung nahezu isogener Linien oder der Pyramidisierung von *Lr*-Genen stellen sequenzspezifische PCR-Marker, sogenannte 'sequence tagged sites' (STS), die Markerklasse mit der gegenwärtig größten Praxisrelevanz dar. Mit den beschriebenen SSR-Markern konnten für sieben der 11 bislang kartierten *Lr*-Gene solche STS mit ausreichend enger Kopplung identifiziert werden. Ein weiterer STS-Marker auf Chromosom 6RL wurde für *Lr-a* aus den in öffentlichen Datenbanken verfügbaren Roggen-ESTs entwickelt. Die translatierten Sequenzen der ausgewählten ESTs zeigen Ähnlichkeit zu einer zytosolischen Aconitase aus *Nicotiana tabacum*.

Abstract:

Recently mapped *Secale cereale* microsatellite (SCM) markers provide an effective tool for the mapping of resistance genes in rye. Application of these SCM anchor markers enabled the chromosomal localization of novel leaf-rust resistance genes. Genes preliminarily designated *Lr-i*, *Lr-k* and *Lr-n*, respectively, mapped to chromosome 1R as has previously been reported for *Lr-c*, *Lr-g* and *Lr-h*. Further leaf-rust resistance genes were mapped on rye chromosomes 2R (*Lr-f*), 4R (*Lr-j*, *Lr-l*), and 7R (*Lr-b*). The re-

sistance gene *Lr-b* maps distally on the long arm of chromosome 7R. This chromosomal region is homoeologous to group 2S of the Triticeae. Our observation that rye chromosome 7RL bears a leaf-rust resistance gene linked to 2S markers is consistent with the syntenic relationships of this chromosomal region among the Triticeae, as a number of wheat cultivars carry the rust-resistance gene cluster *Lr37/Yr17/Sr38* on chromosome 2AS. This gene cluster had been introgressed via a 2S segment from *Triticum ventricosum* to wheat chromosome 2AS.

Linkage relationships of seven out of 11 mapped leaf-rust resistance genes to SCM markers are sufficiently tight for marker-assisted selection. In an attempt to substitute the isozyme marker *Aco1* by a PCR-based marker, a STS marker was developed based on a rye EST with sequence similarity to a cytosolic aconitase from *Nicotiana tabacum*.

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)

### 3. Biotechnologie Biotechnology

#### 3.1 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 rapeseed with high quality

Rudloff, E.; Sonntag, K.

Zielsetzung/Aim:

Die Arbeiten in diesem Projekt verfolgen das Ziel, für die Züchtung wertvolles Basismaterial bei Winterraps unter Nutzung der Haploidentechnik und durch Selektion im Freiland zu entwickeln. Ein Teilaspekt ist die Induzierung von Mutationen an Mikrosporen durch UV-Bestrahlung mit dem Ziel, erbliche Veränderungen in der bereits transgen veränderten Fettsäurebiosynthese zu induzieren, die eine Erhöhung im Gehalt an Myristinsäure (C14:0) bei gleichbleibendem oder gesenktem Anteil an Palmitinsäure (C16:0) bewirken. Die beabsichtigte Senkung des C16/C14-Quotienten von 1,3-1,5 auf <1,0 ist für bestimmte Verfahren der C14:0-Gewinnung von wirtschaftlicher Bedeutung.

The aim of this project is to develop germplasm of winter rapeseed for the breeding with high quality by use of haploid techniques and selection in the field. Mutagenic treatment of microspores by means of UV irradiation is performed to induce heritable changes in the fatty-acid biosynthesis of transgenic lines with the objective to increase the content of myristic acid (C14:0) but not palmitic acid (C16:0). The desired decrease of the C16/C14 ratio from 1.3-1.5 to  $< 1.0$  is of economical importance for the production of the oleochemical compound C14:0.

#### Ergebnisse:

Im Rahmen des Vorhabens wurde weiteres Material aus spontaner und kolchizininduzierter Diploidisierung untersucht. Die Ausgangsform für die mutagene Behandlung war eine Pflanze der DH-Linie TDH 15, die 1999 im Freiland 14,5 % Myristinsäure (C14:0) und 21,9 % Palmitinsäure (C16:0) aufwies. Aus den mutagen behandelten Mikrosporen dieser Pflanze wurden DH-Linien erzeugt, von denen im Frühjahr 2002 zehn Linien analysiert wurden. Die Nachkommenschaftsgröße schwankte zwischen 5 und 46 Korn, in einem Fall waren ca. 100 Korn vorhanden. Von allen Linien wurden zwischen 5 und 39 Halbkornanalysen durchgeführt. Zum Vergleich wurden von 6 Linien je fünf Einzelkornanalysen durchgeführt. Die Variabilität innerhalb der Linien war für DH-Linien relativ groß, wie die Variationskoeffizienten zeigen ( $s\% = 13,8$  bis  $29,2$ ). Anhand der Fettsäurezusammensetzung von Nachkommen aus der Halbkornselektion wird abzuleiten sein, ob und in welchem Ausmaß diese Variabilität genetisch bedingt ist.

Die Übereinstimmung zwischen Halb- und Einzelkornanalyse war gegeben ( $r = +0.90$ ). Der mittlere C14:0-Gehalt der Linien schwankte zwischen 14,5 % und 23,8 %, der höchste Einzelwert war 33,3 % C14:0. Der mittlere C16/C14-Quotient der Linien lag zwischen 1,04 und 1,47. Von den 153 analysierten Halbkörnern hatten 39 (= 25,5 %) einen C16/C14-Quotienten von  $< 1,0$ . Erwartungsgemäß resultierte die Variabilität in der Fettsäurezusammensetzung auch hier in relativ großen Variationskoeffizienten, die zwischen 14,0 % und 22,6 % schwankten. Es wurden 52 Halbkornindividuen, die durch einen hohen C14:0-Gehalt bzw. niedrigen C16/C14-Quotienten charakterisiert waren, weitergeführt und im Gewächshaus vermehrt. Erste Hinweise darauf, ob dieses Material genetische Veränderungen im Fettsäuremuster zeigt, die auf der mutagenen Behandlung beruhen und die damit die Voraussetzung für eine entsprechende Selektion schaffen, werden die noch ausstehenden Ergebnisse der Fettsäureanalyse geben.

#### Abstract:

In the recent years microspores of transgenic lines were UV-irradiated to induce mutations in the *de novo* fatty-acid synthesis, resulting in a changed ratio of palmitic (C16:0) to myristic (C14:0) acid. Seeds of ten doubled-haploid lines were analysed by half-seed technique and 52 individuals, selected for high C14:0 content and low C16/C14 ratio, and grown in the greenhouse for further investigation. The intra-line variability in both fatty-acid composition and C16/C14 ratio was higher than expected for doubled haploids. The mean C14:0 content of the lines varied between 14.5 % and 23.8 % with individual values between. Of the 153 half-seeds analysed 39 (25.5 %) displayed a C16/C14 ratio lower than 1.0.

In Zusammenarbeit mit : BAZ-Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität, Groß Lüsewitz, Jürgens, H.-U.

(BAZ-3127)

### 3.2 Somatische Hybridisierung ausgewählter Brassicaceae zur Bereitstellung von wertvollem Basismaterial mit verbesserten Eigenschaften

#### Somatic hybridisation of selected Brassicaceae for the development of new basic material with improved traits

Sonntag, K.; Rudloff, E.; Groeneveld, I.; Gramenz, J.; Wang, Y.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Aufgabe besteht in der Bereitstellung von wertvollem Basismaterial mit verbesserten Eigenschaften für die Erzeugung industriell verwertbarer Öle. Insbesondere geht es unter dem Aspekt „Brassicaceen als Nachwachsende Rohstoffe“ um die Entwicklung von ölertragreichen Raps-Genotypen mit erhöhtem Erucasäuregehalt. Die Merkmalskombination erfolgt durch die somatische Zellhybridisierung von *Brassica napus* mit Protoplasten verschiedener Brassicaceae.

The project is aimed at the development of germplasm of *Brassica* with improved traits for the production of industrial oils as renewable resources. The main objective is the creation of plant material with increased erucic acid. The combination of the traits will be done by somatic cell hybridisation of *Brassica napus* with protoplasts from various Brassicaceae.

Ergebnisse:

Zur Selektion erucasäurereicher Formen aus den vorhandenen Hybriden von *B. napus* mit *Sinapis alba*, *B. juncea*, *Raphanus sativus* und *Crambe abyssinica* wurde weiteres Pflanzenmaterial sowohl über Selbstungen als auch über Rückkreuzungen mit ausgewählten erucasäurereichen Sorten und Linien erzeugt. Die Samenernte ist gegenwärtig noch nicht abgeschlossen. Von einigen Kombinationen liegen Nachkommen bereits in der 5. Generation vor. Aufschluss über den Fettsäuregehalt dieser Nachkommen wird durch die gaschromatografischen Untersuchungen an 10-Korn-Mischproben oder Halbkörnern erreicht werden.

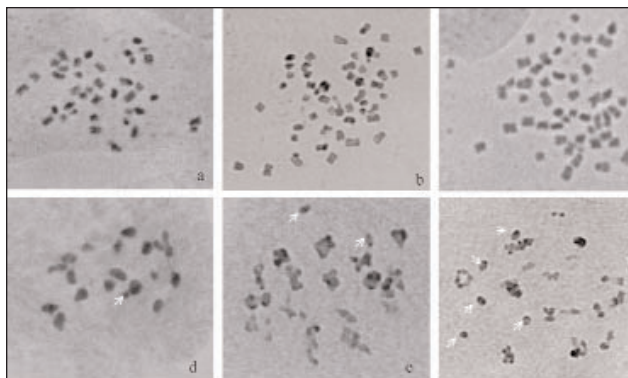


Abb. 1: Beispiele des Chromosomenverhaltens in der mitotischen Metaphase (a bis c) und in der Meiose (d bis f) an F2-(a, b, d, e) und BC1-Pflanzen (c, f) aus der asymmetrischen Kombination von *B. napus* und *C. abyssinica*, a, d:  $2n = 39$ , b, e:  $2n = 48$ , c, f:  $2n = 50$  (Pfeile zeigen Univalente)

Fig. 1: Examples of the different chromosome numbers observed in mitotic metaphases (a to c) and meiosis (d to f) of *B. napus* and *C. abyssinica* F2 (a, b, d, e) and BC1 plants (c, b); a, d:  $2n = 39$ ; b, e:  $2n = 48$ ; c, f:  $2n = 50$  (arrows indicate univalents)

Während die Arbeiten zu den Kombinationen von *B. napus* mit *Sinapis alba*, *Raphanus sativus* und *B. juncea* auf Grund des Laufzeitendes des Projekts zunächst abgeschlossen wurden, konnten die aus der asymmetrischen Hybridisierung von *B. napus* und *Crambe abyssinica* hervorgegangenen, erucasäurereichen Nachkommen im Rahmen eines Drittmittelprojektes weiter analysiert werden. Die Untersuchungen ergaben, dass die meisten F2- und durch Rückkreuzung mit *B. napus* erzeugten BC1-Pflanzen fertil waren und ein morphologisch normales Aussehen zeigten. Im Vergleich zu den Fusionshybriden (F1-Pflanzen) waren bei ihnen Pollenfertilität und Samenansatz höher. Weitere Analysen werden Aufschluss über die durch die UV-Bestrahlung erzielten Effekte im Hinblick auf intergenomische Rekombination und auf den Erucasäuregehalt geben.

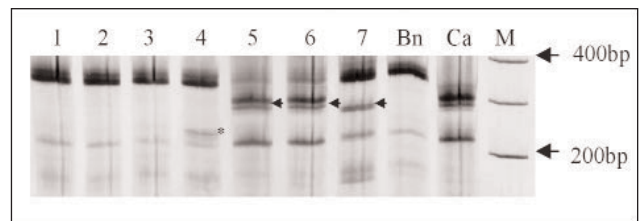


Abb. 2: CAPS-Analyse mit *MseI* von *fae1*-spezifischen Amplikons in *B. napus*, *C. abyssinica* und ihren Hybriden, 1-4: F2-Pflanzen mit *fae1*-Restriktionsfragment von *B. napus*, 5: F2-Pflanze und 6: BC1-Pflanze mit *fae1*- Restriktionsfragment von *C. abyssinica*, 7: F2-Pflanze mit *fae1*-Fragmenten von *B. napus* und von *C. abyssinica* Bn: *B. napus*, Ca: *C. abyssinica*, M: Marker (Pfeile: spezifische Bande von *C. abyssinica*, Sternchen: neue Bande)

Fig. 2: CAPS analysis with *MseI* of *fae1*-specific amplicons in *B. napus*, *C. abyssinica* and their fusion hybrids. Lanes 1-4, F2 plants with *fae1* restriction fragments of *B. napus*; lane 5, F2 plant and lane 6: BC1 plant with *fae1* fragment of *C. abyssinica*, lane 7: F2 plant with *fae1* fragments of both *B. napus* and of *C. abyssinica*, Bn: *B. napus*, Ca: *C. abyssinica*, M: MW marker (arrow indicates *C. abyssinica* specific bands, asterix indicates novel band)

Durch cytologische Analyse konnten zwei Gruppen von Nachkommen asymmetrischer Hybriden ermittelt werden, nämlich eine euploide Gruppe mit 38 Chromosomen und eine aneuploide Gruppe, deren Chromosomenzahl von 39 bis 68 reichte (Abb.1). Einige Pflanzen mit 38 Chromosomen hatten einen höheren Gehalt an Erucasäure (55,0 % im Vergleich zum *B.-napus*-Elter mit 50,3 %) und wären damit aussichtsreiche Nachkommen für die weitere züchterische Nutzung.

Für die Erhöhung des Erucasäuregehaltes in Raps spielt die Aktivität verschiedener Gene im Biosyntheseprozess eine entscheidende Rolle. Ein für die Kettenverlängerung verantwortliches Gen (*fae1*) diente als Marker für den Nachweis von Veränderungen in F2- und BC1-Pflanzen im Vergleich zu den Elternpflanzen. Erste CAPS-Analysen (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence) haben gezeigt, dass in der F2-Generation ausgewählter somatischer Hybriden die *fae1*-Restriktionsfragmente beider Fusionseltern (*B. napus* und *C. abyssinica*) nachweisbar sind (Abb. 2).

Abstract:

Offspring of different hybrids of *Brassica napus* with *B. juncea*, *Sinapis alba*, *Raphanus sativus* and *Crambe abyssinica* was produced to select lines displaying high levels of erucic acid (C22:1).

Chromosome behaviour, *fae1* CAPS marker, fertility and seed set were assessed in the F2 and BC1 generation of asymmetric hybrids between *B. napus* and *C. abyssinica*. Some of the plants were euploid having 38 chromosomes while others carried more than 38 chromosomes. CAPS analysis of an amplicon obtained with primers derived from the *fae1* gene demonstrated that parts of the *C. abyssinica* genome were present in the offspring of the hybrids.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Hackauf, B.; Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität, Groß Lüsewitz, Jürgens, H.-U.; Institut für Pflanzenanalytik, Schütze, W.

(BAZ-3132, gefördert durch FNR-22011596)

### 3.3 Rapstransformation mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuartiger Öle und zur Herstellung markergenerfreier Pflanzen

#### Transformation of rapeseed with selected constructs for the development of plants with new oils and without marker genes

Sonntag, K.

Zielstellung/ Aim:

Ziel des Projektes ist es, auf der Basis eines Agrobakterien-vermittelten Transformationssystems Rapspflanzen mit einem erhöhten Ölsäure- bzw. Erucasäuregehalt zu entwickeln. Die Bearbeitung der Aufgabe erfolgt im Rahmen eines von der FNR geförderten Verbundprojekts in Zusammenarbeit mit universitären Einrichtungen und Zuchtfirmen.

Die Eliminierung von Markergenen, die bei der Pflanzen-transformation benötigt werden, ist eine im Hinblick auf Gentechniksicherheit und Verbraucherschutz gestellte Forderung. Im bearbeiteten Projekt soll durch die Kopplung eines induzierbaren negativen Selektionsmarkers mit dem zur Transformation benutzten Markergen ein effizientes Verfahren zur Selektion markergenerfreier Pflanzen entwickelt werden. Das Projekt ist Teil des Verbundvorhabens „Eliminierung von Transformationsmarkern durch Kopplung mit einem *N*-Acetyl-phosphinothricin-Deacetylasegen als induzierbarem negativem Selektionsmarker“, das im Rahmen des BMBF-Förderschwerpunkts „Sicherheitsforschung und Monitoring“ durchgeführt wird.

The project is aimed at the enhancement of the oleic-acid and the erucic-acid contents, respectively, in rapeseed. Several constructs with genes involved in fatty-acid biosynthesis will be introduced into *Brassica napus* via *Agrobacterium tumefaciens* mediated gene transfer. Another aim is to develop a method for the selection of marker-free transgenic plants through cotransformation. These research activities are part of the joint project on the „Elimination of transformation markers with coupling of the *N*-acetylphosphinothricin-deacetylase gene as a negative selection marker“, funded in the „Biotechnology 2000“ programme of the Federal Ministry of Education and Research.

Ergebnisse:

Für die Entwicklung von Hoch-Ölsäure-Raps standen von der Universität Hamburg Hairpin-Antisense-Konstrukte zur Hemmung der mikrosomalen und plastidären Oleatdesaturase zur Verfügung, die in *B. napus* übertragen wurden. Verknüpft mit diesen Untersuchungen waren Promotorstudien und der Vergleich der Agrobakterienstämme ATHV C58C1 und GV3101 pMP90RK hinsichtlich ihrer Transformationseffizienz. Die Promotor/Terminator-Kassetten enthielten die Promotoren DC3, USP, LeB4 bzw. Napin. Für die Transformation zur Erzeugung erucasäure-reicher Pflanzen wurden von der Rheinisch-Westfälischen Technischen Hochschule Aachen ein Citratlyase-Einfachkonstrukt und ein Dreifach-Konstrukt mit dem binären Vektor der pPZP100-Serie mit chimären Genen für ACL, KCS und LPAAT bereitgestellt.

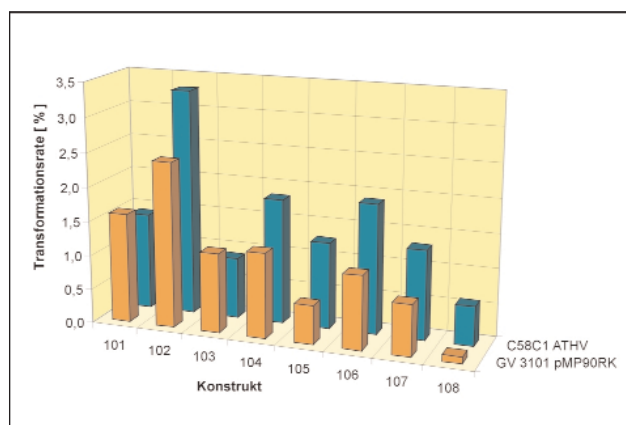


Abb. 1: Anteil transgener Pflanzen nach Inkubation von Hypokotylexplantaten mit den Agrobakterienstämmen ATHV C58C1 und GV3101pMP90RK, die Hairpin-Antisense-Konstrukte enthielten

Fig. 1: Transformation frequency after incubation with different *A. tumefaciens* strains and with hairpin-antisense constructs



Während die in den Konstrukten verwendeten, verschiedenen Promotoren keinen erkennbaren Einfluss auf die Transformationsrate hatten, wurden mit dem Agrobakterienstamm ATHV C58C1 in den meisten Fällen bessere Ergebnisse als mit GV3101 pMP90RK erzielt (Abb. 1).

Aus den Transformationsexperimenten mit 'Drakkar', 'Lisora' und 'RS306' regenerierten über 400 transgene In-vitro-Pflanzen, die an die beteiligten Zuchtfirmen zur weiteren Bearbeitung übergeben wurden. Inzwischen konnten von diesen Pflanzen teilweise bereits die Samen analysiert werden. Die endgültigen Ergebnisse aus den Gewächshausversuchen zur Modifikation des Öl- und Erucasäuregehaltes werden im Frühjahr 2003 erwartet.

Für die Untersuchungen zur Eliminierung von Markergenen wurden bisher zwei verschiedene Strategien verfolgt: Übertragung von Ziel- und Markergenen auf zwei binäre Vektoren, die (i) in einem Agrobakterienstamm vorliegen oder (ii) getrennt in zwei Agrobakterienstämme übertragen wurden. Im Berichtsjahr wurden 448 transformierte Pflanzen an die Universität Rostock für Markergen- sowie Segregationsanalysen übergeben. Für beide Systeme konnten ausreichend hohe Kotransformationsraten (50-70%) nach Übertragung auf den Sommerraps 'Drakkar' erzielt werden, so dass eine wichtige Voraussetzung für die praktische Nutzung gegeben ist. Durch die Kopplung des Markergens mit einem Deacetylasegen, dessen Expression in Gegenwart von *N*-Acetyl-Phosphinothricin zum Zelltod führt, kann gegen alle markergentragenden Pflanzen selektiert werden.

Weitere Konstrukte für die Bereitstellung transgener Rapspflanzen werden zur Zeit von der Rheinisch-Westfälischen Technischen Hochschule Aachen und von der Universität Rostock erstellt. Dabei handelt es sich zum einen um Mehrfachkonstrukte zur Erhöhung des Erucasäuregehaltes und zum anderen um ein Konstrukt zur Markergeneeliminierung.

Abstract:

Transformation in rapeseed was focussed mainly on the hairpin-antisense constructs to decrease the microsomal and plastid oleate desaturase to obtain transgenic plants with higher contents in oleic acid. In addition, chimeric genes for ACL, KCS and LPAAT were transferred to increase the erucic-acid content. For transformation plasmids carrying kanamycin resistance as selective marker as well as different promoters (napin, DC3, Usp, LeB4) were used. For the production of transgenic *Brassica napus* plants the *Agrobacterium* strain ATHV C58C1 appeared

more efficient as compared to GV3101 pMP90RK. More than 400 transgenic plants were obtained for further analysis.

In the experiments directed to the development of marker-free transgenic plants two different approaches were addressed, i.e., transfer of trait gene and selection marker gene *via* the same *Agrobacterium* strain or *via* separate strains.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Rebenzüchtung, Töpfer, R.; Hausmann, L.; Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH, Stelling, S. Oertel, C.; Richter, K.; Norddeutsche Pflanzenzucht H.-G. Lembke KG Hohenlieth und Malchow, Paulmann, W.; Leckband, G.; Zurborg, A.; Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule 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)

#### **3.4 Erzeugung von Kartoffelgenotypen mit kombinierter Virus- und *Phytophthora*-Resistenz unter Einsatz biotechnologischer Verfahren** **Production of potato genotypes with combined resistances to virus and *Phytophthora* by use of biotechnological methods**

Thieme, R.

Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe der somatischen Hybridisierung sollen Resistenzgene aus Wildkartoffelformen in das Genom der Kulturkartoffel übertragen und damit wertvolle Krankheitsresistenzen mit agronomischen Eigenschaften kombiniert werden. Das langfristige Ziel besteht darin, Genotypen mit Virus-, Aphiden- und *Phytophthora*-Resistenz unter Nutzung biotechnologischer und konventioneller Methoden zu erzeugen und die Resistenzmechanismen zu untersuchen.

The goal of this project is to create potato genotypes with combined resistances to virus, aphids and *Phytophthora* by using conventional and biotechnological methods as well as to study the resistance mechanisms.

Ergebnisse:

Ein Züchtungsschema, welches somatische Hybridisierung, Embryokultur und konventionelle Kreuzung beinhaltet, wurde eingesetzt, um interspezifische Barrieren zwischen der Kulturkartoffel *Solanum tuberosum* (*tbr*) und Wildkartoffelarten zu überwinden (Abb.1).

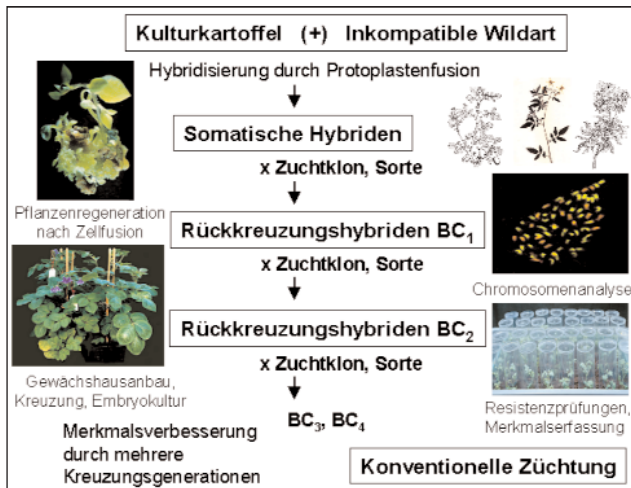


Abb. 1: Züchtungsschema zur Erschließung genetischer Resistenzressourcen der Kartoffel mit biotechnologischen Methoden

Fig. 1: Breeding scheme for the utilisation of genetic resources in respect to disease and pest resistances in potato

Protoplasten von sechs *Solanum*-Wildarten wurden mit Zuchtklonen oder Kartoffelsorten fusioniert. Zur Charakterisierung der Eltern wurden 16 SSR-Marker geprüft. Unter Einsatz von drei SSR-Markern wurden 75 interspezifische somatische Hybriden über Mikrosatelliten-Analyse identifiziert. Durch mechanische Virusinokulation, Pfropfung und Einsatz von Aphiden als Virusvektoren konnte nachgewiesen werden, dass Resistenz gegen PVY aus der Wildart *S. etuberosum* (*etb*) sowie *S. tarnii* in somatische Hybriden und einige ihrer BC<sub>1</sub>- und BC<sub>2</sub>-Nachkommen übertragen wurde. Gegenwärtig erfolgt die Prüfung des Materials auf PLRV-Resistenz. Aus dem diesjährigen Programm der Resistenztestung zeigten 15 somatische Hybriden der Kombination 'Delikat' (+) *S. tarnii* neben PVY-auch erhöhte Krautfäule-Resistenz gegen *Phytophthora infestans*.

Das Nahrungsaufnahmeverhalten von Blattläusen bei Pflanzen von *S. etuberosum* und Kulturformen durch EPG (Electronic Penetration Graph) war in den meisten Parametern deutlich unterschiedlich. Die Wildart erwies sich als ungeeigneter Wirt für die verwendeten Blattlausarten. Über gaschromatografische Massenspektrometrie wurden in Blattproben von *S. etuberosum*, dem Zuchtstamm und einigen somatischen Hybriden Glykoalkaloidgehalt und -zusammensetzung bestimmt. In Pflanzen der Wildform und des Zuchtstammes wurden ausschließlich Tomatidin bzw. Solanidin nachgewiesen. Bei den somatischen Hybriden war der Glykoalkaloidgehalt in der Gesamtmenge auf ein Viertel der Wildform verringert. Während hexaploide

Hybriden mit vier E-Genomen aus der Wildform einen erhöhten relativen Anteil von Tomatidin (95 %) aufwiesen, wurde in Hybriden mit vier A-Genomen (*tbr*) zu je einem Drittel Solanidin, Tomatidin und Demissidin ermittelt. Demissidin wurde in den Eltern nicht gefunden. Ob diese Ergebnisse im Zusammenhang mit der erhöhten Blattlaus-Resistenz stehen, soll u.a. ein Vergleich mit den EPG-Analysen an Hybriden Aufschluss geben.

Um Introgression von Teilen des *etb*-Genoms im *tbr*-Genom anzusprechen, wurde bei *S. tuberosum* (+) *S. etuberosum*-Hybriden, den Eltern sowie Rückkreuzungsnachkommen mit dem Einsatz molekularer Marker begonnen. In einem Screening von 12 chromosomenspezifischen SSR- und 23 SCAR-Markern konnten sieben identifiziert werden, die zwischen der Kulturkartoffel und *S. etuberosum* differenzieren.

Nach künstlicher Virusinokulation und Pfropfung bei 120 Selbstungsnachkommen der Wildart *S. etuberosum* wurde keine Virusinfektion gefunden, welches auf eine homozygote Vererbung der PVY-Resistenz hinweist.

Abstract:

A breeding scheme which combines biotechnological and conventional methods is used to overcome the incompatibility between cultivated potato *Solanum tuberosum* and wild potato species in order to transfer important resistance traits. Protoplasts of six wild *Solanum* species and cultivars were fused. By microsatellite analysis 75 interspecific somatic hybrids were identified. In order to assess the resistance to *Phytophthora* and to virus, tests have been carried out continuously by using the single-leaf test, mechanical virus inoculation, grafting and use of aphids as virus vector, respectively. Fifteen cv. 'Delikat' (+) *S. tarnii* hybrids displayed resistance to late blight on leaves as well as to PVY. Glycoalkaloid aglycones in leaf samples of *S. etuberosum*, one breeding clone and a number of somatic hybrids were analysed by gas chromatography-mass spectrometry. In somatic hybrids the total concentration of glycoalkaloids were four times lower compared to *S. etuberosum*. The mean relative amounts of tomatidine, solanidine and demissidine were dependent on genome composition of the hybrids. In order to verify the occurrence of introgression of *etb* in the *tbr* genome, potato-chromosome specific SSR and SCAR markers were tested on somatic hybrids, parents and progeny plants. Markers were identified which displayed differences in banding patterns between the breeding clone and the wild species. No virus infection was found in selfed progeny of *S. etuberosum* which indicates a homozygous inheritance of PVY resistance.

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.; 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.

(BAZ-3128)

# 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.

Die Aufgaben des Institutes sind dabei vorrangig auf die Entwicklung von Züchtungsmethoden ausgerichtet, die es gestatten, die Toleranz gegenüber abiotischem Stress, die Nährstoffeffizienz und die biologische Rohstoffqualität landwirtschaftlich genutzter Pflanzen zu erfassen und zu verbessern. Im Zusammenhang mit der Evaluierung genetischer Ressourcen (Getreide, Kartoffeln, Leguminosen, Ölsaaten) und der Entwicklung von Basismaterial sowohl für den konventionellen als auch für den ökologischen Landbau werden wesentliche Beiträge nicht nur zum gesundheitlichen Verbraucherschutz, sondern vor allem für eine nachhaltige, umweltorientierte Landwirtschaft geleistet.

Pflanzen sind während ihres Lebenszyklusses einer Reihe von umweltbedingten Stressfaktoren ausgesetzt, die die landwirtschaftliche Produktivität entscheidend beeinflussen. Jedes Jahr werden weltweit große Anstrengungen unternommen, um die Toleranz gegenüber Trockenheit, Kälte, Hitze und anderen abiotischen Stressfaktoren, die nicht nur einen Einfluss auf Ertrag und Ertragsstabilität, sondern auch auf Qualitätsparameter landwirtschaftlicher Rohstoffe haben, zu verbessern (Abb.1). Dabei umfasst die Qualität die Zusammensetzung, Eigenschaften und Struktur von biologischen Materialien unter dem Aspekt der industriellen Verwertung und der Nahrungs- und Futterproduktion. Bedeutende Kriterien für Forschungsarbeiten auf diesem Gebiet sind die Erhöhung des Gehaltes funktioneller Inhaltsstoffe und die effektivere Gewinnung reiner Inhaltsstoffe.



Abb. 1: Versuche zur Trockentoleranz von Kartoffeln (vorn) und Ackerbohnen (hinten) im Rain-out-Shelter

Fig. 1: Trials into drought tolerance of potatoes (front) and faba beans (background) in a rain-out-shelter

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 und post-harvest Auswuchsschäden bei Getreide über die Aktivität der Amylasen und der proteinogenen Enzyminhibitoren sowie den enzymatischen Abbau der Kornpolymeren unter Berücksichtigung des Pilzbefalls und der Mykotoxinbildung in den Ähren;

- 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.

Die Evaluierung genetischer Ressourcen ist eine wichtige Voraussetzung für die Etablierung von Pre-breeding Programmen zur Verbesserung der Stresstoleranz. Zu diesem Zweck wurden in den letzten Jahren eine Reihe indirekter Selektionskriterien, wie die Akkumulation von Prolin und löslichen Zuckern, die Änderung der verschiedenen Stickstofffraktionen, der epidermalen Leitfähigkeit und der osmotischen Adaption entwickelt und getestet. Diese kommen jetzt bei der Evaluierung von Genbankmaterial (besonders bezüglich Trockenstress bei Kartoffeln und Ackerbohnen) sowie von Zuchtmaterial zum Einsatz. So wurden bei der Kartoffel in den meisten der in vitro auf Trockentoleranz selektierten Linien signifikante Steigerungen in der Akkumulation von Prolin und löslichen Zuckern gefunden. Diese Ergebnisse konnten anlässlich der Exkursion der Internationalen EAPR-Tagung am Standort eindrucksvoll demonstriert werden. Bei Wintergerste wurden aus einem Verbundprojekt mit der Universität Hamburg Linien mit verbesserter Frostresistenz aus der In-vitro-Selektion an die Züchter abgegeben.

Abiotische Stressfaktoren haben nicht nur einen Einfluss auf Ertrag und Ertragsstabilität, sondern auch auf Qualitätsparameter landwirtschaftlicher Rohstoffe.

Beim Getreide sind die Zusammensetzung und die Verkleisterungseigenschaften im hohen Maße von der Temperatur in der Phase der Kornfüllung abhängig. So erhöht sich bei niedrigen Temperaturen der Amylosegehalt deutlich, während bei amylopektinreichen (waxy-) Formen die Stärkeverkleisterung bei niedrigeren Temperaturen beginnt, ein Vorteil für viele Verarbeitungsprozesse.

Klimaänderungen gehen einher mit der Zunahme von klimarelevanten Gasen in der Atmosphäre. Dabei ist insbesondere ein Anstieg der CO<sub>2</sub>-Konzentration zu verzeichnen. Wie die mitteleuropäischen landwirtschaftlichen Kulturpflanzen darauf reagieren, wird im „Braunschweiger Kohlenstoff-Projekt“ untersucht. Dem Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität Groß Lüsewitz obliegt seit 2000 innerhalb dieses Projektes die Analyse der Qualitätsveränderungen in Getreide (Gerste und Weizen).

Die Zusammenhänge zwischen Keimruhe, Enzymstatus und Stärkeabbau bilden die Grundlage für methodische Forschungsarbeiten und die Entwicklung von Basismaterial. Hochselektive Substrate erlauben die Bestimmung der Aktivitäten von  $\alpha$ -Amylasen,  $\beta$ -Amylasen und Limit Dextrinasen und gestatten somit die Selektion spezifischer Aktivitätskombinationen in verschiedenen Getreidearten. Neben auswuchsresistenten sind Formen mit hohen Enzymaktivitäten zur Vollreife, verwendbar als „Malzsubstitut“ z. B. für die Ethanolproduktion, selektiert worden. Darüber hinaus kann der Futterwert von Getreide durch die Herstellung von Keimlingen mit hoher Produktqualität deutlich gesteigert werden. In einem durch das Bundesprogramm Ökologischer Landbau geförderten Projekt „Gekeimte Samen als Futtermittel - Analytik“ werden Getreide aus dem ökologischen Anbau auf Rohstoffqualität untersucht und Kriterien für eine optimale Keimung erarbeitet, um Keimlinge, geeignet für die Fütterung von Hühnern, zur Verfügung stellen zu können.

Um einem wachsenden Anteil der ökologisch ausgerichteten Landwirtschaft gerecht zu werden, wurde in Groß Lüsewitz ein ökologisches Versuchsfeld angelegt (Abb. 2). Damit kann ein System zum komplexen Vergleich der Qualität und des Ertrages von landwirtschaftlichen Produkten aus dem ökologischen und konventionellen Anbau unter identischen Umweltbedingungen etabliert werden, was die Voraussetzung für die Evaluierung des genetischen Potentials und die züchterische Verbesserung der Produktqualität „Pflanze“ für den Nahrungs-, Futtermittel- und Industriebereich ist. Bei der Kartoffel limitiert die nur auf Stärke orientierte Produktion die Erlöse. Neben der Erhöhung des Anteils an koagulierbaren Protein, kann die Gewinnung von Sekundärstoffwechselprodukten, wie z. B. von Farbstoffen, die Wertschöpfung deutlich verbessern. Die Gewinnung von Anthocyanen aus Kartoffeln liefert dafür gute Ansatzpunkte (Abb. 3).



Abb. 2: Anlage eines ökologischen Versuchsfeldes in Groß Lüsewitz

Fig. 2: Establishment of an ecological test field in Groß Lüsewitz

Die Verbesserung des Futterwertes heimischer Pflanzen ist eine wichtige Aufgabe.

Fußend auf den langjährigen Evaluierungen der genetischen Ressourcen des Rapses, wird die Erstellung von Basismaterial mit hohem Proteingehalt, guter Amino- und Fettsäurezusammensetzung und niedrigem Glucosinolatgehalt in Zusammenarbeit mit dem Institut für landwirtschaftliche Kulturen angestrebt. Für die Ökonomie ist eine gute Verwertbarkeit der Öle im Food- und Non-food-Bereich wichtig.

Die Resistenz des pflanzlichen Gewebes gegenüber pathogenen Mikroorganismen ist ebenfalls ein wichtiger Qualitätsfaktor. Daher wird an der Entwicklung von neuen Lösungswegen zur

Verbesserung der Resistenz gearbeitet. Durch die Expression eines Pektatlyase (PL) Gens konnte so z. B. die Anfälligkeit des Kartoffelknollengewebes gegenüber der *Erwinia* Nassfäule deutlich reduziert werden, denn das endogene PL-Enzym bewirkte mit der Bildung von ungesättigten Oligogalacturoniden (= Elicitoren) die Aktivierung eines ganzen Komplexes von pflanzlichen Abwehrmechanismen in den transgenen Kartoffeln.

Die PL-Kartoffeln sind ein ausgezeichnetes Modell für weiterführende Proteom-Analysen, die sich zukünftig vor allem auf die Veränderungen der Proteinmuster im Stadium einer induzierten Resistenz konzentrieren werden.

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. Tasks of the institute are mainly aligned on the development of breeding methods for determining and improving tolerance to abiotic stress factors, nutrient efficiency and quality of biological raw materials of agricultural crops.

In connection with the evaluation of genetic resources (cereals, potatoes, legumes, oil seeds) and the development of basic material for conventional as well as ecological farming fundamental contributions for health consumer protection and for sustainable agriculture are made.

Plants are subjected to a range of environmental stress factors during their life cycles, having an enormous impact on agricultural productivity. Each year, major efforts are undertaken world-wide to improve tolerance to drought, cold, heat and other abiotic stress factors, influencing not only yield and yield stability but also quality parameters of biological raw materials (Fig. 1). The latter includes the composition, properties, and structure of biological raw materials with regard to industrial processing and food and feed production. Important criteria for research are the increase in the content of functional components and the more effective isolation of pure compounds.

Main task 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 and post-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.



Abb. 3: Vielfalt farbiger Kartoffeln  
Fig. 3: Variability of potatoes with coloured flesh

Evaluation of genetic resources is one important prerequisite for the establishment of pre-breeding programmes. For this purpose a range of indirect selection criteria - as accumulation of proline and soluble sugars, changes in the different nitrogen fractions, epidermal conductivity and osmotic adaptation - have been developed and tested during the last years, which are now used with gene bank material (especially regarding drought stress in potatoes and faba beans) as well as material from breeders.

Thus, in potato a significantly increased accumulation of proline and soluble sugars could be observed in most of the lines selected in vitro for improved drought tolerance. The results could be presented impressively on the occasion of an excursion of the International EAPR meeting to Groß Lüsewitz. In winter barley, lines with improved frost resistance resulting from a joint project with the Hamburg university were supplied to the breeders.

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.

Changes of climate are accompanied by an increase of climate-relevant gases in the atmosphere, especially an increase of CO<sub>2</sub>-concentration. The reaction of Central European cultivated plants are studied in the „Braunschweiger Kohlenstoff-Projekt“. Within this project the Institute for Stress-physiology and Quality of Raw Materials has to analyze changes of cereal quality.

The correlations between grain dormancy, enzyme status and the starch degradation are the basis for methodical research and development of basic material. Selective substrates allow the determination of the activities of  $\alpha$ -amylase,  $\beta$ -amylase and limit-dextrinase and facilitate the selection of specific combinations of activities in different cereals.

Cereal forms with high sprouting resistance as well as forms with high enzyme activities during full ripeness, usable as malt substitut in the production of ethanol, have been selected. Additionally the feed value of cereal can be increased by the production of sprouts with high quality.

In a project „Germinated seeds as feed - analytics“ supported by the Federal Programme Ecological Farming „ecological“ cereals are investigated. Criteria for an optimum germination supplying sprouts for chicken feed are elaborated. Since in the next years the ecological agriculture will increase, an ecological test field was laid out in Groß Lüsewitz (Fig. 2). So it is possible to compare the quality and the yield of agricultural products growing ecologically or conventionally under the same environmental conditions. This is the prerequisite for the evaluation of the genetic potential and for the crop improvement of the plant quality. The industrial use of potatoes is limited by the production of starch and therefore not profitable enough. Besides to the content of coagulated protein the production of other secondary metabolic products such as potato pigments can improve the added value, for example the isolation of anthocyanins from potatoes (Fig. 3).

The improvement of the feed value of native plants is a further important task. In cooperation with the Institute of Agricultural Crops genetic resources of rape were evaluated for a long time to create basic material with high protein content, low glucosinolate content and favourable composition of amino acids and fatty acids. The usability of oil in food and non food area is a deciding economic factor. The resistance of plant tissue against phytopathogenic microorganisms is an important quality factor as well. Therefore new solutions to improve the resistance of plant material are developed. Thus, the susceptibility of potato tuber tissue could be significantly reduced by an expression of a pectate lyase (PL). This was based on the fact that the endogenous PL-enzym activated the whole complex of plant defence mechanisms through the liberation of unsaturated oligogalacturonates (= elicitors) in the transgenic potatoes.

These PL-potatoes are an excellent model for proteom analyses, which will be confined in future on the change of the protein pattern are 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 Blattscheibentests hinsichtlich ihrer Prolinakkumulation unter osmotischem Stress evaluiert. Aus Herkünften mit hoher/niedriger Prolinakkumulation sollen Inzuchtlinien erstellt werden, die wiederum die Extrema der Prolinakkumulation aus diesen Herkünften repräsentieren. Die 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 osmotic stress by means 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 lines will be tested regarding differences in stress tolerance (drought, low temperature) 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.

In der I1- und I2-Generation zeigten sich bereits signifikante Unterschiede der Selbstungsnachkommenschaften sowohl innerhalb als auch zwischen den Herkünften. In der Herkunft mit der ursprünglich höheren Prolinakkumulation wiesen Nachkommenschaften in der I2 Werte im Bereich von 250...850  $\mu\text{mol}$  Prolin/g TM auf. In der Herkunft mit der ursprünglich niedrigeren Prolinakkumulation wurde eine Spannweite von 250...600  $\mu\text{mol}$  Prolin/g TM gefunden.

Die gleichzeitig untersuchte Akkumulation löslicher Zucker war mit der Prolinakkumulation, wie schon früher beobachtet, tendenziell negativ korreliert ( $r = -0,606$ ).



Abb. 1: Anbau von Ackerbohnen im Feld (Kontrolle) und im Rain-out-Shelter zur Simulation von Trockenstress ab Blühbeginn (Hintergrund)

Fig. 1: Cultivation of faba beans in the field (control) and in a rain-out-shelter for simulation of drought stress beginning with flowering (background)

In einem ersten Freilandversuch wurde die I1 im Rain-out-Shelter unter simuliertem Trockenstress ab Blühbeginn und parallel dazu im Feld angebaut. Innerhalb der Herkünfte erzielten dabei Selbstungsnachkommenschaften mit der höheren Prolinakkumulation im Vergleich zu denen mit der niedrigen Prolinakkumulation einen höheren Ertrag unter Stress und damit auch eine erhöhte Ertragsstabilität.

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 progenies with the highest/lowest proline accumulation single plants were selfed again.

In the I1 and I2 generation there were already significant differences of selfing progenies within and between the accessions. In the accession with originally high proline accumulation in the I2 generation extrema were about 250 and 850  $\mu\text{mol}$  proline/g dry matter. In the accession with originally low proline accumulation a range of 250 ... 600  $\mu\text{mol}$  proline/g dry matter was found. Accumulation of soluble sugars was slightly negatively correlated with proline accumulation ( $r = -0.606$ ), as already observed earlier.

In an outdoor trial I1 progenies were tested in a rain-out-shelter (drought stress beginning with flowering) and in the field (control) regarding yield stability under drought stress. Within the accession selfing progenies with higher proline accumulation showed a higher yield under stress and also an improved yield stability compared with those expressing a lower proline accumulation.

(BAZ-3344)

## 1.2 Frostresistenz und Winterhärte *in vitro* selektierter Wintergerstenlinien

### Frost resistance and winter hardiness of winter barley lines selected *in vitro*

Balko, C.

#### Zielsetzung/Aim:

*In vitro* selektierte, hydroxyprolinresistente Linien der Wintergerstensorte 'Igri' mit erhöhter Frostresistenz im Leitfähigkeitstest sollten hinsichtlich der tatsächlichen Verbesserung der Winterhärte getestet werden. Dazu waren 2jährige Feldversuche an mehreren europäischen Standorten sowie Gefäßversuche unter kontrollierten Frostbedingungen vorgesehen. Durch Kreuzungen von selektierten Linien, die in ihrer Frostresistenz divergieren, sowie einer toleranten Linie mit Sorten des Koch'schen Indikatorsortiments sollte die Erbllichkeit der selektierten Merkmalsausprägung bestätigt werden.

*In vitro* selected, hydroxyproline-resistant winter barley lines of 'Igri', which show increased frost resistance in a conductivity test should be assessed regarding their actual improvement of winterhardiness. Field tests over 2 years on different European locations as well as pot trials under controlled frost conditions were planned. By crosses between selected lines differing in their frost resistance as well as a tolerant line with cultivars of Koch's test assortment heritability of selected traits should be confirmed.

#### Ergebnisse:

Die verbesserte Frostresistenz hydroxyprolin-selektierter Linien konnte im Projektzeitraum vor allem in **Gefäßversuchen** bestätigt werden. Die durchgeführten Gefäßversuche unter kontrollierten Bedingungen zeigten besser als die Feldversuche einen Überlebensvorteil der selektierten Linien 73c/86 und 142 gegenüber 'Igri', während die 73c/83 sich als eher sensitiv bestätigte.



Abb. 1: Untersuchungen zur Frosttoleranz und Winterhärte *in vitro* selektierter Wintergerstenlinien

Fig. 1: Investigations into frost tolerance and winter hardiness of *in vitro* selected winter barley lines

Beim Frosttest mittels Provokationsmethode wirkten sich - analog zum Feldversuch - die milden Winter negativ auf die Differenzierung der Sorten und Linien aus. Während bei den beiden extremen Sorten des Indikatorsortiments in der Tendenz noch die erwarteten Unterschiede zu erkennen waren, ist es bei 'Igri' und den Linien vor allem die sensitive 73c/83, die auch eine schlechtere Überwinterung als die anderen Sorten/Linien aufwies.

**Feldversuche** - einschließlich der zusätzlichen Versuche in Prenzlau, Polen und an zwei Standorten in der Ukraine - führten auf Grund der ungewöhnlich milden Winter im Projektzeitraum an allen Prüfstandorten noch nicht zu eindeutigen Ergebnissen bezüglich der verbesserten Winterhärte der selektierten Linien. Zur Absicherung wurden und werden Feldversuche zur Winterhärte des „Indikatorsortimentes Frosttoleranz“ sowie der selektierten Linien an mehreren Standorten in Zusammenarbeit mit der Nordsaat (Gudow) auch über die Projektlaufzeit hinaus fortgeführt.

**Rückkreuzungen** selektierter Linien bestätigen die Erbllichkeit des selektierten Merkmals. Transgression in der Nachkommenschaft der Kreuzung einer bereits frostresistenten Sorte mit einer selektierten frostresistenten Linie deutet auf eine mögliche Erweiterung der genetischen Basis der Frostresistenz hin.

Die getesteten Linien sowie Material aus den Kreuzungen wurden zur weiteren Bearbeitung zur Verfügung gestellt.

#### Abstract:

Improved frost resistance of selected lines was confirmed most of all in pot trials under controlled freezing conditions, where lines 73c/86 and 142 showed an advantage in surviving compared to 'Igri', whereas line 73c/83 was confirmed to be more sensitive to frost stress. Field trials - including additional field trials in Prenzlau, Poland and in two locations in the Ukraine - did not result in a clear differentiation of hydroxyproline-selected lines regarding winter hardiness because of unusually mild winters in all locations during the project. Thus, field trials aimed at overwintering of the indicator assortment and the selected lines are continued in several locations in co-operation with Nordsaat (Gudow). Backcrossing of selected lines confirmed heritability of the selected trait. Transgression in the progeny of a crossing between a frost resistant cultivar and a selected frost resistant line point to a possible extension of genetic basis of frost resistance. Selected lines as well as material from the crosses was made available for further processing.

Das Forschungsvorhaben (AiF-Nr. 11614 B/2) wurden aus Haushaltsmitteln des Bundesministeriums für Wirtschaft (BMWi) über die Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen „Otto von Guericke“ e. V. (AiF) gefördert.

In Zusammenarbeit mit: Dörffling, Tantau (Hamburg), Laubach (Gudow).

(BAZ-3337)

### 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:

Das Wetter der Vegetationsperiode 2002 sorgte mit relativ hohen Temperaturen, hoher Luftfeuchte und Niederschlag

besonders in der Zeit um den 45. Tag nach der Anthese (DAA) für ideale Bedingungen zur Provokation von Auswuchs.

Wie auch schon im vergangenen Jahr wurden erneut die Aktivitäten der  $\alpha$ - und  $\beta$ -Amylasen und der Limit-Dextrinase in unreifen, reifen und keimenden Karyopsen bestimmt. Aufgrund der hohen Variabilität der Enzymaktivitäten in Einzelpflanzen (Abb. 1) wurde der Probenumfang je Probenahme auf 15 - 40 Ähren erhöht. Unter diesen Voraussetzungen konnten die Ergebnisse des letzten Jahres bestätigt werden.

So ist in den frühen Stadien der Kornfüllung die  $\alpha$ -Amylaseaktivität relativ hoch und nimmt im Verlauf der Kornreifung ab. Ausgelöst durch die Witterungsbedingungen zeigen besonders Sorten mit hoher Auswuchsneigung schon ab der Gelbreife (60. DAA) wieder einen Anstieg in der  $\alpha$ -Amylaseaktivität, ein Zeichen für die einsetzende Keimung.

Die  $\beta$ -Amylaseaktivität steigt dagegen während der Kornreifung kontinuierlich an und erreicht zur Ernte ihren höchsten Wert (Abb. 2). Inwieweit die unter Provokationsbedingungen auf dem Halm einsetzende Keimung mit der vorhandenen Variabilität zwischen den Sorten auch durch den Verlauf der Enzymaktivitäten während der Keimung von gesunden, reifen Körnern eindeutig beschrieben werden kann, ist im Weiteren zu klären.

Abstract:

The weather of the last vegetation period 2002 with high temperatures, high humidity and precipitation especially

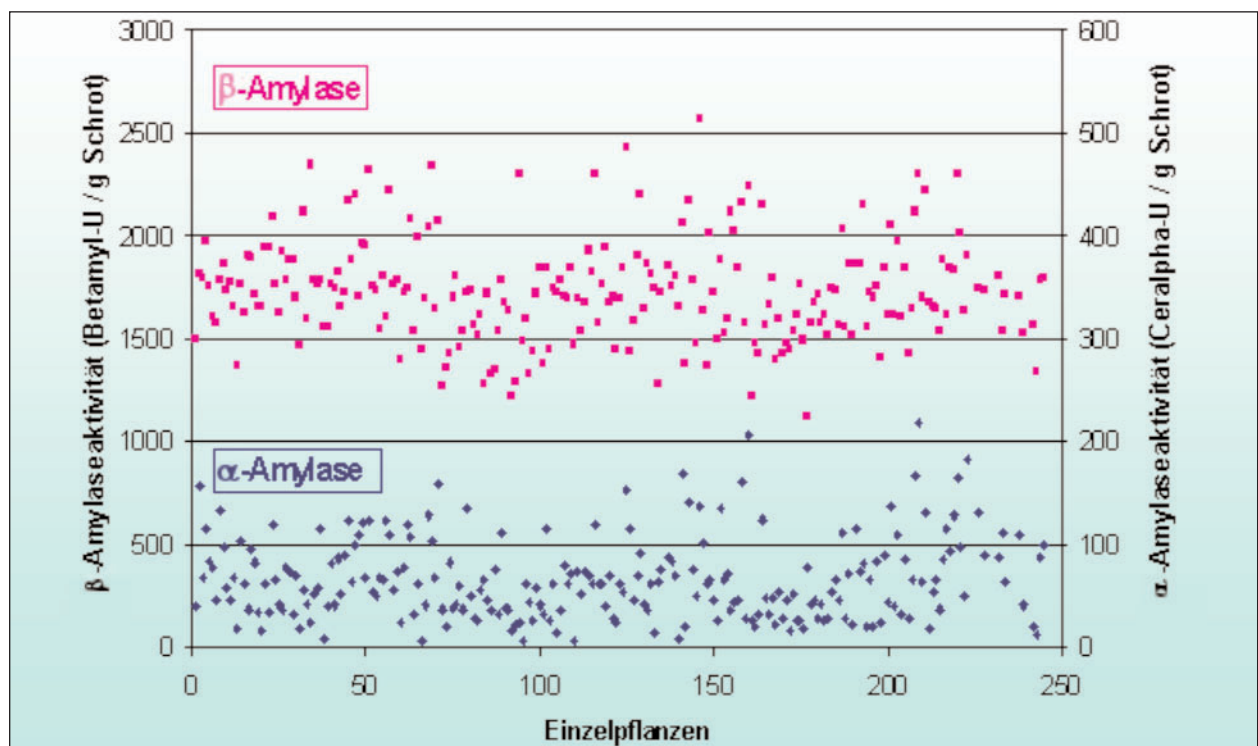


Abb. 1: Variabilität der stärkeabbauenden Enzyme in Einzelpflanzen eines Triticalestammes zur Ernte

Fig. 1: Variability of the starch degrading enzymes in single plants of breeding material of triticale at harvest

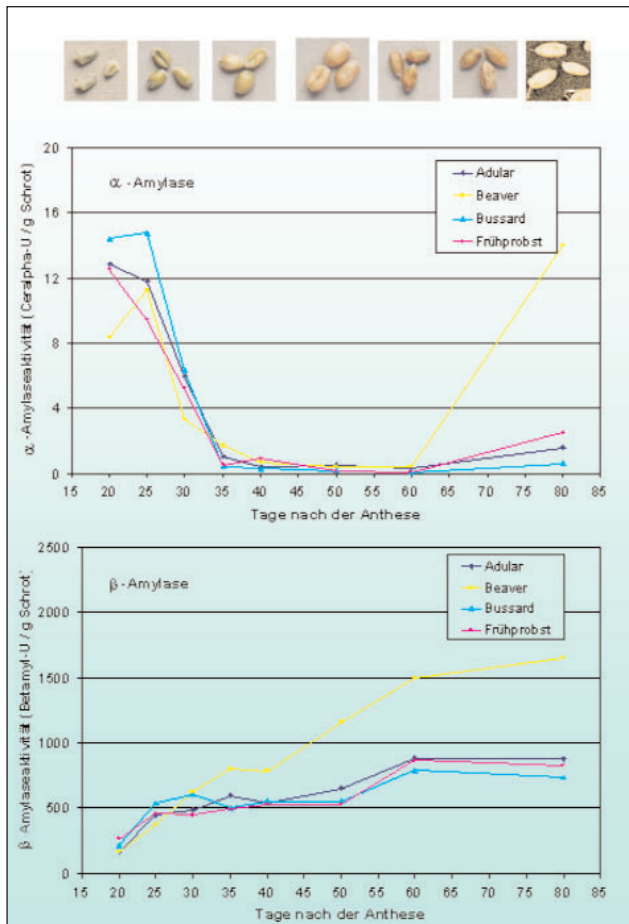


Abb. 2: Veränderung der stärkeabbauenden Enzyme während der Kornreifung  
 Fig. 2: Change of the starch degrading enzymes during the corn ripening

around about the 45. day after anthesis (DAA) caused perfect conditions for the provocation of pre-harvest sprouting. Once more the activities of  $\alpha$ - and  $\beta$ -amylase and of limit-dextrinase in ripening, ripe and germinating grains were determined. On the basis of the high variability of the enzyme activities in single plants (Fig. 1) the extent of the samples was increased to 15 - 40 ears per sampling. Under these conditions the results of the last year could be confirmed. In the early stages of grain filling the  $\alpha$ -amylase activity is relatively high and decreases during the course of maturation. Due to the weather, varieties with high tendency to pre-harvest sprouting show from the 60. DAA up (yellow ripeness) a repeated increase in the activity of  $\alpha$ -amylase, a signal for the begin of germination. The  $\beta$ -amylase activity increases during grain filling and reaches the maximum at full ripeness (Fig. 2). To what extent the germination under provocation can be described clearly using the changes of the enzyme activities during the germination of ripe nonsprouted and healthy grains has to be proved.

(BAZ-3340)

#### 1.4 Einzelsamencharakteristik - züchtungsrelevante Analyse von Inhaltsstoffen, Farbe, Härte und Image an Getreidekörnern Single seed characterization - breeding relevant analysis of contents, colour, hardness, and image on cereal grains

Flamme, W.; Jansen, G.

Zielsetzung/Aim:

Die Kenntnisse der Inhaltsstoffzusammensetzung, der physikalischen Eigenschaften, der Form und der Farbe der einzelnen Körner einer Probe liefern verbesserte Selektionsmöglichkeiten im Züchtungsprozess. Die Entwicklung von Screeningmethoden zur Bestimmung des Amylosegehaltes von Halb- und Einzelkörnern ist eine Voraussetzung für die Züchtung leistungsfähiger Sorten auf der Basis von Stärkemutanten.

The knowledge about contents, physical properties, shape and colour of single seeds of one sample give improved possibilities of selection in the breeding process. The development of screening methods for determination of amylose content from half and single kernels is a preposition for breeding of productive varieties on base of starch mutants.

Ergebnisse:

In der Züchtung von landwirtschaftlich genutzten Stärkepflanzen wurden auf dem Gebiet der Stärkezusammensetzung neben Mais und Reis auch bei Kartoffeln, Gerste, Weizen, Roggen und Triticale Fortschritte erreicht. Verschiebungen im Amylose/Amylopektinverhältnis bringen Veränderungen besonders in den Verkleisterungseigenschaften, dem Lipidgehalt, der Kornhärte und damit auch im Mahlverhalten und der Mehlausbeute mit sich.

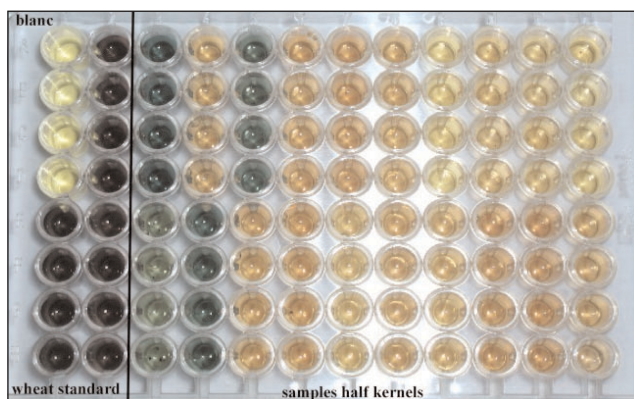


Abb. 1: Nachweis von waxy-Weizen mittels Jodfärbung im Microreader (Halbkornanalyse)  
 Fig. 1: Detection of waxy wheat by iodine-starch reaction in a microreader (half kernel analysis)

Zur Bestimmung des Amylosegehaltes bzw. des R-Wertes wurden halbe Körner in DMSO gelöst, mit wässriger Jodlösung versetzt und bei 630 nm und 550 nm die Extinktion gemessen. Als Messgerät diente ein Mikroplattenreader (Abb. 1).

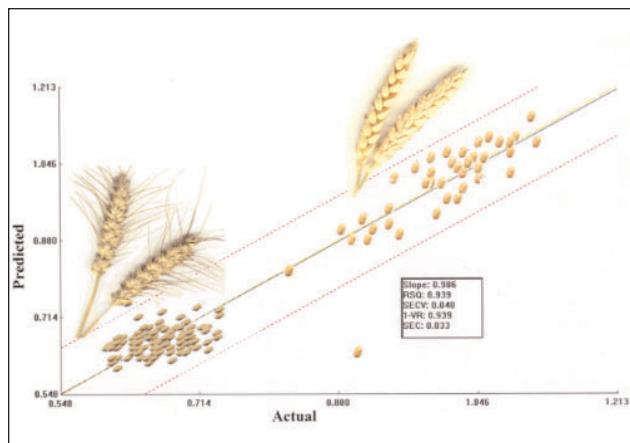


Abb. 2: Vorhersage des R-Wertes (Amylose/Amylopektin) zur Identifizierung von waxy-Weizen-Einzelkörnern mittels Nah-Infrarot-Spektroskopie (NIT)

Fig. 2: Cross validation prediction of R-value for identification of single waxy wheat kernels by Near-infrared Transmittance spectroscopy (NIT)

Vor der Bestimmung der R-Werte (des Amylosegehaltes) wurden an ganzen Körnern (23 Körner pro Messung) NIT-Spektren (INFRATEC 1255, Fa. FOSS) aufgenommen. Die erstellten Kalibrationen lassen beim Weizen eine eindeutige Zuordnung zu Normal- und waxy-Typ zu (Abb. 2).

Mikroskopisch lassen sich durch die Jod/Stärke-Reaktion des Endosperms, gewonnen aus halben Körnern, Unregelmäßigkeiten nachweisen. So konnten in reinen waxy-Formen vereinzelt amylosereiche Stärkekörner nachgewiesen werden (Abb. 3). Über die Bestimmung der Feuchte, des Gewichtes, der Dicke und der Härte von Getreidekörnern mit dem Single Kernel Characterization System (SKCS, Fa. Perten) wurde in 2001 (ISR - 1.6) berichtet.

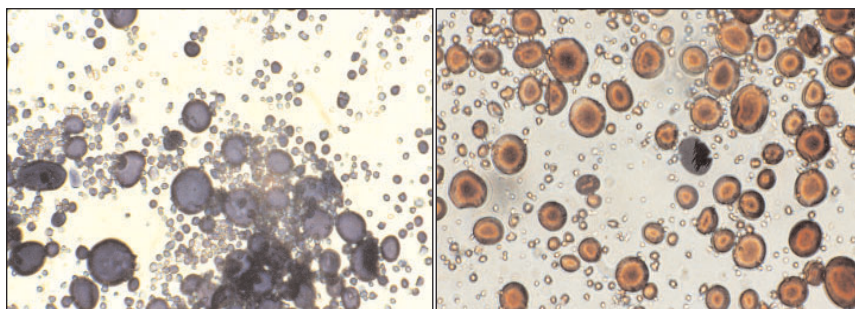


Abb. 3: Färbung der Stärkekörner im Weizenendosperm mittels Jod/Kaliumjodid-Reaktion

- a) konventionelle Saatweizen - Sorte Maverick
- b) hexaploider waxy-Weizen

Fig. 3: Iodine staining of starch kernels within wheat endosperm

- a) *Triticum aestivum* - cv. Maverick
- b) hexaploide waxy-wheat

Abstract:

Newly developed low and high amylose cereals have changed processing characteristics. A simplified iodine-staining method for analysis of amylose content was developed to take advantage of the fact that DMSO is an excellent solvent for starches. A microplate-spectrometer was used for measuring of absorbance at 630 and 550 nm and for calculation of starch independent R-value. A further study was undertaken for use of NIT-spectroscopy to identify single waxy wheat kernels (800 - 1100 nm). With the developed calibration a near perfect separation of fully waxy from non-waxy kernels was achievable. Within the photomicrographs of iodine staining endosperms of waxy wheat besides yellow starch granules violet blue amylose rich A-starch kernels are visible.

(BAZ-3341)

### 1.5 Rheologische Untersuchungen von Stärken und Nichtstärkepolysacchariden von Kartoffeln und Getreide

#### Rheological investigations of starch and non-starch polysaccharides of potatoes and cereals

Jansen, G.

Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe von verschiedenen Messmethoden soll eine umfassende rheologische Charakterisierung von zellwandhaltigen Rohstoffen und Stärken von Kartoffeln und Getreide durchgeführt werden. Dabei werden neben der Quellung und dem Quellstoffabbau von Zellwandsubstanzen auch das Verkleisterungsverhalten von stärkehaltigen Rohstoffen und isolierten Stärken sowie der Einfluss von getreideeigenen Enzymen auf das rheologische Verhalten untersucht. Zur Ermittlung von technologischen Parametern (z. B. Viskositäten, Fließverhalten unter mechanischer Beanspruchung) werden züchtungsrelevante Methoden erarbeitet, um eine Beurteilung von Zuchtmaterial in frühen Zuchtstadien zu ermöglichen.

The aim is a comprehensive rheological characterization of starch and non-starch polysaccharides of potatoes and cereals. Swelling properties and decomposition of swelling substances as well as the gelatinization properties of raw materials and isolated starches and the influence of enzymes have to be investigated. For determination of technological parameters (viscosity, flow behaviour under different shear rates) breeding-relevant methods will be used.

Ergebnisse:

Für die züchtungsrelevante Beurteilung der Verkleisterungs- und Pasteneigenschaften von Getreide- und Kartoffelstärke sowie zur Charakterisierung der Quelleigenschaften von Nichtstärkepolysacchariden (vorwiegend Pentosane und  $\beta$ -Glucane) wurde ein Rotationsviskosimeter der Firma PHYSICA mit modifiziertem, d. h. genutetem Zylinder, eingesetzt. Für die Beschreibung rheologischer Eigenschaften von Schrot- und Stärkesuspensionen, die für technologische Verarbeitungsprozesse von Bedeutung sind, reichten sehr geringe Probemengen (etwa 0,5 g Schrot und weniger als 0,5 g Stärke). Die typischen Messparameter wie Verkleisterungsbeginn, Verkleisterungsmaximum und Temperatur im Maximum sowie Temperatur- und Scherbständigkeit der verkleisterten Stärken und das

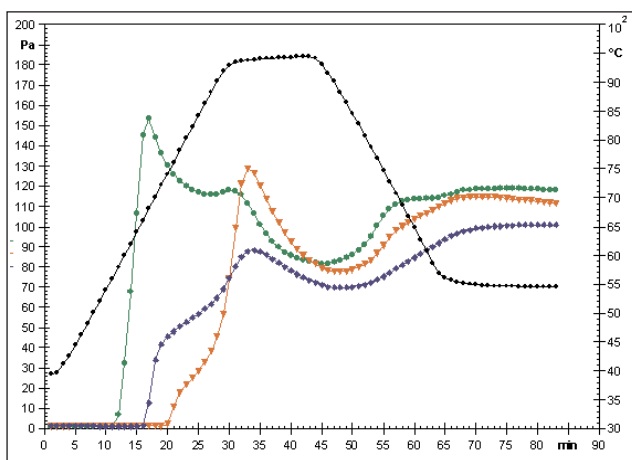


Abb. 1: Verkleisterungskurven von waxy-Oderbrucker, angebaut bei unterschiedlichen Temperaturen (● 10 °C, ◆ 20 °C, ▼ 30 °C)

Fig. 1: Gelatinization cycle curve of waxy-Oderbrucker, grown at different temperatures (● 10 °C, ◆ 20 °C, ▼ 30 °C)

Dickungsverhalten während der Abkühlphase konnten reproduzierbar ermittelt werden. Innerhalb einer Getreideart wurden durch Veränderungen im Verhältnis von Amylose und Amylopektin erhebliche Unterschiede im Verkleisterungsverhalten festgestellt. Die Verkleisterung der Stärken setzt bei deutlich geringeren Temperaturen ein und es werden höhere Verkleisterungsmaxima gemessen, woraus sich wiederum für technische Anwendungen differenzierte Einsatzfelder ergeben. Die Stärkemutanten, sowohl Mutanten mit erhöhtem Amylosegehalt als auch mit erhöhtem Amylopektingehalt (waxy-Stärken) wurden auf die Stabilität dieser veränderten rheologischen Eigenschaften unter dem Einfluss verschiedener Umweltfaktoren getestet. Während Stärke-Mutanten von Gersten mit erhöhtem Amylosegehalt auf eine Anzucht bei unterschiedlichen Temperaturen nur mit geringen Unterschieden im Verkleisterungsmaximum reagierten, kam es bei waxy-Stärken von Gersten, die bei niedrigeren Temperaturen aufgezogen wurden, zu einer Verschiebung der Verkleisterungskurven (Abb. 1). Der bei deutlich niedrigeren Temperaturen einsetzende Verkleisterungsbeginn bringt energetische und technologische Vorteile.

Das Rotationsviskosimeter mit genutetem Zylinder liefert nicht nur exakte physikalische Messdaten, sondern bietet auch den Vorteil einer steuerbaren Schergeschwindigkeitsvorgabe, wodurch weitere praxisrelevante rheologische Messdaten (Fließeigenschaften bei bestimmten Schergeschwindigkeiten) ermittelt werden können.

Die Quellkurven von Nichtstärkepolysacchariden konnten mit 1,5 g Schrot oder Mehl unterhalb der Verkleisterungstemperatur aufgenommen werden. Damit wurden sowohl Aussagen zum Quellvermögen als auch Aussagen zum Einfluss von getreideeigenen Enzymen auf die Viskosität der Nichtstärkepolysaccharide möglich.

Abstract:

The breeding relevant and reproducible determination of typical rheological parameters such as begin of gelatinization, peak temperature, peak viscosity, breakdown and setback viscosity was possible with a modified rotary viscometer (Fa. Physica). At early breeding stages the gelatinization properties were measured with approximately 0,5 g whole meal or starch and the output is available in correct physical units.

Starch-mutants with a different ratio of amylose and amylopectin content varied clearly in gelatinization properties. This could turn out to be advantageous for special technical uses in food and industry. The effect of temperature on stability of rheological quality parameters of barley mutants was tested. Waxy mutants showed marked differences in gelatinization properties of starches with lower growing temperatures. The gelatinization of waxy mutants began earlier with lower temperatures. Contrary to that the mutants with high amylose content showed only a response in the height of gelatinization maximum.

The modified rotary viscometer was also used to determine swelling properties of non starch polysaccharides (mainly pentosans and  $\beta$ -glucans) of cereals. It was possible to obtain swelling curves below the gelatinization temperature using 1,5 g meal to determine the swelling capacity of the non starch polysaccharides as well as the influence of grain-own enzymes on viscosity.

(BAZ-3338)

## 1.6 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 Anthocyanfarbstoffe mit blauen bis violetten Tönen gelegt, da in die-

sem 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. Anthocyanin-based colorants with blue until violet tone are valuable, because they are needed in industry and in food area.

Ergebnisse:

Im Rahmen dieses Projektes erfolgte zunächst eine Evaluierung von Kartoffel-Genbankmaterial. Es wurden 25 Kartoffelherkünfte aus europäischen und außereuropäischen Genbanken unter Einbeziehung von Sammlungen privater Einrichtungen von der Genbank des IPK Gatersleben

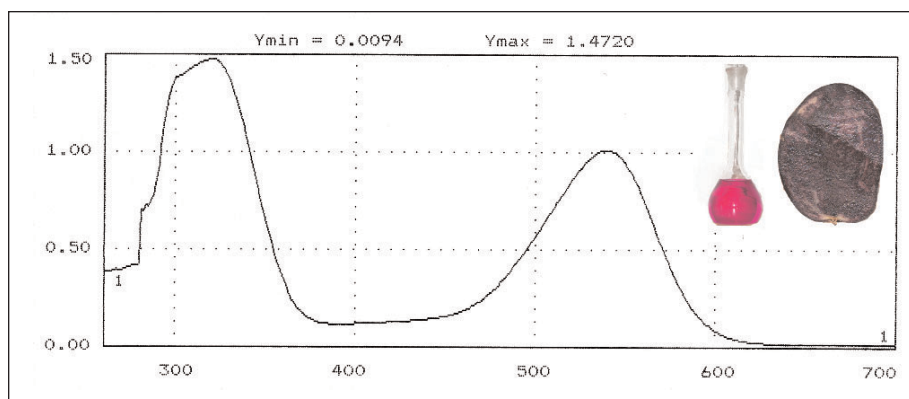


Abb. 1: Spektrenaufnahme von Farbstoffextrakten aus blauen Kartoffeln  
Fig. 1: Spectral characteristics of pigment extract from blue potatoes

Außenstelle Nord Groß Lüsewitz zur Verfügung gestellt und im Elbländischen Pflanzgarten Lenzen angebaut. Eine in der Sortenliste zugelassene farbfleischige Kartoffel gibt es derzeit nicht. Das Genbankmaterial wurde bezüglich des Gesamt-Farbstoffgehaltes sowie bezüglich der Verteilung des Farbstoffes innerhalb der Knollen untersucht. Der Farbstoffgehalt in der gesamten Knolle lag im Mittel bei 0,37 g Farbstoff/kg FM, wobei bei 2 Sorten bzw. 1 Stamm Maximalwerte von 1,25 - 1,77 g Farbstoff/kg FM ermittelt werden konnten. Im Schalenbereich wurden in den meisten Fällen höhere Gehalte an Anthocyanen nachgewiesen als im Kartoffelfleisch. Die maximale Konzentration lag in der Schale bei 3,08 g Farbstoff/kg FM.

Sowohl die Kartoffelknollen als auch die Farbstoffkonzentrate wurden auf ihren Gehalt an Solanin überprüft, um eine mögliche Gesundheitsgefährdung durch Aufkonzentrierung toxischer Stoffe bei der Extraktion der Farbstoffe auszuschließen. Bei der Rohware gab es nur in wenigen Ausnahmen im Schalenbereich eine Überschreitung des gesundheitsschädlichen Wertes von 20 mg/100g. Eine Anreicherung von Solanin in den Farbstoffextrakten wurde nicht festgestellt.

Vergleicht man die ermittelten Farbstoffkonzentrationen in farbigen Kartoffeln mit Gehalten in bisher genutzten Roh-

stoffen zur Farbstoffgewinnung, wie z. B. Beeren, Früchten und Wurzeln, so wurden in Kartoffeln geringere Konzentrationen ermittelt. Demgegenüber gibt es aber für den Kartoffelanbau, -ernte und -lagerung industrielle Verfahren, ein entscheidender Vorteil gegenüber den meisten bislang verwendeten Rohstoffen.

Abstract:

Within this project potato clones of European and non-European genebank were evaluated for pigment content and distribution of pigment inside the potato tuber. Different red-fleshed and purple-blue potatoes were supplied by the Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research Gatersleben (genebank External Branch „North“ Groß Lüsewitz) and cultivated in Lenzen. The anthocyanine content of breeding clones and cultivars had average concentrations of 0,37 g/kg tuber up to a maximum of 1,77 g/kg tuber. Higher pigment concentration has been found in the skin of the tuber with the highest content of 3,08 g/kg tuber.

In the interests of safety potato tubers and anthocyanine extracts were screened according to their solanine content, but it was not concentrated in the extracts. The pigment content of potatoes is not as high as in colored berries, but potatoes have the advantage of cultivation, harvest and storage being industrialized.

(BAZ-3342)

### 1.7 Charakterisierung der Stärkezusammensetzung (Amylose, Amylopektin) heimischer landwirtschaftlicher Nutzpflanzen mittels HPLC

#### Characterisation of starch composition (amylose, amylopectin) of indigenous agricultural plants by means of HPLC

Jürgens, H.-U.

Zielsetzung/Aim:

Stärke ist ein wichtiger Inhaltsstoff in vielen landwirtschaftlichen Nutzpflanzen und dient im großen Umfang als Rohstoff für die Nahrungs-, Textil- und die Papierindustrie. Das Ziel dieses Projektes ist es, die Feinstruktur der Stärke und ihrer Bestandteile Amylose und Amylopektin aufzudecken, um ein verbessertes Verständnis zwischen Struktur und makroskopischen Eigenschaften zu erhalten. Als Untersuchungsmaterial dienen Stärken von industriellem Interesse aus Gersten, Weizen, Roggen, Kartoffeln und Erbsen. Ebenso werden genetisch veränderte Stärken, entweder mit erhöhtem oder verringertem Amylose-Gehalt (amylo- und waxy-Formen) untersucht.

Starch is a main component of many agricultural crops and is used as a raw material in a wide range in food, textile,

and paper industries. The aim of this project is to reveal the fine structure of the starch and their components amylopectin and amylose, to obtain an improved understanding of structure and properties. Starches of industrial interest from barley, wheat, rye, potato, and peas are used as re-

ringe Mengen an Oligosacchariden freisetzen. Dies ist am Beispiel verschiedener Stärken mit hohem Anteil an Amylopektin (waxy-Form) bzw. Amylose (Markerbse) in Abb. 2 gezeigt.

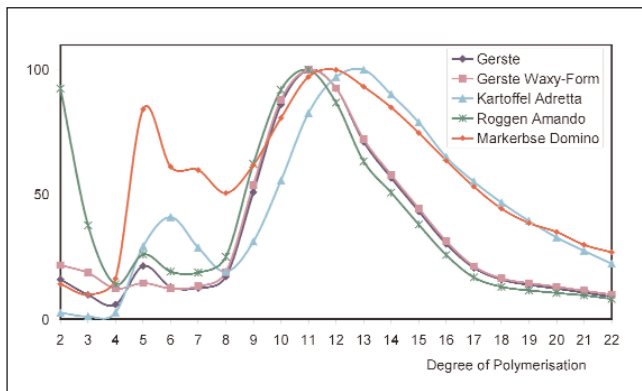


Abb. 1: Relative Zusammensetzung der Oligosaccharide nach enzymatischer Hydrolyse verschiedener Stärken mit Isoamylase oder Pullulanase

Fig. 1: Relative oligosaccharide composition of different isoamylase or pullulanase debranched starches

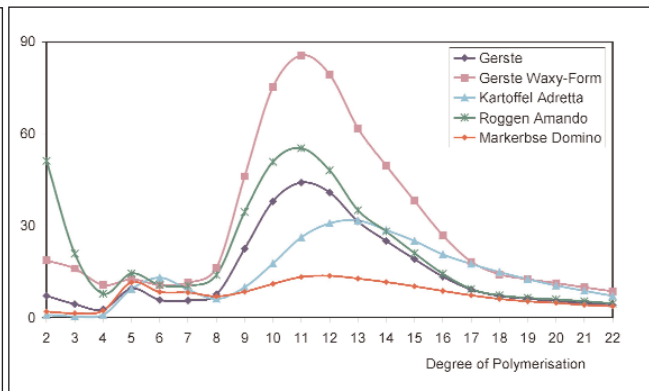


Abb. 2: Quantitative Zusammensetzung der Oligosaccharide nach enzymatischer Hydrolyse verschiedener Stärken im Vergleich zu einer Gersten-waxy-Form

Fig. 2: Quantitative oligosaccharide composition of debranched starches in relation to a barley waxy form

search material. Genetically modified starches with either increased or decreased amylose content (waxy- and amylo-types) are also investigated.

Ergebnisse:

Bisherige Untersuchungen zur Charakterisierung von Amylopektin in verschiedenen Stärken wurden nach vorheriger Trennung der Stärke in ihre Hauptkomponenten mit Hilfe der Gelpermeationschromatography (GPC) und anschließender enzymatischer Hydrolyse der  $\alpha$ -1,6-glycosidisch verknüpften Bindungen des Amylopektins mit Isoamylase (EC 3.2.1.68.) oder Pullulanase (EC 3.2.1.41.) vorgenommen. Dies ist ein relativ zeitaufwendiger Prozess und die hierbei isolierten Mengen der einzelnen Fraktionen reichen im allgemeinen gerade für eine einzige Strukturanalyse. Es stellte sich nun die Frage, ob es auch möglich ist, das Amylopektin direkt aus Stärke, ohne vorhergehende Auftrennung in die Komponenten mittels GPC, zu charakterisieren. Dazu wurde die Stärke mit den oben genannten Enzymen zu Oligosacchariden hydrolysiert und diese anschließend mittels Reverse Phase Chromatography (RPC) analysiert. Aus der Zusammensetzung der Stärke-Hydrolysate verschiedener Kulturpflanzen lassen sich Amylopektin Oligosaccharid-Muster erkennen (Abb. 1). So bildet Amylopektin aus Getreidestärke ein Oligosaccharid-Maximum bei Maltoundecaose (DP11) und gewöhnlich nur geringe Mengen an Oligosacchariden mit wenigen Glucoseeinheiten. Das Amylopektin der Kartoffelstärke hingegen zeigt ein Maximum bei Maltotridecaose (DP13) und zusätzlich höhere Mengen an Maltohexaose (DP6). Aus Stärken mit sehr hohem Anteil an Amylopektin wie beispielsweise den waxy-Formen werden naturgemäß größere Mengen an Oligosacchariden gebildet, während amylosereiche Formen nur verhältnismäßig ge-

Abstract:

Different native starches were solved in water and subsequently debranched using isoamylase or pullulanase. The oligosaccharides obtained were derivatized for detection by fluorescence spectrometer and afterwards separated by reverse phase chromatography. It was found typical oligosaccharide pattern for debranched starches of different agricultural crops.

(BAZ-3335)

1.8 Induktion von Abwehrmechanismen in transgenen Pflanzen zur Veränderung der Zellwandstruktur und Verbesserung der Resistenz

Induction of plant defence mechanisms in order to change the cell wall structure and to improve the resistance

Wegener, C.

Zielsetzung/Aim:

Induktion von pflanzlichen Abwehrmechanismen durch eine endogene Pektatlyase (PL) oder eine Oligogalacturonidlyase (OGL) in transgenen Kartoffeln der Sorte Désirée zur Verbesserung der Resistenz des Knollengewebes gegenüber der *Erwinia* Nassfäule.

Induction of plant defence mechanisms by an endogenous pectate lyase (PL) or an oligogalacturonid lyase (OGL) in transgenic potatoes of cv Désirée for an improvement of the resistance of tuber tissue to *Erwinia* soft rot.

Ergebnisse:

*Erwinia carotovora* Bakterien, die Nassfäule an pflanzlichen Geweben verursachen, produzieren vor allem PL-En-



zyme, die Pektine der pflanzlichen Zellwände unter Bildung von ungesättigten Oligogalacturoniden (OG), hauptsächlich di- und trimere, abbauen. Diese fungieren als Signalstoffe (Elicitor) und induzieren pflanzliche Abwehrreaktionen.

Die ungesättigten Digalacturonide werden von der *Erwinia* OGL zu 5-Keto-4-Dexyuronate (DKI) abgebaut, eine sehr reaktive Verbindung, die am Knollengewebe der Kartoffel autolytischen Zelltod und damit eine Verbesserung der Resistenz des Gewebes gegenüber der *Erwinia* Nassfäule bewirkte. Aus diesem Grunde ist im Rahmen der Zusammenarbeit mit dem Carlsberg Laboratorium, Kopenhagen neben dem Gen des Isoenzym PL3 aus *Erwinia carotovora* auch das einer OGL mittels *Agrobacterium tumefaciens* in die Kartoffel übertragen worden. Die OGL-transgenen Linien wurden hinsichtlich ihrer Nassfäule-Resistenz untersucht und der Effekt der endogenen OGL auf die Resistenz wurde mit dem einer PL3 verglichen. Im Ergebnis wurden unter den OGL-exprimierenden Linien zwei mit einer signifikant ( $P < 0,05$ ) verbesserten Nassfäulereistenz selektiert. Allerdings war die durch eine OGL vermittelte Resistenz weniger effizient als die durch die PL3 induzierte. Das heißt, dass 1) deutlich weniger Linien mit einer verbesserten Resistenz gefunden wurden und dass 2) sich die OGL-transgenen Linien auch weniger stark von den nicht-transgenen Kontrollen unterschieden als die PL-exprimierenden Kartoffellinien. Die Effizienz der PL-vermittelten Resistenz basierte offensichtlich darauf, dass ein ganzer Komplex von Abwehrmechanismen, wie u.a. Verstärkung der Zellwände, Aktivierung der PPO und PAL sowie die Bildung von Nekrosen mit der Einlagerung von Lignin und Suberin die Zellwände, nach Infektion mit den *Erwinia* Bakterien aktiviert wurde. Im Falle der transgenen OGL-Kartoffeln hingegen wirkte nur ein Mechanismus (= Zelltod). Dies zeigt, dass für eine erfolgreiche Abwehr der *Erwinia* Bakterien die Aktivierung eines Resistenzmechanismus allein offensichtlich nicht ausreichend ist.

Abstract:

*Erwinia carotovora* (*Ec*) bacteria causing soft rot on plant tissue produce pectate lyase (PL) enzymes that degrade plant cell wall pectin into unsaturated oligogalacturonates (OG), mainly di- and trimers which are signals (elicitors) inducing plant defence responses.

The OGL-enzyme of *Ec*-bacteria degraded unsaturated digalacturonates into 5-keto-4-deoxyuronate, a very reactive compound which was shown to induce cell death on potato tuber tissue leading finally to an enhanced soft rot resistance. This was the reason why a gene encoding an *Erwinia* OGL was transferred by means of *Agrobacterium tumefaciens* into potatoes of cv. Désirée. The OGL-transgenic plant lines were analysed with respect to their soft resistance and the effect of the OGL on the resistance of tuber tissue was compared with that of the PL3. Although two OGL-expressing potato lines that revealed a significantly ( $P < 0,05$ ) enhanced soft rot resistance could be selected, it

turned out that the OGL-induced resistance was less efficient than the PL3 mediated resistance. This was obviously based on the fact that the OGL activated only one plant defence mechanism (= cell death), while the PL3 induced the whole complex including strengthening of tissue cell walls, activation of PPO and PAL as well as the formation of necrosis. This implies, that the effect of only one plant defence mechanism is not sufficient to defend the *Erwinia* bacteria successfully.

(BAZ-3332)

### 1.9 Untersuchung des Einflusses des genetischen Hintergrundes auf die durch eine *Erwinia* Pektatlyase induzierte Resistenz in transgenen Kartoffeln 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 (PL)-transgenen Kartoffeln der Sorte Désirée werden im Gewächshaus angebaut. Es wird untersucht, inwieweit die PL-Expression und deren Auswirkung auf die Resistenz des Knollengewebes gegenüber der *Erwinia* Nassfäule vom genetischen Hintergrund beeinflusst wird. Darüber hinaus werden ausgewählte pflanzliche Abwehrreaktionen (u. a. Verstärkung der Zellwände, Aktivität der PPO) näher betrachtet.

Progenies of crossings with PL-transgenic potato plant lines (Désirée) will be grown in the greenhouse. It will be analysed how far the expression of PL and its effect on the resistance of tuber tissue is affected by the genetic background. Furthermore, selected plant defence responses such as strengthening of tissue cell walls or activation of PPO will be regarded.

Ergebnisse:

In diesen Experimenten ist das Gen der PL3 durch Kreuzung einer PL-transgenen Linie mit einer traditionellen Sorte übertragen worden (PL-transgene Désirée x Agave).

Nach vorhergehender Selektion der Nachkommen unter züchterischen Gesichtspunkten sind insgesamt 21 Linien mit einer stabilen PL-Expression ermittelt worden. Die Enzymaktivitäten lagen zwischen 91.0 bis 448.0 mU ml<sup>-1</sup> Zellextrakt und waren denen der PL-transgenen Linien der Sorte Désirée aus dem *Agrobacterium* vermittelten Gentransfer vergleichbar. Die Gruppe der PL-exprimierenden Nachkommen zeigte gegenüber den Ausgangssorten, Désirée und Agave, eine deutlich verbesserte Resistenz. Darüber hinaus war diese Gruppe auch signifikant ( $P < 0,05$ ) resistenter gegenüber der *Erwinia* Nassfäule als die PL-inaktiven, d. h. nicht-transgenen Nachkommen aus dem Kreuzungsexperiment. Die Ergebnisse lassen darauf schließen, dass die PL-induzierte Resistenz nicht nur in der Sorte Désirée, sondern auch in einem anderen genetischen

„Background“ funktioniert. Die Kartoffeln werden z. Z. noch einmal im Gewächshaus angebaut, um diese ersten Ergebnisse im kommenden Jahr noch weiter zu sichern.

Abstract:

In these experiments the *pel3* gen was transferred by crossing of a PL-transgenic potato plant line with a traditional cv (PL-transgenic Désirée ´ Agave). As a result 21 plant lines with a stable PL-expression could be selected. Enzyme activities determined in cell extracts of tuber tissue ranged from 91 to 448 mU ml<sup>-1</sup>. These data were comparable with those of the PL-transgenic plant lines of cv. Désirée transformed by means of *Agrobacterium*.

The group of the PL-expressing progenies was more resistant toward *Erwinia* soft rot than the traditional cvs, Désirée and Agave. They showed also a better resistance than the PL-inactive group of the crosses, where by the difference between both, transgenic and non-transgenic progenies, was significant ( $P < 0,05$ ). This implies that the PL-induced resistance functions also in another genetic background than Désirée. The results will be underlined by further greenhouse experiments in the next year.

(BAZ-3339)

Institut für gartenbauliche Kulturen  
 Institute of Horticultural Crops  
 Quedlinburg

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 Institut für gartenbauliche Kulturen darauf gerichtet, Bedingungen für eine ökonomisch vertretbare 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. Die Aufgaben des Institutes schließen sowohl die Entwicklung von neuen Resistenzdonoren, 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 *Allium*, *Brassica*, *Raphanus* und *Daucus* sowie ausgewählte Arznei- und Gewürzpflanzen bearbeitet.

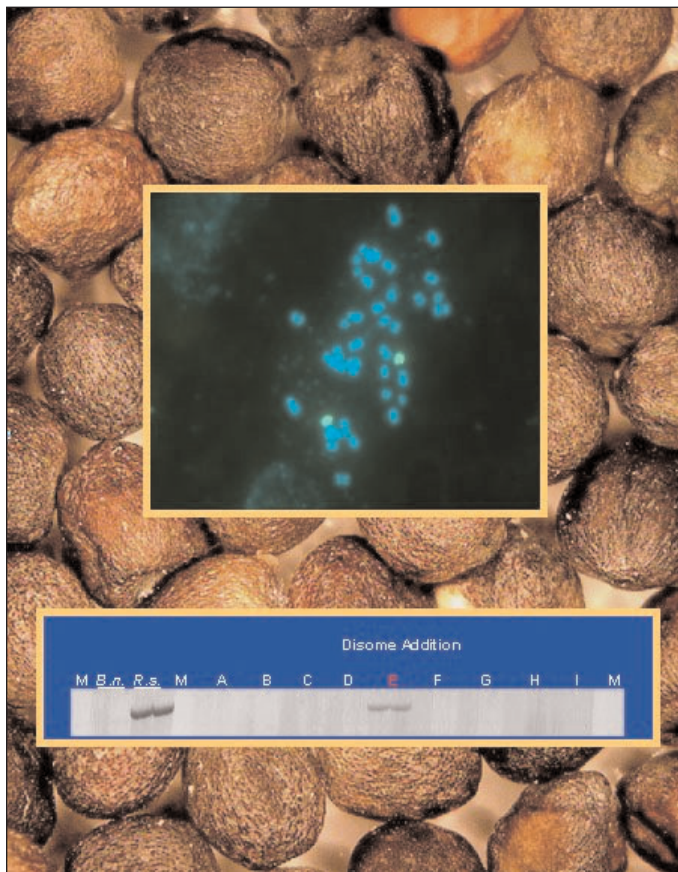


Abb. 1: Markergestützte Selektion von Chromosomenadditionen bei *Brassica*

Fig. 1: Marker-assisted selection of chromosome-additions in *Brassica*

Die Genomdiagnostik der Möhre (*Daucus carota*) ist ein wichtiger Forschungsschwerpunkt des Instituts. Ziel dieser Arbeiten ist die Aufklärung der Vererbungsmechanismen verschiedener Merkmale insbesondere solcher, mit züchterischer Relevanz und Entwicklung molekularer Marker für eine markergestützte Selektion. Diesjähriger Schwerpunkt bei der Genomkartierung von *Daucus* war die Identifizierung und Integration weiterer AFLP-Marker in die bestehenden Kopplungskarten sowie die Erstellung neuer Kopplungskarten.

Chromosomenadditionen sind nützliche Handwerkszeuge der Züchtungsforschung. Pflanzen mit einer Einzeladdition besitzen im Zellkern neben den eigenen Chromosomensätzen ein (monosome Addition) oder zwei (disome Addition) Kopien eines Chromosoms aus einer verwandten Pflanzenart. Mit ihrer Hilfe kann die genetische Architektur von Merkmalen untersucht, die Lage von Genen auf Chromosomen bestimmt, die Ausprägung der Gene untersucht und neue Merkmale in Züchtermaterial eingebracht werden. Besonders vorteilhaft, aber schwierig zu erzeugen, sind komplette Sätze von Additionen mit allen Chromosomen der

Spenderart. Das gilt in besonderem Maße für Pflanzenarten mit kleinen Chromosomen wie den Brassicaceen. Erstmals wurde eine solche vollständige disome Additionsserie aller 9 einzelnen

Chromosomen aus *Raphanus* (Rettich) bei *Brassica napus* entwickelt. Rettich wurde als Spenderart ausgewählt, weil er eine Reihe von Eigenschaften besitzt, die für andere *Brassica*-Arten wertvoll sind. Dazu zählen vor allem neue Resistenzmerkmale (*Plasmodiophora*, *TuMV*, *Heterodera*). Die Herstellung dieses neuartigen Pflanzenmaterials gelang durch die effiziente Anwendung der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung und von molekularen Markern. Mit Hilfe der Additionsserie wurden erste Ergebnisse z.B. zur Vererbung von *Raphanus*-Glucosinolaten und zur interspezifischen Übertragung der Nematodenresistenz erzielt. Die resistente Additionslinie BAZ/DD-20 wird bereits als Basismaterial in der Pflanzenzüchtung eingesetzt.

Arznei- und Gewürzpflanzen tragen durch die therapeutische Wirkung, die geschmackliche Verbesserung unserer Nahrung und ihre Duftstoffe zur Verbesserung der Lebensqualität bei. Darüber hinaus wird die biologische Wirkung der Inhaltsstoffe dieser Arten untersucht, um weitere Anwendungsbereiche z. B. als natürliche Konservierungs- und Pflanzenschutzmittel zu erschließen. Das Institut für gartenbauliche Kulturen führt komplexe Arbeiten der Züchtungsforschung an Arznei- und Gewürzpflanzen mit den Schwerpunkten der Verbesserung des Gehaltes wirksamer Inhaltsstoffe, der technologischen Eignung und der natürlichen Resistenz gegen Schaderreger durch.

Als natürliches Antidepressivum hat sich Johanniskraut (*Hypericum perforatum*) in den letzten Jahren einen führenden Platz unter den in Deutschland angebauten Arzneipflanzen erobert. Nach komplexer Evaluierung von mehr als 140 Herkünften werden gegenwärtig Linien entwickelt, die sich durch hohen Gehalt der pharmakologisch wichtigen Inhaltsstoffe Hypericin und Hyperforin und durch Widerstandsfähigkeit gegen die Johanniskrautwelke auszeichnen. Die Selektion rein sexueller Typen des ansonsten hochgradig apomiktischen Johanniskrautes mit Hilfe der Durchflusszytometrie ermöglichte die Durchführung von Kreuzungsexperimenten, die eine Kombination erwünschter Eigenschaften und die rasche genetische Stabilisierung durch Selektion apomiktischer Nachkommen zum Ziel haben.

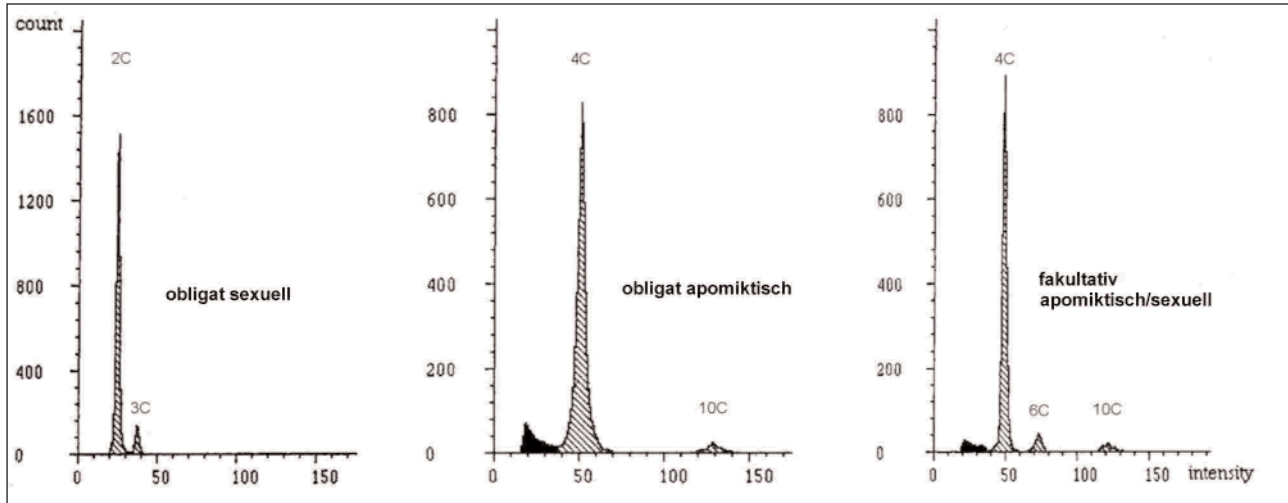


Abb. 2: Bestimmung des Reproduktionstyps von Johanniskraut am Durchflusszytometer

Fig. 2: Determination of the reproductive type of St. John's wort by the flow cytometer

Der Anbau von Arzneifenichel (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *vulgare*) wird durch die Doldenkrankheit *Mycosphaerella anethi* in starkem Maße gefährdet. Nach Evaluierung von mehr als 200 Herkünften gelang die Selektion von Populationen mit deutlich verminderter Anfälligkeit als Ausgangsmaterial für die Entwicklung resistenter Linien.

Dem wachsenden Bewusstsein der Verbraucher für den Zusammenhang zwischen Ernährung und Gesundheit entsprechend, wird das Ziel verfolgt bei ausgewählten Gemüsearten positive Eigenschaften die Gesundheitsaspekte betreffen, wie inhaltsstoffliche Komponenten, Konsistenz

und Geschmack, noch stärker in züchtungsmethodische Arbeiten einzubeziehen. Dabei können sowohl höhere Vitamin- und Provitamingehalte, als auch andere wertbestimmende Substanzen mit ernährungsphysiologischer Bedeutung in Gemüse-*Brassica*-Formen wie z. B. Alkyl-, Benzyl- und Indolylglukosinolate eine wichtige Rolle spielen.

Darüber hinaus bleibt ein weiterer wichtiger Forschungsschwerpunkt die Erarbeitung neuer Resistenzstrategien für den integrierten und ökologischen Gartenbau. Unter dem Gesichtspunkt des standortangepassten, nachhaltigen Gartenbaues ist eine erhöhte Toleranz gegen biotische Schaderreger und abiotische Stressfaktoren ein wichtiges Ziel.

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 of Horticultural Crops 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.

In various vegetable species the introduction of genes for disease resistance is one of several important goals. In leek (*Allium ampeloprasum*) with its complex breeding system, improvements of quality and resistance are difficult to achieve. For this vegetable species new genetic resources were developed which could contribute to facilitate breeding work. Cytoplasmic and nuclear genetic components of onion were transmitted into leek by interspecific crosses to develop a hybrid system. Genetic diversity of the new plant material was broadened through the combination with a number of leek genotypes to create a broad basis for selection

The genome research on carrot (*Daucus carota*) is an important research complex of the Institute. The goal of this project is the development of molecular markers for marker assisted selection and to get a better understanding of the inheritance of different traits especially with relevance for breeding. Main point of the *Daucus* mapping project was the introduction of additional AFLP-markers as well as the construction of new carrot maps.

Chromosome additions are useful tools in breeding research. A plant with a single chromosome-addition has beside of the normal sets of chromosomes one (monosomic addition) or two (disomic addition) copies of a chromosome from an other species in its cell nuclei. By the use of chromosome-additions, the genetic architecture of traits can be investigated, the chromosomal location of genes can be determined, the gene expression can be studied and new genes can be introgressed into breeding material. Complete sets of additions of all chromosomes from the donor species are most advantageous, but difficult to establish. This is especially true for plant species that have small chromosomes as the Brassicas. At the first time, a complete disomic addition series of all 9 single chromosomes from *Raphanus* (radish) was developed in *Brassica napus*. Radish was selected as a donor species because of it possesses characters valuable for other *Brassica* species. Above all these are resistances to pathogens (*Plasmodiophora*, *TuMV*, *Heterodera*). The development of this new plant material succeeded through the efficient use of fluorescence-in situ-hybridization and of molecular markers. First results on the inheritance of nematode resistance and *Raphanus*-specific glucosinolates were obtained by means of the radish-rape chromosome-addition series. The resistant chromosome-addition line BAZ/DD-20 is now used in plant breeding.

Medicinal and aromatic plants contribute to the human welfare by their therapeutic effects, by improving the flavour of our food and by their fragrance. In addition, the biological effects of the secondary metabolites of these species are investigated to open further fields of application, e. g. as natural preservative or plant protection product. The Institute of Horticultural Crops carries out complex breeding research on medicinal and aromatic plants with emphasis on the improvement of the content of essential compounds, technological suitability and the natural resistance to pests and diseases.

St. John's wort: As natural remedy with antidepressive activity St. John's wort (*Hypericum perforatum*) has attained since some years a leading place among the medicinal plants cultivated in Germany. After complex evaluation of more than 140 accessions lines with high content of the pharmacologically important compounds hypericine and hyperforine and with resistance against the St. John's wort wilt (*Colletotrichum gloeosporioides*) are being developed at present. The selection of obligate sexual types of the in general high-grade apomictic St. John's wort by flow cytometry allowed the performance of crossing experiments for the combination of aspired characteristics and for rapid genetic stabilisation by selection of apomictic progenies.

The cultivation of Bitter fennel (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *vulgare*) is severely endangered by the umbel disease *Mycosphaerella anethi*. Populations with significantly reduced susceptibility were selected as initial genetic material for the development of resistant lines after the evaluation of more than 200 accessions.

According to the increasing awareness of the consumers for the connection between nutrition and health, the goal will be pursued, to involve aspects of health, like ingredients, consistency and taste in the development of new breeding strategies. Both, vitamin content and other value-adding nutritive-physiological components like alcy-, benzyl- and indolylglucosinulates can play an important role. Beyond that an important main point of research remains the development of new resistance strategies for the integrated and organic horticulture. Under the criterion of an local adopted sustainable horticulture, increased tolerance against important pathogens and abiotic stress factors is an essential goal.

## **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 expressions. 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:

Die im Jahre 2000 und 2001 durchgeführten Evaluierungen zur Charakterisierung des Befallsverhaltens der *Sinapis*-Akzessionen aus der Genbank des IPK Gatersleben konnten mit einer Prüfung von 11 verbliebenen Herkünften abgeschlossen werden. An Akzessionen wurden insgesamt geprüft: 97 von *Sinapis alba* ssp. *alba*, 16 von *S. alba* ssp. *mairei*, drei von *S. alba* ssp. *buuvinii* und zwei von *S. alba* ssp. *dissecta*; darüber hinaus von *Sinapis arvensis* ssp. *arvensis* 21 und von *S. arvensis* var. *orientalis* sieben Akzessionen sowie von *S. arvensis* ssp. *nilotica* eine Herkunft. Die Amplitude des durchschnittlichen Befalls des gesamten Materials (KI-Werte; 0 befallsfrei, 9 hochanfällig) reichte von 4,3 (*Sinapis alba* ssp. *alba*) bis 6,3 (*S. arvensis* var. *orientalis* und ssp. *nilotica*). Die Reaktionen sind also als mäßig bis stärker anfällig zu bewerten. Völlig befallsfreie Herkünfte konnten nicht aufgefunden werden.

In diesem Anfälligkeitsbereich war (varianzanalytisch) bei im allgemeinen geringem Schwankungsbereich des Befallsverhaltens innerhalb der Akzessionen Heterogenität zwischen den infrataxonomischen Gruppen und Herkünften festzustellen. Das zeigte sich auch deutlich bei 27 ausgewählten Herkünften, die über alle drei Evaluierungsjahre im Frühjahr und im Herbst am gleichen Standort geprüft wurden, indem sich ein signifikanter saisonbedingter Einfluss auf die Befallsmanifestierung nachweisen ließ.

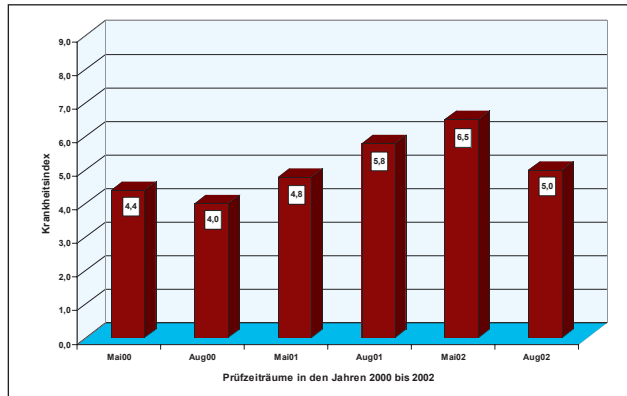


Abb. 1: Saisonabhängige Unterschiede im Anfälligkeitsverhalten von 27 ausgewählten *Sinapis alba*-Akzessionen gegenüber *Alternaria* im Freiland

Fig. 1: Seasonal differences in susceptibility reaction of 27 selected *Sinapis alba*-accessions to *Alternaria* in the field

Ein stressbedingter Einfluss auf den Befallsgrad war indessen nicht zu ermitteln, wenn im Vergleich zu normaler Aussaat im Freiland einige Serien zunächst über vier Wochen im Gewächshaus gehalten, dann ausgetopft und nachfolgend im Freiland ausgepflanzt wurden.

Einzelpflanzen mit KI-Werten von 0 - 1 traten verschiedentlich auf, erbrachten aber nach Selbstung Nachkommenschaften, die im Durchschnitt ähnlich reagierten wie die Herkünfte aus der sie selektiert worden waren. Daraus kann geschlussfolgert werden, dass die genetische Basis der verminderten Befallsreaktion bei allen geprüften *Sinapis*-Herkünften unzureichende Stabilität aufweist, die ihre praktische Nutzung als Resistenzdonoren als zweifelhaft erscheinen lässt.

Im Berichtszeitraum 2002 wurden auch erstmals 29 und 30 von der Genbank Gatersleben bereitgestellte Akzessionen von *Brassica juncea* bzw. *B. nigra*, die ebenfalls als potentielle *Alternaria*-Resistenzträger favorisiert werden, in die Prüfungen involviert. Die in der Frühjahrs- und Herbstprüfung ermittelten KI beliefen sich für *B. juncea* auf  $3,7 \pm 0,52$  bzw.

$4,6 \pm 0,59$  und für *B. nigra* auf  $4,5 \pm 0,48$  bzw.  $5,2 \pm 0,66$ . Beide Arten unterschieden sich nicht signifikant in ihrem Befallsverhalten untereinander sowie zu den untersuchten Senf-Herkünften. Das geprüfte Material zeigt saisonbedingte Befallsunterschiede an, die aber statistisch nicht zu sichern waren. Da Einzelpflanzen mit einem KI 0 - 2 bei

keiner der untersuchten Akzessionen beider Arten auftrafen, wurden keine Nachkommenschaften im Hinblick auf mögliche Selektionen resistenter Einzelpflanzen hergestellt. Somit deutet sich, wie bei den *Sinapis spec.*, auch bei *B. juncea*- und *B. nigra*-Herkünften an, dass umweltsowie (instabile) resistenzgenetische Verhältnisse im Wirt die Symptomexpression wesentlich beeinflussen. Weitere Untersuchungen zur Bestätigung dieser Annahme sind erforderlich.

#### Abstract:

After testing a rest of 11 accessions evaluations for characterizing resistance reactions in *Sinapis*-accessions provided by the genebank at Gatersleben have been finished. Altogether, following accessions were screened in the last three years: 97 of *Sinapis alba ssp. alba*, 16 of *S. alba ssp. mairei*, three of *S. alba ssp. buuvinii* and two of *S. alba ssp. dissecta*, furthermore, of *Sinapis arvensis ssp. arvensis* 21, of *S. arvensis var. orientalis* seven as well as of *S. arvensis ssp. nilotica* one introduction. Disease indices (DI; 0 without symptoms, 9 highly susceptible) ranged from 4.3 (*Sinapis alba ssp. alba*) to 6.3 (*S. arvensis var. orientalis*). Accessions without symptoms could not be detected. But whereas variation of symptom manifestation between single plants within the accessions was insignificant a remarkable heterogenicity was obvious between the infrataxonomic groups and accessions. This could be shown as in 27 selected introductions which were screened in each of the three years of evaluation a significant seasonal induced impact on the disease manifestation was obvious (see figure). A stress-induced effect on the symptom manifestation could not be shown when seedlings were grown above all four weeks in a greenhouse and than transplanted in the field in relation to those raised from seeds sown directly in the field. Single plants exhibiting a DI 0 - 2 could be selected at different times but after selfing resistance reaction exhibited by the parental plant could not be confirmed in the progenies. Therefore it may be concluded that the genetic basis conferring reduced susceptibility in the *Sinapis* introductions is instable indicating that their practical utility as resistance donors might be doubtful.

Since favored as other potential donors of *Alternaria* resistance, in 2002 also 29 and 30 accessions of *Brassica juncea* respectively *B. nigra* (obtained from the genebank at Gatersleben) were involved in the screenings. In the field tests carried out in the spring and autumn the mean DI for the *B. juncea*-accessions were  $3.7 \pm 0.52$  respectively  $4.6 \pm 0.59$  and for the *B. nigra*-accessions  $4.5 \pm 0.48$  respectively  $5.2 \pm 0.66$ . Both species did not differ significantly in their susceptibility response between each other as well as to the mustard-accessions tested in the last two years. As in the *Sinapis*-accessions, the tested material pointed at reactions caused by environmental influence. Since plants scoring DI 0 - 2 were not found there was no opportunity to test progenies with regard to selection of resistant single plants. Results indicate that also in the *B. juncea*- and *B. nigra* material the response to *Alternaria* seems to be directed by a complex of environmental and

genetical factors preformed in the host plant. Further studies are necessary to confirm this assumption.

In Zusammenarbeit mit Willner, E., IPK Gatersleben, Außenstelle Malchow

(BAZ-1142)

## 1.2 Vererbung der Kohlhernie (*Plasmodiophora*)-Resistenz ausgewählter Herkünfte von *Brassica oleracea*

**Inheritance of resistance to clubroot (*Plasmodiophora*) in selected accessions of *Brassica oleracea***  
Scholze, P.; Marthe, F.

Zielsetzung/Aim:

Das Projekt setzt sich zum Ziel, ausgewählte Resistenzträger von *Brassica oleracea* mit rezessiver/quantitativer Resistenz, insbesondere die der Kulturform *B. oleracea* var. *capitata* mit anfälligen Herkünften einschließlich leistungsfähiger Sorten zu kreuzen und den Vererbungsmodus in den F<sub>1</sub>-, F<sub>2</sub>- und Rückkreuzungsgenerationen vornehmlich mit einer Rassenmischung des Erregers zu bestimmen. Es wird angestrebt, Material zu selektieren, das sich, gegebenenfalls nach Einbeziehung weiterer Kombinationen, für die spätere Entwicklung von leistungsfähigen resistenten Linien eignet.

In this project, selected resistance donors of *Brassica oleracea* conferring recessive/quantitative resistance, especially those of the cultivated form var. *capitata*, will be crossed with susceptible accessions including high yielding varieties in order to ascertain the inheritance mode after testing F<sub>1</sub>-, F<sub>2</sub>- and BC-generations particularly by using a mixture of the pathogen races. The aim is to select material which, if necessary after further combinations with resistance donors, is suitable for producing resistant high yielding lines.

Ergebnisse:

Für die Weiterführung der in den Jahren 2000 und 2001 begonnenen Vererbungsanalysen standen 90 als phänotypisch resistente selektierte vernalisierte F<sub>1</sub>-Pflanzen aus Kombinationen zwischen fünf leistungsfähigen Kopfkohl-sorten mit rezessiver/quantitativer Resistenz sowie, ebenfalls vernalisiert, die Resistenzträger Böhmerwaldkohl, 'Bindsachsener' (beide aus der Genbank Braunschweig) sowie eine Grünkohl-Herkunft (Genbank Gatersleben) zur Verfügung. Dieses Material wurde kombiniert mit der Zielstellung, die Resistenz der genannten Donoren in die F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften zu übertragen. Es ergaben sich genotypenabhängig sehr differenzierte Übertragungserfolge. Kombinationen mit Böhmerwaldkohl (Vererbungsmodus bislang nicht sicher geklärt) erbrachten Nachkommenschaften mit dem höchsten Anteil resistenter Einzelpflanzen. Am günstigsten waren Kreuzungspartner aus Kombinationen mit 104r (Selektion einer resistenten Einzelpflanze aus der Weißkohl-Herkunft CGN 7054, Genbank Wageningen) zu bewerten: bei Kreuzung von Einzelpflanzen-Nachkommen aus den Kombinationen (104r x 'Disco-

ver'), (104r x 'Kalorama') und (104r x 'Erdeno') jeweils mit Böhmerwaldkohl spalteten alle Nachkommenschaften 1 (resistent) : 2 (anfällig), 1 : 1 und 1 : 2 respektive 1 : 1, 1 : 2 und, einmal, 1 : 12. Als Resistenzdonoren erwiesen sich der Grünkohl BRA 1491 ebenso wie die Landsorte 'Bindsachsener' als weniger gut geeignet. Das traf auch zu, wenn resistente F<sub>2</sub>-Pflanzen untereinander oder mit Genotypen, die aus F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften stammten, die in einem engen Verhältnis (1 : 2; 1 : 3) spalten, gekreuzt wurden.

In einem weiteren Kreuzungszyklus wurde Böhmerwaldkohl mit einer anfälligen Form von Filderkraut gekreuzt und bis zur F<sub>2</sub>-Generation geführt. Die Nachkommenschaften spalteten im Verhältnis 1 (resistent) : 2 (anfällig) und 1 : 3, die F<sub>2</sub>-Generation aus der Kombination Böhmerwaldkohl x Böhmerwaldkohl spaltete im Verhältnis 2 : 1 und 1 : 1. Von dem resistenten Grünkohl BRA 1491 wurden resistente Nachkommen untereinander kombiniert. Je nach verwendetem Genotyp ergaben sich in der F<sub>2</sub>-Generation Spaltungsverhältnisse von 1 : 1, 2 : 1, 3 : 1, 6 : 1 und 9 : 1.

Aus beiden Kreuzungszyklen wurden 150 phänotypisch als resistent erscheinende Einzelpflanzen selektiert und in die Vernalisation überführt. Nach der Selbstung des Materials sollen sich umfangreiche Prüfungen von Einzelpflanzen-Nachkommenschaft anschließen mit dem Ziel, Ausgangsmaterial für die Entwicklung von Linien mit stabilerer Resistenz zu gewinnen.

Abstract:

Ninety vernalized phenotypically resistant F<sub>1</sub>-plants from combinations between five high-yielding varieties of cabbage showing recessive/quantitative resistance and, also vernalized, the resistance donors Böhmerwaldkohl F 35897, the land variety 'Bindsachsener' (both from the genebank at Brunswick) and the kale BRA 1491 (genebank at Gatersleben) were available in order to continue genetic analyses started in 2000 and 2001. This material was combined with the aim to transfer donors' resistance into the F<sub>1</sub>-progenies. Success in transferring subjected to the genotypes used for crossing. Combinations with Böhmerwaldkohl (genetic basis of resistance not clear) resulted in progenies containing the highest proportion of resistant single plants. The most effective crossing partners came from combinations that included the accession 104r (resistant single plant selection from the cabbage-accession CGN 7054, genebank at Wageningen): in crossings of single plant-progenies from (104r x cv. 'Discover'), (104r x cv. 'Kalorama') and (104r x cv. 'Erdeno') in each case with Böhmerwaldkohl all progenies segregated 1 (resistant) : 2 (susceptible), 1 : 1 and 1 : 2 respectively 1 : 1, 1 : 2 and, only in one case, 1 : 12. On the other hand, the kale BRA 1491 as well as 'Bindsachsener' were only little effective. This was also suitable when resistant F<sub>2</sub>-plants were crossed among one another or with genotypes which came from F<sub>2</sub>-progenies that showed a narrow segregation rate (1r : 2s; 1 : 3).



In a further cycle, Böhmerwaldkohl was crossed with a susceptible introduction of Filderkraut. The F<sub>2</sub>-progenies segregated 1r : 2s and 1 : 3 and the F<sub>2</sub>/I<sub>2</sub>-progenies of the combination Böhmerwaldkohl x Böhmerwaldkohl segregated 2r : 1s and 1 : 1.

Furthermore, resistant descendants of the resistant kale BRA 1491 have been crossed. According to the genotypes used the segregation of the F<sub>2</sub>-progenies was 1r : 1s, 2 : 1, 3 : 1, 6 : 1 and 9 : 1.

In all crossing cycles carried out 150 single plants showing phenotypically resistant were selected and transmitted to vernalization. After selfing extensive tests of single plant progenies will be performed with the aim to select material as a precondition for developing lines with more stable resistance.

In Zusammenarbeit mit: GZG Marne, Löptien, H.

(BAZ-1141)

### 1.3 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 Basismaterial bei *Brassica* mit Resistenz gegen das Kohlschwarzringflecken-Virus (*Turnip mosaic virus*, TuMV). 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 und gentechnische Methoden.

The development of basic material in *Brassica* with resistance to *turnip mosaic potyvirus* (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 conventionally and genetic engineering.

#### Ergebnisse:

Die Entwicklung von Linien in *Brassica-oleracea*-Herkünften mit Resistenz gegen das hoch virulente TuMV-Isolat 2 wurde unter Freilandbedingungen nach mechanischer Inokulation fortgesetzt. In der griechischen Landsorte '3520' konnten 4 homozygot resistente I<sub>7</sub>-Linien (DAS-ELISA negativ, Infektionsrate 0 %) und 5 anfällige I<sub>7</sub>-Linien (DAS-ELISA positiv, Infektionsrate 100 %) etabliert werden. Die Pflanzen der resistenten Linien waren symptomfrei, die der anfälligen Linien zeigten dagegen ausgeprägte Wuchsdepressionen und wiesen systemische Chlorosen oder Mosaiksymptome auf.

Daneben wurde unter vergleichbaren Bedingungen in zwei *B. oleracea*-Primitivformen (A 138 und A 141) auf Resistenz gegen einen Mix aus 5 TuMV-Isolaten (3 Pathotypen) selektiert. Im Ergebnis der wiederholten Einzelpflanzenselektion (mechanische Inokulation) konnten insgesamt 7 homozygote I<sub>5</sub>-Linien mit Resistenz (Pflanzen symptomlos, DAS-ELISA negativ, Infektionsrate 0 %) gegen die TuMV-Pathotypen 1, 4 und 6 etabliert werden.



Abb. 1: Homozygote Linien (I<sub>5</sub>) von *Brassica-oleracea*-Primitivformen mit Resistenz gegen die TuMV-Pathotypen 1, 4 und 6

Fig. 1: Homozygous lines (I<sub>5</sub>) of *B. oleracea* primitive forms with resistance to the TuMV pathotypes 1, 4 and 6

Zur Verifizierung der nach mechanischer Virusinokulation selektierten TuMV-Resistenz in den etablierten Linien erfolgte ein wiederholter Parallelanbau unter natürlichem Befallsdruck am BAZ-Standort Aschersleben. Die ausgewählten resistenten Linien der Landsorte (2 Linien) und der Primitivformen (4 Linien) zeigten übereinstimmende Resistenzreaktionen. Insgesamt blieben 5 von 6 Linien auch bei TuMV-Übertragung durch Aphiden befallsfrei (DAS-ELISA negativ, Infektionsrate 0 %). Dagegen lagen in der TuMV-anfälligen Linie (Landsorte) die Infektionsraten nach mechanischer Inokulation bei 100 % und nach Aphidenübertragung bei 33,3 %. Die Anfälligkeitsstandards Chinakohl 'Asko' und Weißkohl 'Krautman' wurden zu 96,3 % bzw. zu 15,6 % durch Aphiden mit TuMV infiziert. Die Befallsfreiheit in den resistenten Linien zeigt, trotz eines vergleichsweise geringen Infektionsdruckes, die Stabilität der TuMV-Resistenz in den entwickelten Linien.

Zur Beurteilung des Resistenzstatus von selektierten Einzelpflanzen aus den Feldversuchen, wurden diese zerlegt und die Virusverteilung innerhalb der Pflanzen mittels DAS-ELISA und IC-RT-PCR untersucht. In getestetem anfälligem Grünkohl konnte das TuMV 183 Tage nach der Inokulation mit beiden Methoden in der gesamten Pflanze nachgewiesen werden. Demgegenüber waren als resistent bewertete Pflanzen der Landsorte '3520' 188 Tage nach der Inokulation völlig virusfrei.

Die Resistenz in den *B. oleracea*-Linien ist in Abhängigkeit vom TuMV-Pathotyp offensichtlich auf eine Hemmung der Virusausbreitung in den Pflanzen zurückzuführen.

ren. Während sich im anfälligen Weißkohl 'Krautman' die TuMV-Isolate 2, 17 und 24 systemisch ausbreiteten (28 dpi, DAS-ELISA), blieb in den resistenten Linien das TuMV lokal auf die inokulierten Blätter begrenzt. In einigen Linien konnte im DAS-ELISA auch in den inokulierten Blättern kein TuMV nachgewiesen werden (Abb.2).

Neben dem konventionellen Ansatz zur Verbesserung der TuMV-Resistenz von *Brassica oleracea* wird die Protoplastenfusionstechnik zum Transfer von TuMV-Resistenz aus *Raphanus sativus* genutzt. Die sexuell erzeugten

Nachkommen (F<sub>3</sub>) dieser Hybriden wurden gegen das hoch virulente TuMV-Isolat 2 getestet. In TuMV-resistenten somatischen Hybriden war eine Hemmung der Virusausbreitung deutlich ausgeprägt. Ähnlich dem Resistenzdonor *Raphanus sativus*, zeigten auch die somatischen *Raphanobrassica*-Hybriden nur lokale Virusinfektionen (DAS-ELISA). Das TuMV-Isolat 2 blieb hier meist auf die inokulierten Blätter begrenzt (Tab. 1). Bei den TuMV-anfälligen Hybriden hingegen waren die Pflanzen systemisch infiziert (Tab. 1).

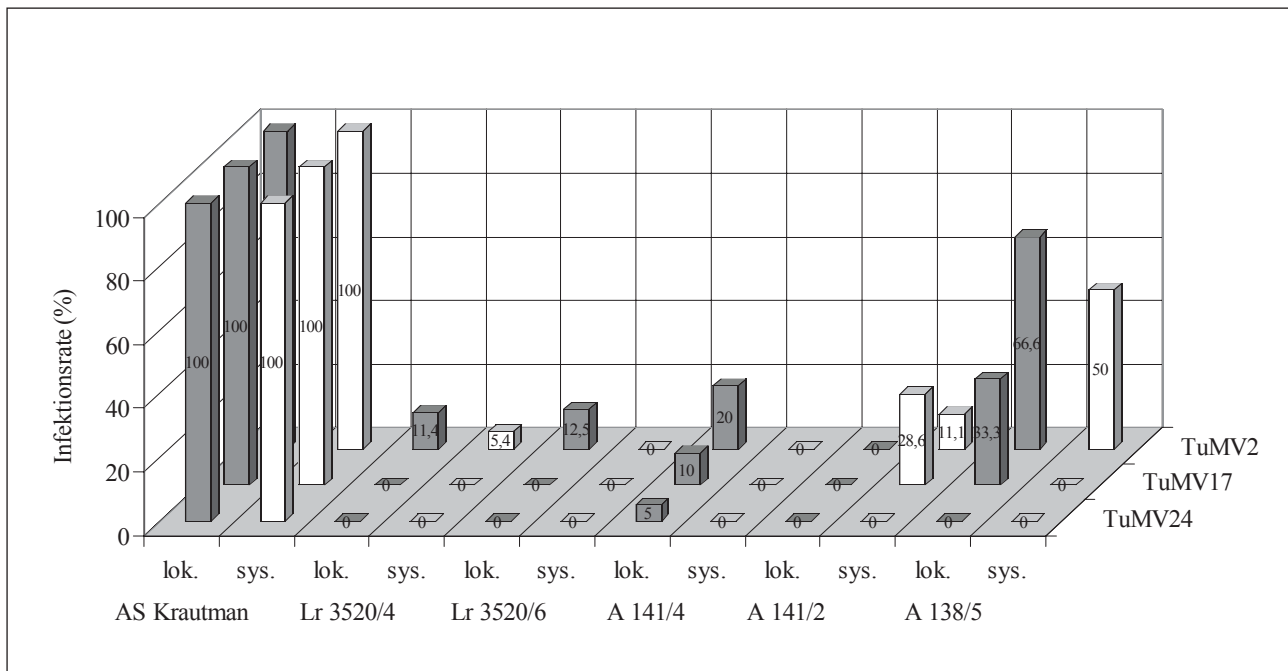


Abb. 2: Infektionsraten in *Brassica-oleracea*-Linien nach mechanischer Inokulation mit 3 TuMV-Isolaten (3 Pathotypen). Die Blätter wurden im DAS-ELISA getrennt nach inokulierten Blättern (TuMV lokal) und Folgeblättern (TuMV systemisch) getestet. AS 'Krautman': Anfälligkeitsstandard Weißkohl; Lr '3520/4' und Lr '3520/6': I7-Linien der Weißkohl-Landsorte '3520'; A 141/4, A 141/2 und A 138/5: I<sub>5</sub>-Linien der *B. oleracea*-Primitivformen

Fig. 2: Infection rates in lines of *Brassica oleracea* after mechanical inoculation with 3 TuMV isolates (3 pathotypes). The leaves were screened in DAS-ELISA, separated into inoculated leaves (TuMV local) and following leaves (TuMV systemic spread). AS 'Krautman': susceptible standard white cabbage; Lr '3520/4' and Lr '3520/6': I7 lines of the white cabbage landrace '3520'; A 141/4, A 141/2 and A 138/5: I<sub>5</sub>-lines of *B. oleracea* primitive forms

Tab. 1: Resistenz gegen das TuMV-Isolat 2 in sexuell erzeugten F<sub>3</sub>-Nachkommen von somatischen Hybriden unterschiedlicher Arten der *Brassicaceae*

Table 1: Resistance to TuMV isolate 2 in progenies (F<sub>3</sub>) of somatic hybrids between different species of *Brassicaceae*

Interspezifische somatische Hybride unterschiedlicher <i>Brassicaceae</i> -Arten		Anzahl Klone von F <sub>3</sub> – Nachkommen				
var.	Fusions-Nr.	Gesamt <sup>1)</sup>	TuMV lokal <sup>2)</sup>		TuMV systemisch <sup>3)</sup>	
		absolut	abs.	[%]	abs.	[%]
<i>botrytis</i> (+) <i>B. nigra</i>	PF 42	2	2	100	2	100
<i>capitata</i> (+) <i>B. carinata</i>	PF 60	3	3	100	3	100
<i>capitata</i> (+) <i>Raphanus sativus</i> 20/9/2	PF 137	32	32	100	5	15,6
<i>capitata</i> (+) PF 137/76 (Rückfusion)	PF 155	14	14	100	1	7,1
<i>capitata</i> (+) PF 137/76 (Rückfusion)	PF 156	7	6	85,7	2	28,6

1) je Klon 3-4 Einzelpflanzen, 2) TuMV lokal in inokulierten Blättern, 3) TuMV systemisch in der gesamten Pflanze

Abstract:

The selection program in *Brassica oleracea* accessions (landrace, primitive forms) was continued for developing homozygous lines with resistance to different *Turnip mosaic virus* (TuMV) pathotypes.

In the white cabbage landrace '3520' five homozygous lines ( $I_7$ ) with resistance (infection rate 0 %) to TuMV isolate 2 were developed under field conditions. In addition, five lines were selected with high susceptibility (infection rate 100 %). From two *B. oleracea* primitive forms A 138 and A 141 seven homozygous lines ( $I_3$ ) with resistance to a mixture of 5 TuMV isolates (3 pathotypes) were developed (Fig. 1). The plants of resistant lines showed no systemic disease symptoms and gave negative reaction in DAS-ELISA. The stability of the resistance in selected lines could be confirmed by aphid transmission of TuMV in the field. In most of the resistant lines and in the somatic *Raphanobrassica* hybrids virus movement seems to be restricted to inoculated leaves. In contrast in susceptible plants TuMV is spread systemic (Tab. 1 and Fig. 2).

Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik, Aschersleben, Schubert, J.; Rabenstein, F.; HRI Wellesbourne, Großbritannien, Jenner, C.; GZG Marne, Lößtten, H.

(BAZ-1156)

#### 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:

Der Test auf Resistenz gegenüber *S. petroselini* wurde im Freiland unter natürlichen Befallsbedingungen angelegt. Es waren 29 Herkünfte in den Versuch einbezogen, von denen 11 erstmalig geprüft wurden. Der erste Befall durch *S. petroselini* trat ungewöhnlich spät am 3. September ein. Der Versuch wurde zu fünf Zeitpunkten auf *Septoria*-Befall bonitiert und zwei mal geerntet. Aus diesen Ernten wurde das Material für die Analysen der ätherischen Blattöle gewonnen.

Bereits eine Woche nach dem ersten Auftreten von *S. petroselini* war die Entwicklung des Erregers im Bestand soweit vorangeschritten, dass der anfällige Standard mittleren bis sehr starken Befall aufwies. Dieser Befallsdruck führte zu einer Differenzierung zwischen Herkünften mit voller bzw. verminderter Anfälligkeit. Die nächste Bonitur erfolgte fünf Wochen später. Für alle Herkünfte zeigte sich zu diesem Zeitpunkt eine geringere Befallsintensität, die für Herkünfte mit verminderter Anfälligkeit, wie für die voll anfällige Kontrolle zu einem weniger stark geschädigten dritten Aufwuchs führte. Die fünfte und letzte Bonitur erfolgte am dritten Aufwuchs fünf Wochen später Mitte November. Zu diesem Zeitpunkt wiesen alle Herkünfte mindestens mittleren und viele Herkünfte sehr starken Befall auf. Auch auf diesem hohen Befallsniveau war jedoch eine Differenzierung zwischen den Herkünften möglich. Die in der vorangegangenen Bonitur bereits durch geringeren Befall oder Befallsfreiheit hervorgetretenen Herkünfte zeigten auch jetzt geringeren Befall als die anfällige Kontrolle (Abb. 1). Auch einige der neu in die Prüfung aufgenommenen Herkünfte erwiesen sich über lange Zeit als befallsfrei und zeigten einen verzögerten Befallsbeginn sowie eine geringere Befallsintensität.

Zu zwei Zeitpunkten (zwei Wochen nach der zweiten Bonitur am und drei Tage nach der dritten Bonitur) wurde die Petersilie geschnitten und das Laub getrocknet. Diese Proben werden auf Gehalt, Zusammensetzung und für die optisch aktiven Substanzen  $\alpha$ -Pinen und Limonen auf das Enantiomerverhältnis des ätherischen Blattöles analysiert, um einen möglichen Zusammenhang mit der Resistenz zu erkennen und beschreiben zu können.

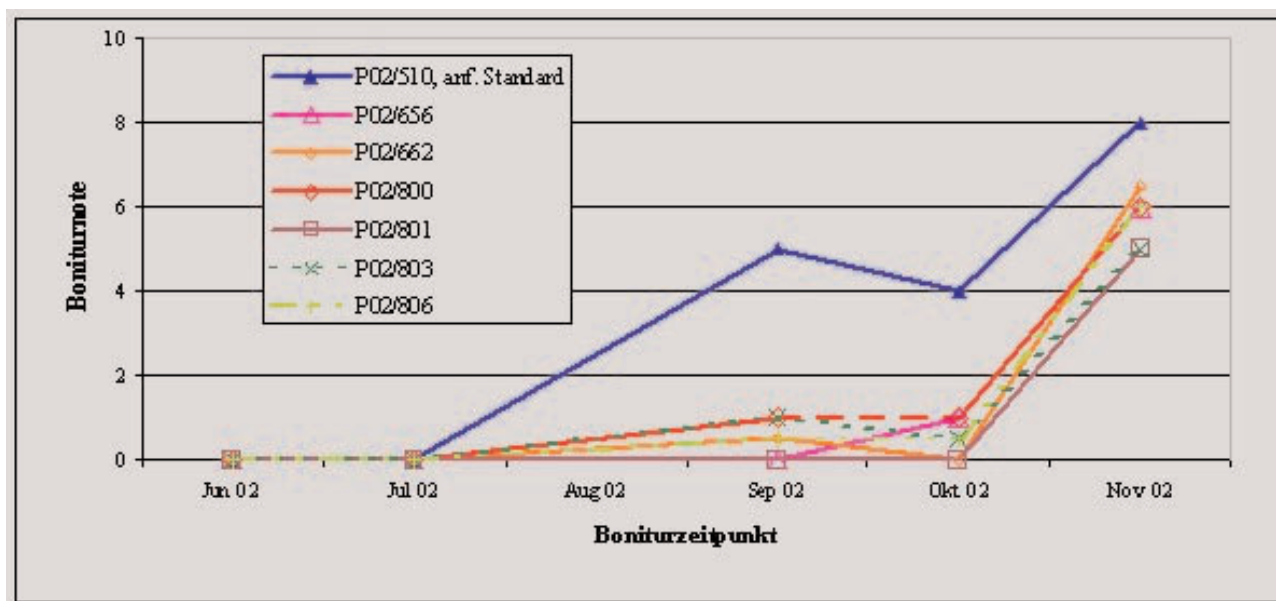


Abb. 1: Befallsverlauf von *Septoria petroselini* an Petersilie (*Petroselinum crispum*) im Versuchsjahr 2002 am Standort Quedlinburg

Fig. 1: disease progression of *Septoria petroselini* on parsley (*Petroselinum crispum*) in 2002 at experimental station Quedlinburg

#### Abstract:

The test for resistance to *Septoria petroselini* the most common disease on parsley was carried out under natural infection on 29 accessions. The extent of disease was assessed by scoring entire plots on five occasions in 2002. Some accessions showed slower and not so heavy infection in relation to the fully susceptible line as type of resistance. The leaves were harvested and dried two times per year to analyse the essential oils and the relation to resistance.

(BAZ1159)

#### 1.5 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)**

Partner3: Nothnagel T.; Frese L.

#### Zielstellung/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](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](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.

#### Ergebnisse:

Erhaltung, Regeneration und Charakterisierung (L. Frese, BAZ-Genbank)

Für Evaluierungsarbeiten der Projektpartner erzeugte die Genbank im Jahr 2002 aus insgesamt 12 Mustern Saatgut. Zweiundzwanzig Herkünfte sowie 3 Standardsorten wurden im Freiland angebaut und mit Hilfe 17 verschiedener Merkmale charakterisiert. Eine besonders große Variation zeigten die Merkmale Prozent Platzer (8,6 - 45,8 %), Wurzelgewicht (71 - 149 g), Wurzellänge (5,1 - 17,8 cm) und Wurzeldurchmesser (28 - 45 mm). Form- und Farbmerkmale der Herkünfte wurden bonitiert und auch photographisch dokumentiert (Abb.1). Hinsichtlich der Wurzelfarbe und Farbintensität zeigte das Sortiment eine geringe Variation. Deutlich verschieden in Form (lang und spitz zulaufend) und Farbe (Hinweis auf hohen Carotiningehalt)

war die Sorte 'Bauers Kieler Rote' (DAU 069), die W. Bauer um das Jahr 1954 selektierte. Die Erhaltungszüchtung dieser Sorte betrieb die Firma Luhn GmbH bis ca. 1996. 'Bauers Kieler Rote' wurde als Geniteur für hohe Trockensubstanz- und Carotingehalte auch von anderen Züchtern verwendet und diente als Standard in Sortenprüfungen entsprechend den Richtlinien für die Durchführung der Prüfung auf Unterscheidbarkeit, Homogenität und Beständigkeit (UPOV). Diese alte Sorte wird weder im ökologischen Anbau (<http://www.organicxseeds.com/de/db/speed.phtml>) noch von der konventionellen Pflanzenzüchtung erhalten. Sie befindet sich nur noch in Genbanksammlungen.



Abb. 1: Beispiele für Form- und Farbunterschiede im Sortiment.

- 1= BGRC46585 (Nantskaja Gorijskaja),
- 2= DAU 174 (Carioca),
- 3= DAU 069 (Bauers Kieler Rote) und
- 4= DAU 139 (Fanal).

Prefix BGRC - Material der BAZ Genbank, Prefix DAU - Material der IPK Genbank

Fig. 1: Shape and colour variation within the collection.

- 1= BGRC46585 (Nantskaja Gorijskaja),
- 2= DAU 174 (Carioca),
- 3= DAU 069 (Bauers Kieler Rote) und
- 4= DAU 139 (Fanal).

Prefix BGRC - material of BAZ genebank, prefix DAU - material of IPK genebank

Evaluierung von *Daucus* Akzessionen auf Resistenz gegen *Alternaria dauci* (T. Nothnagel/P. Scholze, BAZ-GK)

Schwerpunkt der Arbeiten war die Evaluierung von weiteren 100 Akzessionen auf Resistenz gegen *Alternaria dauci*. Das Saatgut wurde durch die Projektpartner des HRI in Wellesbourne (60 Akz.) und der Nordic Gene Bank (20 Akz.) zur Verfügung gestellt. 20 Akzessionen stammten aus der BAZ-Genbank Braunschweig. Die Evaluierung erfolgte in einem vierfach wiederholten Labortest und einem Semi-Feldtest analog zum Jahr 2001. Wie im Vorjahr wurde für die Inokulationen ein 50:50 Gemisch aus den Isolat 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 drei bisher auswertbaren Testserien konnten keine Pflanzen selektiert werden, bei denen die Blattsegmente nach Inokulation und neuntägiger Inkubationszeit symptomfrei waren. Allerdings zeigte eine große Zahl Pflanzen nur sehr schwache Symptome. Bisher wurden 4 Akzessionen als ‚resistent‘, 57 Akzessionen als ‚tolerant‘ und 44 Akzessionen als ‚moderat tolerant‘ klassifiziert. (Abb. 2).

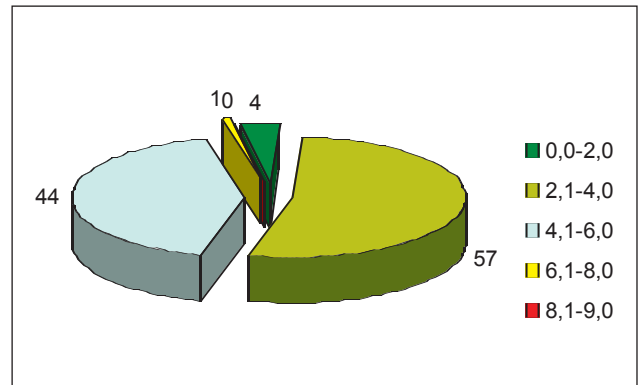


Abb. 2: Resistenzevaluierung von *Daucus*-Akzessionen gegen *Alternaria dauci* im Labortest 2002 (0-resistent, 9-hoch anfällig)

Fig. 2: Resistance evaluation of *Daucus* accessions against *Alternaria dauci* with the laboratory test 2002 (0-resistant, 9-highly susceptible)

Semi-Feldtest:

Generell konnte eine sehr starke Variation innerhalb und zwischen den Akzessionen festgestellt werden. Im Vergleich zu den Labortests war eine wesentlich stärkere Ausprägung von Krankheitssymptome zu beobachten. Typische *Alternaria*-Symptome wurden teilweise stark durch Sekundärinfektionen, vermutlich durch *Plasmopara*, *Cercospora* oder *Erwinia*, überdeckt. Die Selektion symptomfreie Pflanzen gelang bislang nicht. Im Vergleich der Akzessionsmittel konnte keine der Akzessionen als ‚resistent‘ oder ‚tolerant‘ klassifiziert werden. Lediglich 19 Akzessionen wurden als ‚moderat tolerant‘ (4,1-6,0) eingestuft, dagegen 39 Akzessionen als ‚stark anfällig‘ (Abb. 3).

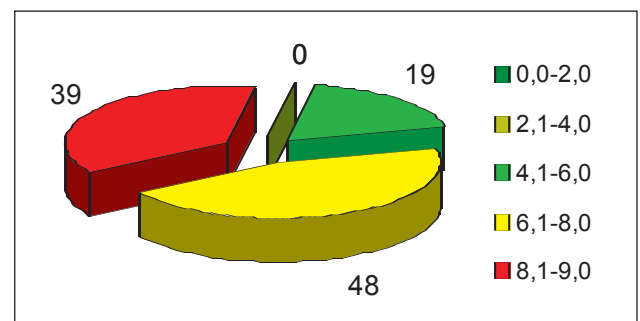


Abb. 3: Resistenzevaluierung von *Daucus*-Akzessionen gegen *Alternaria dauci* im Semi-Feldtest 2002 (0-resistent, 9-hoch anfällig)

Fig. 3: Resistance evaluation of *Daucus* accessions against *Alternaria dauci* in the semi-field test 2002 (0-resistant, 9-highly susceptible)

Detaillierte epidemiologische Auswertungen, Vergleiche zwischen Labor- und Semi-Feldtest und statistische Verrechnungen stehen noch aus. Für 2003 ist eine weitere Resistenzevaluierung geplant. Dabei sollen die jeweils 30 besten Akzessionen beider Versuchsjahre gemeinsam mit den 30 besten Akzessionen des Projektpartners in Angers (F) geprüft werden.

Abstract:

The BAZ Gene Bank produced seeds on 12 accessions in 2002. Seventeen plant traits were scored, counted or measured to characterise 25 accessions. Standardized photos were taken of the leaves, entire roots and the longitudinal root sections. Only little variation was detected with respect to colour characters while there was more variation in shape and yield traits.

The work programme focussed on the evaluation of further 100 accessions in parallel laboratory and semi-field tests in 2002. A large variation of disease severity was observed between and partially within the accession in both tests. The expression of the *Alternaria* symptoms were more stronger in the semi-field test but partially covered by secondary infections of *Plasmopara*, *Cercospora* or *Erwinia*. Accessions showed complete resistance were not observed. While two accessions were classified as 'resistant' and 57 as 'tolerant' in the laboratory test, we were able to detect in the semi-field test only 19 as 'moderate tolerant' but 39 accessions as 'highly susceptible'. Detailed epidemiological and statistical analyses are in progress. The thirty best accessions of both years will be evaluated together with the thirty best accessions of the partner in Angers (F) in 2003.

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., Università 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)

## 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.; Ahmed, M. A.

Zielsetzung/Aim:

Die Gattung *Raphanus* stellt ein wichtiges Genreservoir für Resistenz- und Qualitätsmerkmale bei Brassicaceen dar. So ist die Resistenz von Ölrettich gegen den Rüben-

zystennematoden, *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:

Es wurde die komplette Serie disomer Additionen der 9 Rettich-Chromosomen an *Brassica napus* 'Madora' hergestellt. Damit ist es möglich geworden, die chromosomale Lage von Genen für züchterisch interessante Eigenschaften des Rettichs zu bestimmen. Zugleich stellen Additionslinien ein effizientes Werkzeug für die gerichtete Übertragung von gewünschten Eigenschaften aus Rettich in *Brassica*-Arten dar. Die Additionslinien lassen sich generativ durch Selbstung reproduzieren. Sie weisen untereinander deutliche Unterschiede in den Merkmalen Tausendkornmasse und Kornzahl/Schote auf. Einige Linien unterscheiden sich nicht signifikant von der Ausgangssorte 'Madora'. Neben der Reproduktivität war es wichtig, die genetische Stabilität der einzelnen Linien nach einem Vermehrungszyklus zu charakterisieren.

Zusätzlich zur Analyse der Nematodenresistenz begann ein Programm zur Evaluierung der Linien für weitere Resistenz- und Qualitätseigenschaften aus Rettich mit den Merkmalen Glucosinolatgehalt und -spektrum, Fettsäurezusammensetzung sowie Reaktion auf *Turnip yellows virus* (TuYV). Untersuchungen in der Nachkommenschaft der Kreuzung monosome Addition G x *Brassica napus* ergaben, dass das Rettich-Chromosom G das genetische Material für die Synthese *Raphanus*-spezifischer aliphatischer Glucosinolattypen des Samens trägt. Das Rettich-Chromosom D, addiert zu *Brassica napus*, verdoppelt den Gesamtglucosinolatgehalt im Samen. Der Vergleich der Fettsäurezusammensetzung der 9 disomen Additionslinien und der Eltern genotypen von *Raphanus sativus* (erucasäurereich) und *Brassica napus* (erucasäurefrei) zeigte, dass sich genetische Information für die Erucasäure-Synthese (C22:1) auf Rettich-Chromosom B befindet. Alle übrigen Additionslinien waren wie die Empfängersorte 'Madora' erucasäurefrei.

Für Gemüsekohl ist die Resistenz gegenüber Kohlhernie und TuMV in den Rettich-Spendergenotypen der Additionslinien von züchterischem Interesse. Die Experimente zur Übertragung von Rettich-Chromosomen auf Gemüsekohl begannen mit der Kreuzung zwischen allotetraploiden *Raphanobrassica*-Bastarden ( $4x = 36$ , RRCC) und di-

ploidem Kohl (CC). Nach Embryokultur entstanden mehrere triploide RCC-Bastarde. Es wurde versucht, eine weitere Kreuzung mit Kohl vorzunehmen. Auf Grund der hohen Inkompatibilität des erzeugten Materials erwies sich dieser Weg als nicht aussichtsreich. Deshalb soll ein neues Kombinationsschema unter Verwendung der disomen Rettich-Raps-Additionen verfolgt werden.

Die nematodenresistente Additionslinie BAZ/DD-20 besitzt ein Paar des Rettich-Chromosoms D. Bei Inokulation mit L<sub>2</sub>-Larven unter kontrollierten Bedingungen führt die Anwesenheit von Chromosom D in *Brassica napus* zu einer stark reduzierten Zystenbildung. Es ist daher zu erwarten, dass auch bei Feldanbau der nematodenresistenten Rapsform die Populationsdichte von *Heterodera schachtii* in stark infizierten Böden im Vergleich zum Anbau anfälliger Formen reduziert wird. Dazu konnten in Zusammenarbeit mit dem Institut für Wirbeltierkunde und Nematologie der BBA, Außenstelle Elsdorf, zwei Parzellenversuche angelegt werden.

Außerdem wurde die Linie BAZ/DD-20 bezüglich solcher genetische Eigenschaften charakterisiert, welche relevant für ihre Verwendung in Zuchtprogrammen sind (Übertragbarkeit des zusätzlichen Chromosoms, Chancen für Rekombination). Die zytologische Analyse ergab, dass die Meiose disomer DD-Additionen weitgehend ungestört verläuft (Abb. 1), so dass eine stabile Übertragung dieses Rettich-Chromosoms über die generativen Zellen zu er-

warten war. Die genetische Stabilität der disomen Addition DD ließ sich mit Hilfe reziproker Kreuzungen der Linie mit Raps ermitteln. In den Nachkommenschaften wurde anhand der Häufigkeit von Pflanzen mit molekularen Markern, die spezifisch für Rettich-Chromosom D sind, die Transmissionsrate gemessen. Auf der weiblichen Seite betrug die Transmissionsrate für das Chromosom D 97,9 % und auf der männlichen Seite 99,9 %. Nach Selbstung der Linie BAZ/DD-20 sind demnach wieder 97,9 % disome DD-Nachkommen zu erwarten. Die erwartete phänotypische Stabilität der Nematodenresistenz in der Selbstungsnachkommenschaft disomer Additionen beträgt auf Grund der vollen Wirksamkeit des monosomen Zustandes sogar 99,9 %. Das Resistenzniveau entspricht dem der Ölrettichsorte 'Pegletta'. Die Additionslinie DD unterscheidet sich in Bezug auf Tausendkornmasse und Kornzahl je Schote nicht wesentlich von der Empfängersorte 'Madora'.

Um die Chancen für eine Übertragung der Nematodenresistenz in andere *Brassica*-Arten auf dem Wege der intra-chromosomalen Rekombination zwischen homöologen Chromosomen zu bestimmen, wurden Meiosestudien an Pollenmutterzellen von monosomen Rettich-Raps-Additionen (Chromosom D) durchgeführt. Das häufige Auftreten von end-to-end- und Zentromer-Assoziationen in der Diakinese von PMCs monosomer Additionen (Abb. 2) belegte, dass Rekombinationsereignisse zwischen dem Rettich-Chromosom und Chromosomen des A- bzw. C-Genoms möglich sind.

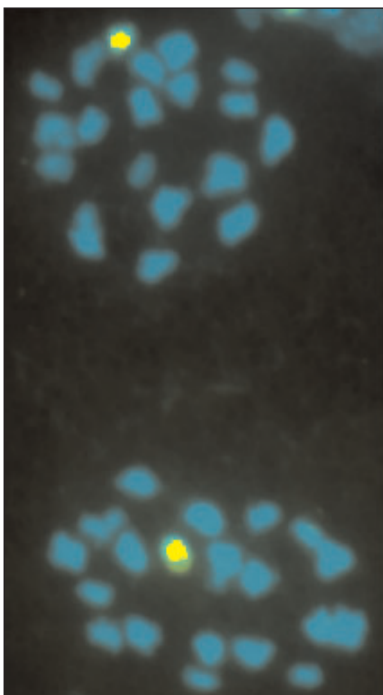


Abb. 1: Regelmäßige Verteilung der Rettich-Chromosomen (gelb) in der Anaphase I der Meiose der disomen Additionslinie BAZ/DD-20

Fig. 1: Regular distribution of radish chromosomes (yellow) at anaphase I of meiosis in the disomic addition line BAZ/DD-20

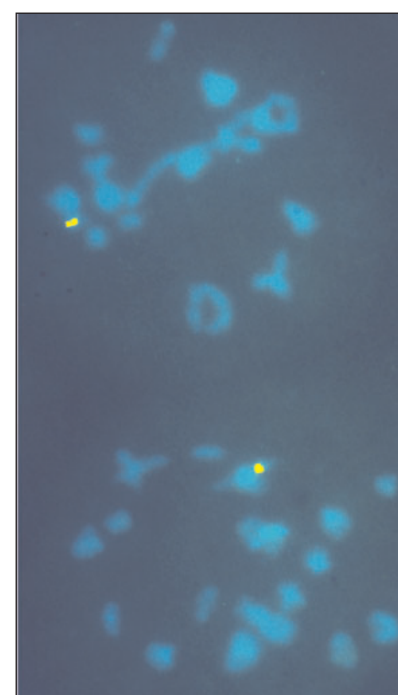


Abb. 2: Hinweis auf meiotische Paarung zwischen dem *Raphanus*-Univalent und einem *Brassica*-Bivalent in Pollenmutterzellen der monosomen Addition D

Fig. 2: Evidence for meiotic pairing between the *Raphanus* univalent and a *Brassica* bivalent in PMCs of monosomic addition D

Ein weiteres Experiment hatte daher das Ziel, durch Auslösung von Rekombination zwischen dem Rettich-Chromosom D und dem homöologen Chromosom des C-Genoms die Nematodenresistenz auf Raps zu übertragen. Dazu erfolgte eine Kreuzung einer allohexaploiden Bastard-Form AACCCC mit der monosomen Addition D bei anschließender Selektion in der Nachkommenschaft auf pentaploide AACCC-Pflanzen, welche das addierte Rettich-Chromosom D erhielten. Diese Selektion stützte sich auf die Verwendung der D-chromosomspezifischen Marker. Die genetische Konstitution der selektierten Pflanzen mit gleichzeitiger Univalenz eines C-Genoms und des addierten Chromosoms wurde als aussichtsreich für eine Homöologenrekombination in der Meiose angesehen. Nach einer weiteren Kreuzung von AACCC-Pflanzen mit dem addierten Rettich-Chromosom D und Raps, sollte die darauffolgende molekulare Untersuchung der Nachkommenschaft Aufschluss über entstandene Rekombinanten ergeben. Eine zytologische Rekombinantenanalyse war sowohl wegen der begrenzten Auflösbarkeit bezüglich des Karyotyps als auch des Umfangs der Untersuchungen nicht erfolgversprechend. Die molekularen Analysen umfassten 761 Pflanzen mit je 10 D-chromosom-spezifischen Markern. Die Ergebnisse zeigen, dass die 602 Pflanzen ohne einen D-Marker kein D-Chromosom enthielten, während 158 Pflanzen mit allen 10 Markern das Chromosom D noch komplett besaßen. Eine Rekombination lag bei einer Pflanze vor, die von den zehn geprüften nur noch einen D-Marker zeigte.

Für die markergestützte Selektion auf Nematodenresistenz in Zuchtprogrammen sind Marker erforderlich, die nicht nur für das kritische Rettich-Chromosom D spezifisch sind, sondern zusätzlich auch eng mit dem Resistenzfaktor(en) gekoppelt sind. Deshalb wurden D-chromosomspezifische Marker zusammen mit neu entwickelten RAPD- und AFLP-Markern im *Raphanus*-Genom kartiert. Zur Kartierung diente eine F<sub>2</sub>-Kartierungspopulation bei Rettich aus der Kreuzung 'Pegletta' (nematodenresistent) x 'Siletta nova' (anfällig) mit 245 auf Resistenz gegen den Rübenzystennematoden getesteten Pflanzen. Es wurden 365 polymorphe AFLP-Marker und 309 polymorphe RAPD-Marker in die Kartierung einbezogen. Mit Hilfe des Kartierungsprogramms *Joinmap* ließen sich 434 Marker in 9 Gruppen sortieren und insgesamt 424 in einer Karte anordnen. Auf den Kopplungsgruppen ordneten sich 22 bis 68 Marker an. Die Kartenlänge beträgt 1044 cM und der mittlere Abstand zwischen zwei Markern war 4,3 cM. Die spezifischen Marker für das Rettichchromosom D kartierten erwartungsgemäß auf nur einer Kopplungsgruppe. Die QTL-Analyse, ein Verfahren zur Ermittlung der Genomregionen mit Wirkung auf Merkmale mit quantitativer Variation, wies für das Merkmal Nematodenresistenz einen dominanten Hauptfaktor *Hs1<sub>raph</sub>* auf eben dieser Kopplungsgruppe nach. Der QTL ist für mehr als 60 % der phänotypischen F<sub>2</sub>-Varianz verantwortlich (Abb. 3). Die distale Lage des QTL auf der Kopplungsgruppe erscheint vorteilhaft für das Übertragen durch homöologe Rekombination auf andere Arten.

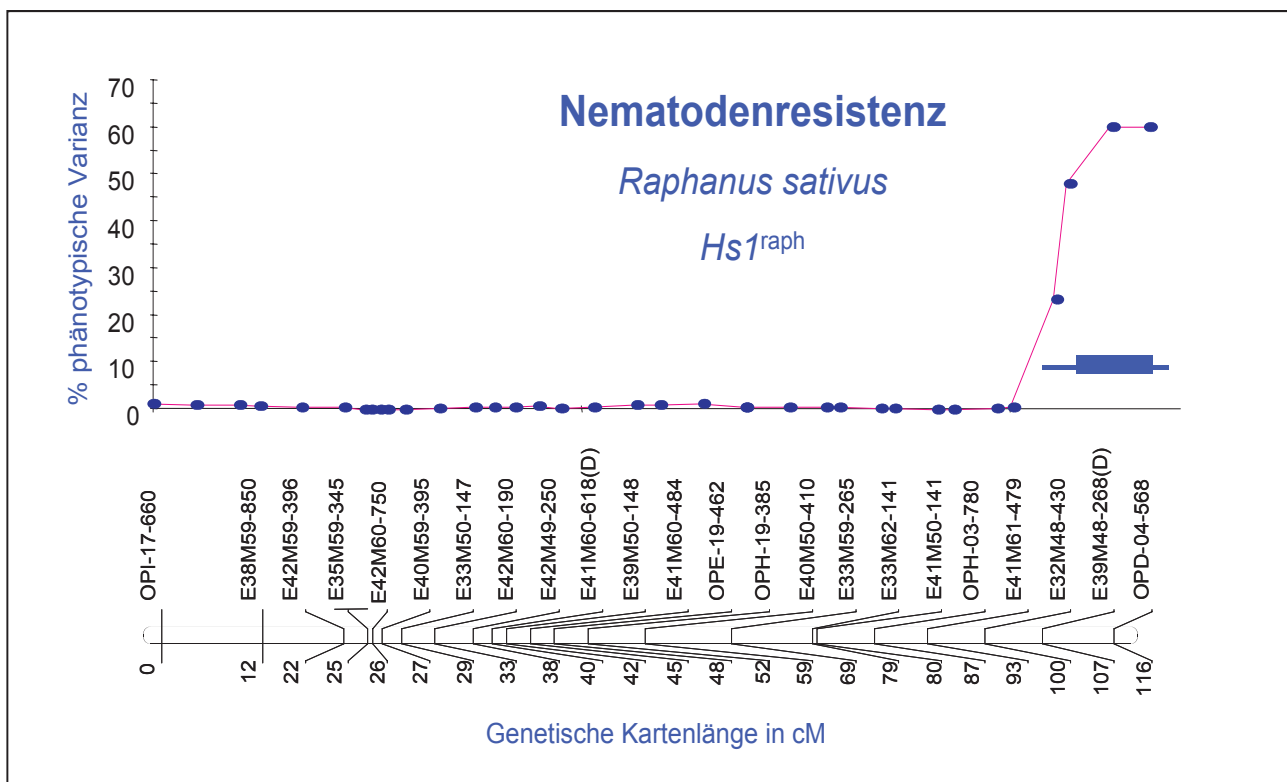


Abb. 3: Kartierung des QTL *Hs1<sub>raph</sub>* für Resistenz gegen den Rübenzystennematoden (*Heterodera schachtii*) auf einer Kopplungsgruppe von Rettich (*Raphanus sativus*) zusammen mit zwei D-chromosomspezifischen Markern  
Fig. 3: Mapping of QTL *Hs1<sub>raph</sub>* for resistance to Beet cyst nematode (*Heterodera schachtii*) on a linkage group of radish (*Raphanus sativus*) together with two D-chromosome specific markers



#### Abstract:

The complete set of all nine disomic radish-rape seed chromosome additions ( $4x = 2n = 38+2$ ) have been used to study the chromosomal location of genes for breeding characters in radish. Between the addition lines significant differences were found in reproductive characters. The synthesis of the radish-specific aliphatic glucosinolates is controlled by chromosome G. The total glucosinolate content was increased by the presence of radish chromosome D in a rape genetic background. The presence of the radish chromosome B in the zero erucic rapeseed induces the erucic acid synthesis. The nematode-resistant disomic radish-rape addition DD showed a regular meiotic behaviour. There is nearly a complete transmission of chromosome D both at the female and male side. Cytological investigation at meiosis of monosomic radish-rape addition D has given evidence for intergeneric homoeologous recombination involving the added chromosome. A program for induction and marker-assisted selection of homoeologous chromosome D recombinants to transfer the resistance trait was carried out. Below more than seven hundred progenies one plant having a reduced number of D chromosome-specific RAPD markers was found. Using the  $F_2$  population produced from the cross of a nematode-resistant and a susceptible radish parent, a genetic map with 424 AFLP and RAPD markers together with D chromosome-specific markers was constructed. The QTL analysis detected a major factor  $HsI_{\text{raph}}$  that explained more than 60 % of phenotypic variance in resistance to *Heterodera schachtii* on the same linkage group where D markers were located.

In Zusammenarbeit mit: P. H. Petersen Saatzeit, Lunds-gaard, Schlathölder, M.; BAZ, Inst. f. Pflanzenanalytik, Schütze, W.; BAZ, Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen, Rudloff, E.; BBA, Inst. f. Nematodologie und Wirbeltierkunde, Außenstelle Elsdorf, Schlang, J.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie und Resistenz, Paetsch, C.

(BAZ-1143)

## 2.2 Morphologische Charakterisierung und genetische sowie molekulare Analyse der epikutikulären Wachsschicht der Laubblätter von *Daucus* spp.

### Morphological characterization and the genetic as well as molecular analysis of the epicuticular wax layer on the leaves of *Daucus* spp.

Nothnagel, T.; Straka, P.; Ehrig, F.

#### Zielstellung/Aim:

Epikutikuläre Wachsschichten sind für viele Pflanzenarten beschrieben und werden 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 morpholo-

gische Charakterisierung der Wachsschicht verschiedener *Daucus* spp. 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* spp. 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 insbesondere der epikutikulären Wachsschicht wurden analog der Arbeiten in 2001 fortgesetzt und weitgehend abgeschlossen. Blatthistologische Untersuchungsergebnisse von jeweils 3 Einzelpflanzen aus Linienmaterial der *Daucus* spp. *Daucus carota sativus* (Kulturmoöhre), *D. c. azoricus*, *D. c. capillifolius*, *D. c. commutatus*, *D. c. gadecaei*, *D. c. gummifer*, *D. c. maritimus*, *D. c. maximus*, *D. c. halophilus* und *D. c. hispidifolius* liegen nunmehr vor. Teilweise signifikante Unterschiede konnten zwischen den *Daucus* spp. sowohl für die Dicke des Laubblattquerschnitts als auch für die Dicke der Epidermisschichten und der Kutikula nachgewiesen werden.

In rasterelektronenmikroskopischen Untersuchungen konnten die Vorjahresbefunde verifiziert werden. Das visuelle Erscheinungsmuster der Kutikula sowie der epikutikulären Wachsschicht korreliert mit den Messergebnissen der Kutikula. Bei der untersuchten Kulturmoöhre *D. c. sativus* sowie bei *D. c. hispidifolius* und *D. c. capillifolius* ist die epikutikuläre Wachsschicht so dünn, dass die Zellgrenzen der Epidermis klar erkennbar sind. Dagegen ist bei *D. c. commutatus*, *D. c. maritimus*, *D. c. gadecaei* und *D. c. halophilus* die Wachsschicht bedeutend dicker und zum Teil schollig aufgebrochen. Zellgrenzen der Epidermis sind nicht oder nur sehr schwach erkennbar. (Abb.1)

In aktuellen Untersuchungen wird geprüft, ob die unterschiedlichen Epidermis- und Kutikulastrukturen Einfluss auf die Penetrationsfähigkeit von *Alternaria dauci* nach künstlicher Inokulation haben können.

Erste Analyse zur Vererbung der 'Wachsschicht' liegen derzeit von fünf  $F_2$ -Populationen einer Kreuzung von *D. c. commutatus* x *D. c. sativus*, von weiteren vier  $F_2$ -Populationen der Kreuzung *D. c. maritimus* x *D. c. sativus* sowie einer  $F_2$ -Population der Kreuzung *D. c. halophilus* x *D. c. sativus* vor. Die derzeitige Arbeitshypothese geht von einem Gen aus, welches bei Vorliegen des rezessiven Allels im homozygotem Zustand, einen visuell starken „Blatt-

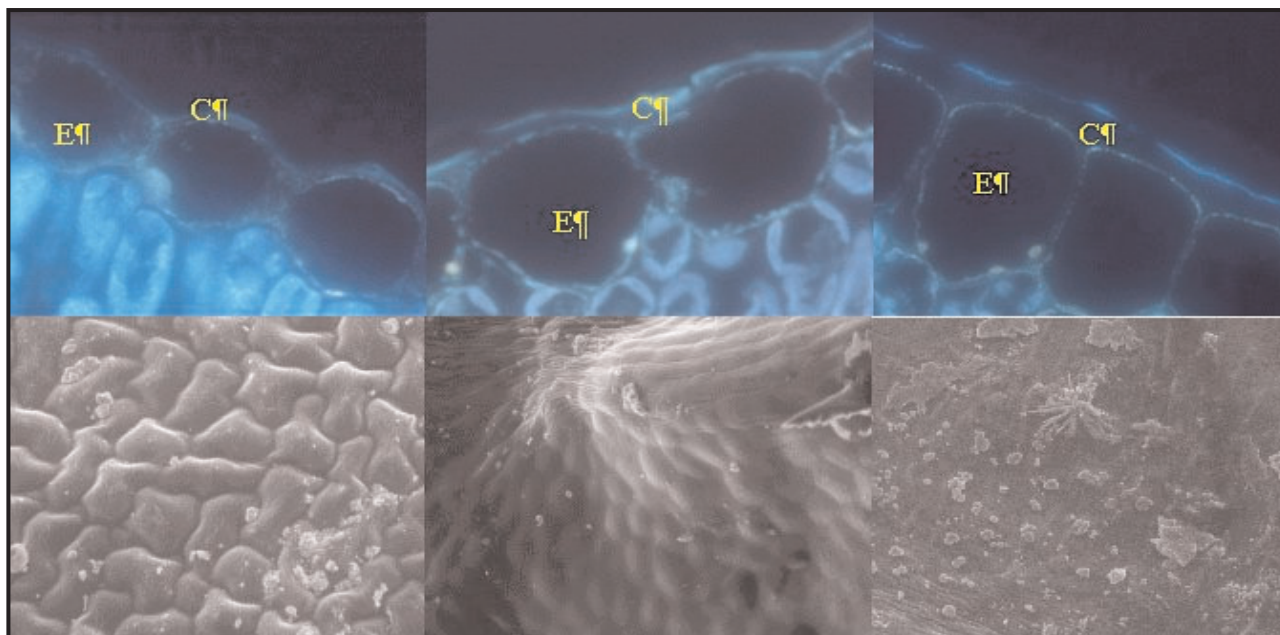


Abb. 1: Typischer Querschnitt durch adaxiale Epidermis und Kutikula (oben) und SEM Aufnahme der Blattoberfläche (unten) bei *D. c. sativus* (links), *D. c. maritimus* (mitte) sowie *D. c. gadecaei* (rechts)

Fig. 1: Typical section of the adaxiale epidermis and cuticula (top) and SEM images of the leaf surface (bottom) of *D. c. sativus* (left), *D. c. maritimus* (middle) as well as *D. c. gadecaei* (right)

glanz“ bewirkt. Von vier  $F_2$ -Populationen wurden DNA-Bulks aus je 5 Pflanzen der beiden Phänotypenklassen ‘starker Blattglanz’ sowie ‘kein Blattglanz’ zusammengestellt und in einer Bulked Segregant Analysis (BSA) mit 20 AFLP Primerkombinationen auf Vorliegen von Polymorphismen getestet. Bisher konnten 40 Banden als Markerkandidaten selektiert werden. Die Ergebnisse der genetischen und molekularen Analyse werden z. Z. verifiziert. (vergl. BAZ-1233)

#### Abstract:

Ten subspecies of *Daucus* were investigated for leaf anatomy and histological leaf structure as well as by electron microscope (SEM). Partially significant variation between the subspecies was observed. SEM observations correlated with the histo-morphological results.

First genetically results suggest a monogenic recessive inheritance of the putative visual selected trait ‘Leafglossy’. Twenty AFLP primer combinations were tested for polymorphisms in frame of a bulked segregant analysis. Forty marker candidate bands were selected so far. Studies of relationships of leaf structure to resistance against *Alternaria dauci* are in progress.

(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.

#### Zielstellung/Aim:

Im Rahmen des abgeschlossenen, BLE geförderten Projektes 95BF011 / BAZ-1329 wurden zwei vorläufige Kopplungskarten der Möhre basierend auf zwei  $F_2$ -Spaltungspopulationen (MK8, MK9) erarbeitet. Ziel des Anschlussprojektes ist:

1. die Integration weiterer im Rahmen von Projekt BAZ-1233 erarbeiteter molekularer Marker in die beiden Kopplungskarten
2. die gemeinsame Kartierung der Marker beider Spaltungspopulationen und Entwicklung einer kombinierten Kopplungskarte
3. 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  $F_2$  populations (MK8; MK9). Aim of the following project is:

1. the integration of further molecular markers of the project BAZ-1233 in the both linkage maps
2. integrated mapping of all markers and development of a combined linkage map of carrot by means of the JOINMAP programme

3. development and genetic analysis of crossing populations in the *Daucus carota* complex as basis for introgressions and mapping of further traits

Ergebnisse:

Im Berichtsjahr wurden für die Kartierungspopulation MK8 39 und für die Population MK9 35 neue AFLP Marker selektiert (BAZ-1233). Im Rahmen der genetischen Kartierung konnten damit die bestehenden Kopplungskarten weiter abgesättigt werden.

Die aktuelle Kopplungskarte der MK8 Population enthält 134 Marker, kartiert auf 14 Kopplungsgruppen. Die Marker konnten auf 9 Hauptgruppen mit 66-3 Markern sowie 4 Minorgruppen mit je 2 Marker platziert werden. Die Kartenlänge beträgt 552 cM bei einem mittlere Markerabstand von 4,1 cM. Die aktuelle Kopplungskarte für die MK9 Population enthält 12 KG. Die 198 kartierten Marker konnten auf 9 Majorgruppen mit 50-3 Markern sowie 3 Minorgruppen mit je 2 Markern platziert werden. Die Kartenlänge beträgt 773 cM, der mittlere Markerabstand 3,9 cM. Für beide Kartierungspopulationen konnten bisher 35 identische Marker (RAPD, AFLP) selektiert werden, die partiell in den Kartierungsanalysen Markergruppen mit gleicher Anordnung ergaben. Erste Versuche zur Erstellung kombinierter Kopplungsgruppen wurden durchgeführt.

Die Entwicklung von F<sub>2</sub>-Spaltungspopulationen für die genetische Analyse von interessanten Merkmalen wurde fortgesetzt. Derzeit werden zehn F<sub>2</sub>-Populationen für die Untersuchung der Vererbungsmodi spezieller Blattmerkmale im Gewächshaus kultiviert. Darüber hinaus sind zwei F<sub>2</sub>-Populationen für die genetische Analyse von Wurzelmerkmalen sowie eine F<sub>2</sub>-Population mit der Zielstellung - QTL-Kartierung einer Resistenz gegen *Alternaria dauci* - im Anbau.

*YELLOW LEAF* - Mutante

Für die aus einer Möhren-Inzuchtlinie selektierten Chlorophyllmutante konnte in Nachkommenschaftsprüfungen von 10 F<sub>2</sub>-Populationen sowie 31 F<sub>3</sub>-Familien ein monogen rezessiver Erbgang bestätigt werden. In einer BSA (*bulked segregant analysis*) wurden 45 AFLP-Primerkombinationen auf Vorliegen von Polymorphismen getestet. Die Auswertung von insgesamt 1150 Banden ergab 17 Markerkandidaten. 10 Markerbanden ließen sich in einer ausgewählten F<sub>2</sub>-Spaltungspopulation reproduzieren und nach Kopplungsanalyse in einer Kopplungsgruppe kartieren. Die postulierte Kopplungsgruppe umspannt derzeit 33,2 cM. Ein ca. 1 cm großes Markercluster flankiert das Zielgen mit vier bzw. einem Marker beidseitig. (Abb.1)

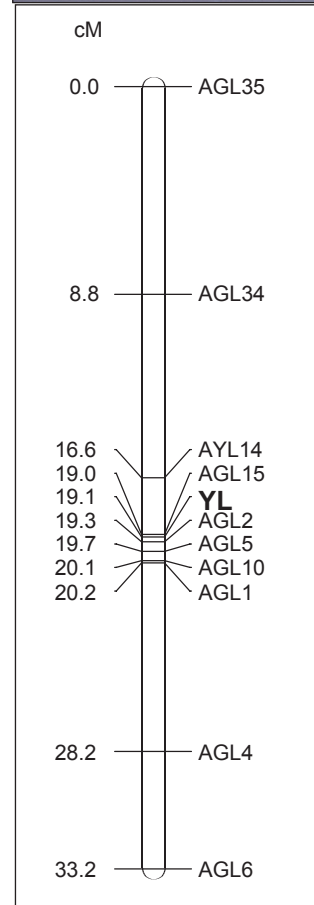


Abb. 1: Phänotyp der Chlorophyllmutante (o. r.) im Vergleich zum Wild-Typ (o. l.) und vorläufige Kopplungsgruppe mit Zielgen YL (rechts)

Fig. 1: Phenotype of the chlorophyll mutant (t. r.) in comparison to the wild-type (t. l.) and the preliminary linkage group with the target locus YL (right)

Abstract:

The marker development and mapping of the MK8 and MK9 populations were continued. Recently, the MK8 map contains 134 markers mapped on 14 linkage groups. The total map length is 552 cM and average marker distance 4.1 cM. The re-constructed MK9 map contains 198 markers mapped on 12 linkage groups with total length of 773 cM and average marker distance of 3.9 cM.

A monogenic recessive inheritance was verified for a selected *YELLOW LEAF* mutant (chlorophyll mutant) based on analyses of F<sub>2</sub> and F<sub>3</sub> families. Ten AFLP markers were selected and linked to the target locus on postulated linkage group with 33.3 cM.

(BAZ-1151, BAZ-1233)

### 3. Entwicklung neuer Hybridsysteme Development of new hybrid systems

#### 3.1 Entwicklung von alloplasmatischem Porree Development of alloplasmic leek

Peterka, H.; Budahn, H.; Schrader, O.

Zielsetzung/Aim:

Hybridsorten bei Gemüse zeigen Heterosis, weisen eine hohe Uniformität auf und erleichtern die Züchtung auf Krankheitsresistenz. Um diese Vorteile für Porree nutzen zu können, soll ein System der cytoplasmatisch-männlichen Sterilität (CMS) entwickelt werden, mit dem auf effektive Weise Hybridsaatgut erzeugt werden kann. Dafür ist ein Cytoplasma erforderlich, das über eine Interaktion mit Kerngenen Pollensterilität auslöst. Ein solches Cytoplasma ist bei Porree nicht vorhanden. In einem Artkreuzungsprogramm bei *Allium* gelang es, Zwiebel-Porree-Bastarde zu erzeugen. Aus ihnen sollen Porreeformen mit einem neuen Cytoplasma entwickelt werden.

Hybrid vegetable varieties show heterosis, uniformity and are easier to breed for pest resistance. To take use of these advantages in leek breeding, a system of cytoplasmic male sterility should be developed for an effective hybrid seed production. This demands a cytoplasm inducing pollen sterility by an interaction with nuclear genes. Such cytoplasm does not exist in leek. Within a program of interspecific hybridization in *Allium*, onion-leek-hybrids were produced. They will be used for developing leek genotypes with a new cytoplasm.

Ergebnisse:

Triploide und pentaploide Zwiebel-Porree-Bastarde (Genomformel AAC,  $3x = 24$  bzw. AAAAC,  $5x = 40$ ) mit dem T-Cytoplasma der Zwiebel wurden mehrfach mit Porree als Pollenelter rückgekreuzt. Daraus entstandene alloplasmatische Zwiebel-Porree-Additionspflanzen mit 1 bis 3 Zwiebelchromosomen zeigen in Blattfarbe und Wüchsigkeit das typische Aussehen von Porree. Sie dienen als Ausgangsmaterial für die Herstellung alloplasmatischer Porreeformen mit unterschiedlichen genetischen Hintergründen. Die Zwiebel-Porree-Additionslinie 112/2-99 (Abb. 1) besitzt das Cytoplasma von *Allium cepa* und wurde karyotypisch und molekular als Additionstyp  $4x+3 = 32+3C+7C+8C$  (bzw.  $+C^G + C^E + C^D$ ) bestimmt. Nach Bestäubung mit Porreepollen entstanden aus 68 Samen (Jahr 2001) bzw. 222 Samen (Jahr 2002) nach In-vitro-Keimung 27 bzw. 114 Pflanzen. Von den 2001 erzeugten Pflanzen hatten gemäß den durchgeführten GISH-Analysen noch 3 Pflanzen die 3 Chromosomen aus *A. cepa*, 11 bzw. 9 Pflanzen besaßen 2 bzw. 1 Chromosom(en). Vier Pflanzen wiesen kein Zwiebelchromosom auf. Diese Verteilung der Chromosomenzahl entspricht der erwarteten Zufallsverteilung. Dagegen sind die Transmissionsfrequenzen der drei Zwiebelchromosomen sehr verschieden. Bei den 23 Pflanzen mit Fremdchromatin wurde durch molekulare Analyse das Zwiebelchromosom  $C^E$  bei 19 Pflanzen, das Chromosom  $C^G$  bei 14 Pflanzen und das Chromosom  $C^D$  nur bei ei-

ner Pflanze nachgewiesen. In der Freilandprüfung zeigten sich deutliche Unterschiede zwischen alloplasmatischen Porreepflanzen mit und ohne addierte Zwiebelchromosomen in den Merkmalen Chlorophyllentwicklung, Wüchsigkeit und Doldenbildung. Dies erschwert die Beurteilung des Cytoplasmaeffekts auf die Pollenbildung. Die endgültige Bewertung kann erst nach Analyse des gesamten erzeugten alloplasmatischen Pflanzenmaterials erfolgen.

Die Ergebnisse des Projekts zeigen, dass auch in der wenig bearbeiteten Gruppe der *Allium*-Gemüsearten die interspezifische Bastardierung selbst von taxonomisch entfernten Arten mit unterschiedlichen Ploidiestufen als Quelle neuer züchterisch bedeutsamer genetischer Variation genutzt werden kann.

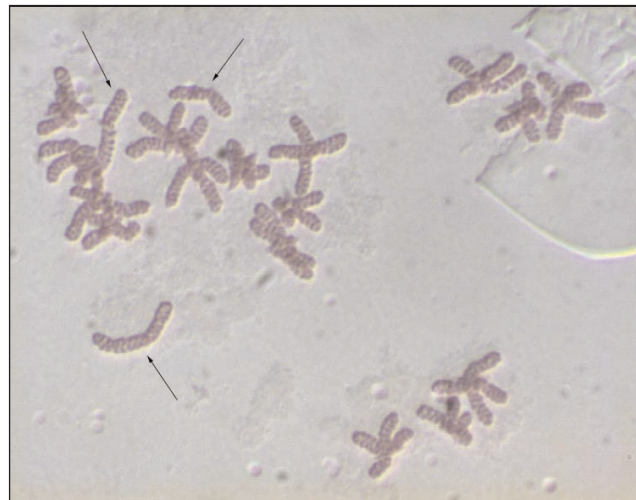


Abb. 1: DIC (Differentialer Interferenzkontrast)-Mikroskopie einer meiotischen Metaphase I in einer Pollenmutterzelle der alloplasmatischen Zwiebel-Porree-Addition 112/2-99 mit 32 Porreechromosomen als 16 kreuzförmige Bivalente und 3 addierten Zwiebelchromosomen als Univalente (Pfeile)

Fig. 1: DIC (Differential Interference Contrast) microscopy of a meiotic metaphase I in a PMC of alloplasmatic onion-leek-addition 112/2-99 with 32 leek chromosomes as crosslike bivalents and three added onion chromosomes as univalents (arrows)

Abstract:

Alloplasmic leeks with a sterile cytoplasm of onion and three added onion chromosomes were pollinated with leek pollen. In the progeny the distribution of the alien chromosomes was studied by GISH and chromosome-specific DNA markers. A non-random transmission of onion chromosomes was found. Marked differences in chlorophyll content and vigour between plant with and without added onion chromosomes were observed. The assessment of the cytoplasmic effect to the pollen development is not finished.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hannover, Inst. f. Zierpflanzenbau, Baumschule u. Pflanzenzüchtung, Abt. Angewandte Genetik, Th. Engelke

(BAZ-1147)

#### 4. Computergestützte und molekulare Chromosomenanalyse Computer-aided and molecular analysis

##### 4.1 Karyotypanalyse somaklonaler Varianten eines Bastardes von *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* Karyotype analysis of somaclonal variants of a *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* hybrid

Schrader, O.; Budahn, H.; Ahne, R.; Peterka, H.

Zielsetzung/Aim:

In vegetativen Nachkommenschaften einer Bastardpflanze von *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* zeigten molekulare Marker erhebliche Variabilität zwischen den Einzelpflanzen. Karyotypische Veränderungen (Deletionen und Translokationen) waren ebenfalls sichtbar. Ziel des Projektes ist es, mit Hilfe molekular-zytogenetischer Methoden diese somaklonal bedingten Veränderungen in Karyotypanalysen zu untersuchen und chromosomenspezifische Zuordnungen zu molekularen Markern herzustellen.

Molecular markers showed a high variability in vegetatively propagated descendants of a hybrid plant of *Allium cepa* x *A. ampeloprasum*. Karyotypic variations (deletions and translocations) were also visible. The aim of the project is the molecular-cytogenetical investigation of this somaclonal variability by karyotype analysis and the chromosome-specific classifications to the molecular markers.

Ergebnisse:

Weitere Klonnachkommenschaften der im Karyotyp variablen Sublinie wurden hinsichtlich ihrer Stabilität mit Hilfe multipler Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierungen (FISH) und genomischer In-situ-Hybridisierung (GISH) mit DNA-Proben, spezifisch für die Zwiebel-Satellitensequenz AC-SAT (Telomere, gelb), 5S- bzw. 25S-rRNA Genen (gelb bzw. rot) und genomische DNA von *A. cepa* (gelb/grün) untersucht. Im Vergleich zur ersten Klonungsgeneration zeigte sich auch in diesen Sublinien eine große Variabilität in den Karyotypen an der überwiegend solche Porree-Chromosomen beteiligt waren, auf denen rRNA-spezifische Genen lokalisiert sind und in deren Bereichen chromosomenaberrationen verstärkt auftraten (Abb. 1 und 2).

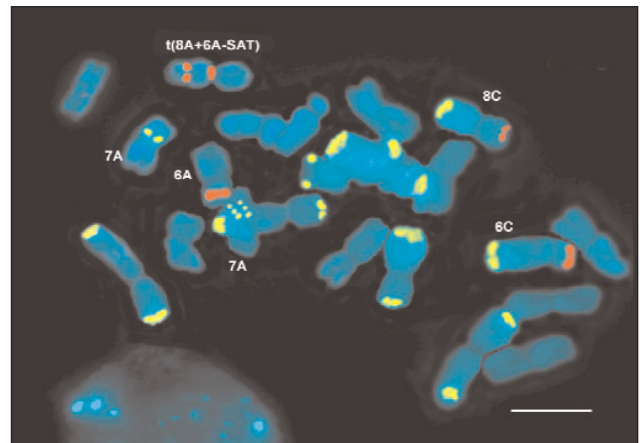


Abb. 1: Karyotyp der Sublinie 84/1d\_24\_1 ( $2n = 3x - 2 = 22$ ); multiple FISH ohne GISH; Verlust des kompletten Porree-Chromosoms 8A sowie des langen und kurzen Armes von 6A und Translokation des Satelliten einschließlich NOR von 6A mit dem Kompletten 8A-Chromosom (t: 8A + 6A-Sat). Bar = 5  $\mu$ m.

Fig. 1: Karyotype of the subline 84/1d\_24\_1 ( $2n = 3x - 2 = 22$ ); multiple FISH without GISH; loss of complete leek chromosome 8A and also the long and short arms of 6A and translocation of the satellite including NOR of 6A with the complete 8A-chromosome (t: 8A + 6A-Sat). Bar = 5  $\mu$ m.

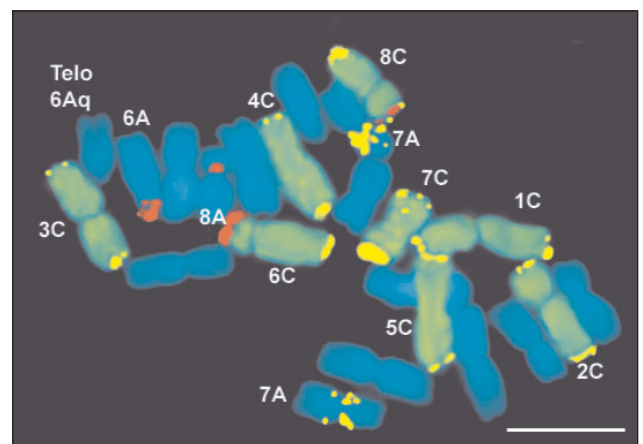


Abb. 2: Karyotyp der Sublinie 84/1d\_9\_1 ( $2n = 3x - 1 = 23$ ); multiple FISH mit GISH; Verlust des kurzen Armes von 6A (vergl. Telo 6Aq); alle Zwiebelchromosomen unverändert (Bar = 5  $\mu$ m).

Fig. 2: Karyotype of the subline 84/1d\_9\_1 ( $2n = 3x - 1 = 23$ ); multiple FISH with GISH; loss of the short arm of 6A (see Telo 6Aq); all onion chromosomes unchanged (bar = 5  $\mu$ m).

Die Ergebnisse führen zu folgender Zusammenfassung: 1. Die relative karyotypische Stabilität innerhalb des Klones zeigte sich auch in den vegetativen Nachkommenschaften der beiden Subklone. 2. Dem entgegen wies ein anderer Klon eine auch in weiteren Klonungsschritten von Sublinien neu entstehende karyotypische

Variabilität auf. Einen Gesamtüberblick zur Materialentwicklung und Stabilität der Karyotypen zeigt Abb. 3.

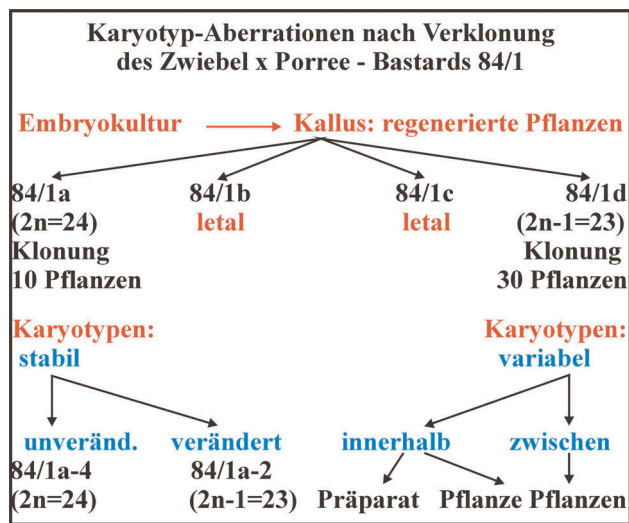


Abb. 3: Übersicht der Materialentwicklung und Ergebnisse der Karyotypanalyse.

Fig. 3: Outline of the material and results of karyotyping

Zur Identifizierung der Zwiebelchromosomen in möglichen Zwiebel-Porree-Translokationen wurde geprüft, ob interstitielle Signale durch FISH mit der Satellitensequenz AC-SAT von *Allium cepa* L. genutzt werden können. Zusätzlich zu der in der Literatur bekannten Markierung der Zwiebel-Telomeren durch FISH mit AC-SAT konnte gezeigt werden, dass interstitielle Signale zur sicheren Differenzierung des Karyotyps aller 8 Zwiebel-Chromosomen und deren Arme einsetzbar sind (Abb. 4). Besonders die Unterscheidung der im Armlängenverhältnis ähnlichen Chromosomentypen 3C, 4C und 5C wird durch diese Satellitensequenz erleichtert.

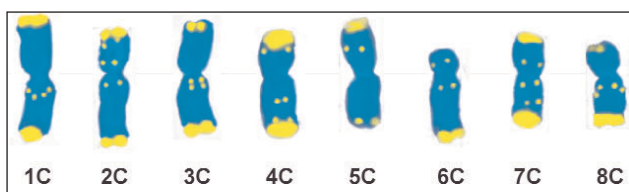


Abb. 4: FISH von AC-SAT DNA (gelb) in einer Metaphase von *A. cepa*; Differenzierung der interstitiellen 'sites' in allen Chromosomen (1C - 8C).

Fig. 4: FISH of AC-SAT DNA (yellow) in one metaphase of *A. cepa*; differentiation of interstitial sites in all chromosomes (1C - 8C)

Da das Zwiebelgenom im Bastard haploid vorliegt, konnten Deletionen und Translokationen für entsprechende physische Lokalisationen von RAPD-Markern genutzt werden und sind damit wichtige Grundlagen für die Züchtungsforschung bei *Allium*.

Abstract:

Multiple fluorescence *in situ* hybridization (FISH) and

genomic *in situ* hybridization (GISH) were used for the karyotype analysis in a second and third cloning generation of the vegetatively propagated onion-leek-hybrid. DNA probes specific for an onion satellite sequence, 5S and 25S rRNA genes and onion-genomic DNA were used for labeling. It was shown that genetic factors for karyotypic instabilities were only still active in 84/1d in further cloning generations after the first. The deletions and translocations were used to locate physically the chromosome specific RAPD markers in the karyotype of onion.

(BAZ-1146)

## 5. Entwicklung alternativer Züchtungsmethoden

### Development of alternative breeding methods

#### 5.1 Übertragung von Krankheitsresistenzen gegenüber verschiedenen Pathogenen aus Wildformen in Gemüseformen der Familie Brassicaceae mit Hilfe der somatischen Zellhybridisierung

Transfer of resistance genes against different pathogens from wild species into vegetable forms of the family Brassicaceae by using of the somatic cell hybridization

Ryschka, U.; Schumann, G.; Klocke, E.; Krämer, R.; Scholze, P.; Marthe, F.

Zielsetzung/Aim:

Aus evaluierten Wildformen, insbesondere von denen mit einem taxonomisch weit entfernten Verwandtschaftsgrad, sollen die Genome mit *Brassica oleracea* durch somatische Hybridisierung kombiniert werden. Somatische Hybridpflanzen mit neuen Resistenzen dienen als Grundlage für die Herstellung von neuartigem Basismaterial für die Züchtung.

The somatic hybridization will be used to combine genomes of *Brassica oleracea* with more taxonomically divergent species of the family Brassicaceae. New breeding materials of potential importance shall be produced via somatic hybridization.

Ergebnisse:

Der Einsatz der somatischen Hybridisierung in der Züchtungsforschung dient der Verbesserung sowohl von Resistenzen gegenüber verschiedenen Pathogenen als auch von wertvollen Inhaltsstoffen in Gemüseformen. Besonders in den Wildformen der Kreuzblütler mit einem taxonomisch weit entfernten Verwandtschaftsgrad von *Brassica oleracea* sind viele Merkmale, deren Übertragung in die Kulturarten von großem Vorteil sind.

Somatische Hybridisierungen von *Brassica oleracea* wurden durchgeführt mit:

- *Camelina sativa* zur Übertragung der Resistenz gegen *Alternaria brassicicola* und *A. brassicae*

- *Matthiola incana* zur Übertragung der Resistenz gegen *Xanthomonas campestris*
- *Lepidium meyenii*, bekannt u.a. als Peru Ginseng, zur Übertragung vieler wertvoller Inhaltsstoffe.

Die erarbeiteten Methoden stellen ein effektives experimentelles System für die Isolierung, Kultur und Fusion von Hypokotyl- und Mesophyllprotoplasten aus verschiedenen Spezies der Familie *Brassicaceae* dar. Die Ausbeuten und die Stabilität der Protoplasten sind hoch. Morphologische Unterschiede zwischen Hypokotyl- und Mesophyllprotoplasten erlauben in den Fusionsexperimenten eine frühe Identifizierung der Verschmelzungsprodukte. Bei allen Kombinationen konnten erste somatische Hybridpflanzen regeneriert werden.

Exemplarisch werden hier die Ergebnisse der Kombination *Brassica oleracea* (+) *Lepidium meyenii* dargestellt. Die Donorprotoplasten von *L. meyenii* wurden zum Teil mit Röntgenstrahlen behandelt und mit Rezipientenprotoplasten von sowohl Kopfkohl als auch Blumenkohl fusioniert. Die Verschmelzungsfrequenz war zwischen 30 - 40 %. Im Vergleich zu anderen Kombinationen, wie z. B. mit *Sinapis alba*, *Barbarea vulgaris* und *Raphanus sativus* war dies hoch. Erste Zellteilungen der Hybridzellen fanden nach 5 Tagen statt. Die Unterscheidung zwischen Hybrid- und Elternkolonien verschwand graduell nach 3 - 4 Zellteilungen. Protoplasten von *L. meyenii* zeigten sowohl nach der PEG-Behandlung als auch ohne Fusionsbedingungen keine Weiterentwicklung. Zwei Monate nach Kulturbeginn entwickelten die PEG-behandelten Protoplasten 1 - 2 mm große Mikrokalluse. Von 3 Fusionsexperimenten entstanden 465 Kalluse. Sprossregenerationen setzten etwa 3 Monate nach der Fusion ein. Insgesamt konnten 37 Pflanzen aus der symmetrischen Fusion *B. oleracea* var. *capitata* (+) *L. meyenii*, 9 Pflanzen aus der asymmetrischen Fusion *B. oleracea* var. *capitata* (+) *L. meyenii* und 39 aus der asymmetrischen Fusion *B. oleracea* var. *botrytis* (+) *L. meyenii* regeneriert werden (Tab.1). Wurzelbildung an den regenerierten Sprosse wurde nach Übertragung auf MS-Medium mit 0,2 mg l<sup>-1</sup> NAA induziert.

Der Hybridcharakter der regenerierten Pflanzen konnte

auf der Basis der DNA-Analyse ermittelt werden. Die Ergebnisse sind in Tab. 1 zusammengefasst. Die somatischen Hybridpflanzen zeigten im frühen Stadium der Entwicklung nur eine geringe Veränderung der Blattmorphologie. Sie entsprach mehr den Blättern von *B. oleracea*. Die sichere Identifizierung der Fusionspflanzen erfolgte mittels RAPD-PCR in einem sehr frühen Entwicklungsstadium. Dies war möglich, da für die PCR-Reaktionen nur wenig DNA benötigt wurde (ca. 20 ng). In der Regel reichten 2 - 4 PCR Reaktionen mit verschiedenen Dekamerprimern für den Nachweis des Hybridcharakters der regenerierten Pflanzen. Jedoch war die Interpretation der RAPD-Profile in einigen Fällen nicht immer eindeutig.

Zur Verbesserung der molekularen Charakterisierung wurden zusätzlich AFLP-Untersuchungen durchgeführt. Bei AFLP-Reaktionen ist die Anzahl der festgestellten DNA-Polymorphismen pro Reaktion viel höher als bei RAPD-Amplifikationen. Bei Verwendung von 5 verschiedenen Primer-Paaren für die selektive Amplifikation (E-AAC/M-CAA, E-AAC/M-CAG, E-AAC/M-CAT, E-AAC/M-CTA, E-ACC/M-CAG) konnten durch AFLP 152 *Lepidium* Marker identifiziert werden. Insgesamt wurden 11 regenerierte Pflanzen aus der symmetrischen Protoplastenfusion und 30 Pflanzen aus der asymmetrischen Fusion mittels AFLP analysiert. Diese Analysen ergaben ein gutes Bild über die genetische Variabilität des neuen Pflanzenmaterials. Mehr noch, es war klar erkennbar, dass AFLP-Profile eine extrem hohe Reproduzierbarkeit zeigten. Trotz dieser umfangreichen Untersuchungen konnten 2 Pflanzen hinsichtlich ihres Hybridcharakters bisher nicht abschließend beurteilt werden. Dieser Fakt unterstreicht die Schwierigkeiten in der Charakterisierung der Fusionspflanzen.

Dies ist begründet in dem sehr unterschiedlichen Anteil der DNA vom Donor. Wenn in Betracht gezogen wird, dass somatische Hybridpflanzen mit einer geringeren Menge der Donor-DNA für weitere Verbesserungen (z. B. Überwindung der Sterilität) von Vorteil sind, ist es sehr wertvoll, eine Methode mit hoher Auflösungskapazität für genetische Polymorphismen zu haben.

Tab. 1: Ergebnisse der Protoplastenfusion zwischen *Brassica oleracea* (+) *Lepidium meyenii*  
Table 1: Results from protoplast fusion experiments between *Brassica oleracea* (+) *Lepidium meyenii*

Nr. der Fusion	<i>B. oleracea</i> var.	Protoplastenquelle	Art der Fusion	Anzahl der Regeneratpflanzen	Anzahl der Hybridpflanzen
1	<i>capitata</i> cv. 'Toskama'	Hypokotyl (+) Mesophyll	Symmetrisch	37	35
2	<i>capitata</i> cv. 'Toskama'	Hypokotyl (+) Mesophyll	Asymmetrisch	3	3
3	<i>botrytis</i> cv. 'Korso'	Hypokotyl (+) Mesophyll	Asymmetrisch	39	13

Die Herkunft der Amplifikationsprodukte der RAPD- und der AFLP-Analyse ist hauptsächlich die Kern-DNA, so dass diese Fingerprints nur eine Information über diesen Teil der gesamten DNA ergeben. Für die Untersuchung des Chondrioms wurde die DNA von allen regenerierten Pflanzen mit mt-Sonden (*atp6*, *atpA*, *coxII*) hybridisiert. Die Southern-Analyse mit der *atpA* Sonde ist in Abb. 1 dargestellt. Etwa ein Drittel der Fusionspflanzen mit Kopfkohl wiesen eine Neukombination in dem Chondriom auf. Dagegen zeigten die somatischen Hybride mit Blumenkohl keine Neukombinationen.

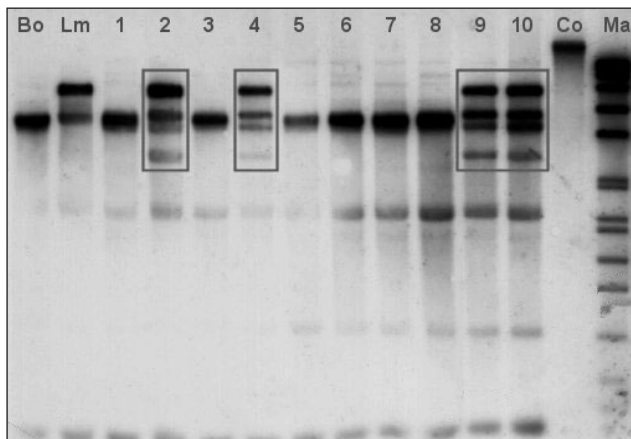


Abb. 1: Southern-Analyse von Regeneratpflanzen nach der Protoplastenfusion *Brassica oleracea* (+) *Lepidium meyenii* mit der Sonde *atpA*. Bo: *Brassica oleracea*, Lm: *Lepidium meyenii*, 1-10: Regeneratpflanzen, Co: nicht verdaute DNA, Ma: DNA-Molekularmarker. □ illustriert somatische Hybride mit Neukombinationen der mt DNA.

Fig. 1: Southern analysis of regenerated plants after protoplast fusion *Brassica oleracea* (+) *Lepidium meyenii* using *atpA* probes. Bo: *Brassica oleracea*, Lm: *Lepidium meyenii*, 1-10: Regenerated plants, Co: undigested DNA, Ma: DNA molecular weight marker. □ illustrates somatic hybrids with new combinations of mt DNA

Die Überführung der ersten somatischen Hybridpflanzen in Erde war mit großen Ausfällen verbunden. Die Untersuchungen zur Fertilität, zu der Zusammensetzung wichtiger Inhaltsstoffe sowie zu den Resistenzen gegenüber verschiedenen Pathogenen sind noch in Arbeit.

#### Abstract:

Introgression of genes from distantly related donors within the family *Brassicaceae* is useful for augmenting the genetic base for achieving specific crop improvement objectives. Hypocotyl derived protoplasts of *B. oleracea* var. *capitata* cv. 'Toskama' were fused with non-irradiated hypocotyl protoplasts as well as with X-ray irradiated mesophyll protoplasts of *Lepidium meyenii* and protoplasts of *B. oleracea* cv. *botrytis* 'Korso' with X-ray irradiated mesophyll protoplasts of *L. meyenii*, to

produce symmetric versus asymmetric intergeneric hybrids. By using polyethylene glycol 76 plants were regenerated. 37 with symmetric fusion and 39 with asymmetric fusion. Regenerated plants were characterized by RAPD, AFLP and Southern hybridization. Due to the small amount of template DNA (20 ng) the RAPD markers are suitable for detecting true fusion plants in very early stages of *in vitro* development. Whereas the large number of markers provided with AFLPs proved useful for detecting a high degree of genetic polymorphisms in the fusion plants and also for quantifying the degree of asymmetric fusion. More plants with normal *Brassica*-morphology were obtained with asymmetric fusion.

In Zusammenarbeit mit: Warwick, S., AAFC-ECORC, Ottawa ON Canada K1A 0C6

(BAZ-1150)

#### 5.2 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*, *Plasmodiophora 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 (*Plasmodiophora brassicae*), *Phoma lingam* causing blackleg and leaf necrosis and *Turnip mosaic virus* (TuMV) are criteria for selection.

**Ergebnisse:**

Für die Arbeiten zur Erschließung neuer Resistenzen für *Brassica oleracea* aus verwandten Arten standen mehrere Materialgruppen unterschiedlicher Nachkommensgenerationen und Genotypenanzahl zur Verfügung. Alle Materialgruppen gehen auf die Fusion somatischer Protoplasten der jeweiligen Arten zurück (Tab. 1)

Für jeden Genotyp wurden ca. 12 Klonpflanzen durch In-vitro-Verklonung hergestellt. Diese Pflanzen standen für umfangreiche Resistenzprüfungen zur Verfügung, bei denen mehrere Klonpflanzen je Erreger geprüft wurden. Getestet wurde auf Resistenz gegenüber dem *Turnip mosaic virus* (TuMV), dem Erreger der Kohlhernie, *Plasmodiophora brassicae* und dem Erreger der Adernschwärze, *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Tab. 2).

Für *B. oleracea* ist *X. c.* pv. *campestris* einer der bedeutendsten Schaderreger. In den Nachkommenschaften der Kombinationen *B. oleracea* (+) *B. nigra*, *B. juncea* und *B. carinata* liegt jeweils Resistenz gegenüber diesem Erreger vor. Ebenfalls in drei Materialgruppen liegt Resistenz gegenüber *P. brassicae* vor. Die betreffenden Materialgruppen sind *B. oleracea* (+) *B. nigra*, *B. carinata* und *R. sativus*. Resistenz gegenüber TuMV liegt ausschließlich in der Kombination *B. oleracea* (+) *R. sativus* vor. An dem dargestellten Material wurden über 13.300 Rückkreuzungen mit *B. oleracea* und über 11.800 Knospenselbstbestäubungen vorgenommen. Hieraus resultieren für die Nachkommenschaft der Kombination *B. oleracea* (+) *B. nigra* 20 Rückkreuzungspflanzen, die unter Nutzung von Embryokulturtechniken erzeugt wurden. Diese relativ geringe Anzahl belegt die Tendenz der Bastarde sich auf dem allotetraploiden Niveau zu stabilisieren.

Tab. 1: Genotypenanzahl und Struktur von Populationen, die jeweils aus der Fusion somatischer Protoplasten hervorgegangen sind

Table 1: Number of genotypes and structure of populations resulting from different protoplast fusions

Materialgruppe	Populationsstruktur	Genotypenanzahl
<i>Brassica oleracea</i> (+) <i>B. nigra</i>	F <sub>3</sub> BC <sub>2</sub> , F <sub>7</sub> , F <sub>6</sub> BC <sub>1</sub> , F <sub>3</sub> BC <sub>2</sub> , F <sub>4</sub> BC <sub>3</sub> , F <sub>3</sub> BC <sub>4</sub>	104
<i>B. oleracea</i> (+) <i>B. juncea</i>	F <sub>6</sub> , F <sub>3</sub> BC <sub>1</sub>	5
<i>B. oleracea</i> (+) <i>B. carinata</i>	F <sub>2</sub>	3
<i>B. oleracea</i> (+) <i>Raphanus sativus</i>	F <sub>3</sub> , F <sub>4</sub>	32

Tab. 2: Anzahl und relativer Anteil von Genotypen mit Resistenz gegenüber unterschiedlichen Pathogenen

Table 2: Number and percentage of genotypes resistant to different pathogens

Materialgruppe	<i>Turnip mosaic virus</i> (TuMV)		<i>Plasmodiophora brassicae</i>		<i>Xanthomonas campestris</i> pv. <i>campestris</i>	
	resistent	anfällig	resistent	anfällig	resistent	anfällig
<i>Brassica oleracea</i> (+) <i>B. nigra</i>	0 (0 %)	2 (100 %)	56 (55,4 %)	45 (44,6 %)	37 (41,1 %)	53 (58,9 %)
<i>B. oleracea</i> (+) <i>B. juncea</i>	0 (0 %)	2 (100 %)	0 (0 %)	3 (100 %)	3 (100 %)	0 (0 %)
<i>B. oleracea</i> (+) <i>B. carinata</i>	0 (0 %)	2 (100%)	2 (66,7 %)	1 (33,3 %)	1 (50 %)	1 (50 %)
<i>B. oleracea</i> (+) <i>Raphanus sativus</i>	28 (84,8 %)	5 (15,2 %)	19 (61,3 %)	12 (38,7 %)	0 (0 %)	2 (100 %)

Aus der siebenten Nachkommenschaftsgeneration nach der Protoplastenfusion von *B. oleracea* (+) *B. nigra* liegt für den Genotyp E 367/02/2, entstanden aus drei aufeinander folgenden Selbstbestäubungen und vier Rückkreuzungen mit *B. oleracea* ( $F_3BC_4$ ), folgender Befund zur chromosomalen Struktur vor: Summe der Chromosomen 25, in der Meiose 9 Bivalente und 7 Univalente. Da *B. oleracea* neun Chromosomen besitzt können die sieben Univalente als Chromosomen von *B. nigra* gedeutet werden. Bemerkenswert ist die relativ hohe Anzahl, sieben von ursprünglich acht Chromosomen von *B. nigra*, nach vier aufeinanderfolgenden Rückkreuzungen. Dieser Befund ist ebenfalls in die Richtung einer Stabilisierung auf allotetraploidem Niveau zu interpretieren.

Für die Weiterentwicklung des Materials ist der dargestellte Genotyp von exemplarischer Bedeutung, da er eine Resistenz gegenüber *P. brassicae* aufweist. Weitere Rückkreuzungen werden zeigen, ob auf dem Wege der Introgression eine Übertragung der Resistenz in das Genom von *B. oleracea* erfolgt ist.

Abstract:

Different numbers of genotypes and numbers of progeny generations are present in material resulting from protoplast fusions of *B. oleracea* with *B. nigra*, *B. juncea*, *B. carinata*, and *Raphanus sativus* respectively. Resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* exist in the group *B. oleracea* (+) *B. nigra*, *B. juncea* and *B. carinata* whereas resistance to *Plasmodiophora brassicae* is present in the group *B. oleracea* (+) *B. nigra*, *B. carinata* and *R. sativus*. Resistance to Turnip mosaic virus (TuMV) was found in the group *B. oleracea* (+) *Raphanus sativus*.

(BAZ1160)

### 5.3 Charakterisierung transgener Linien von *Brassica oleracea* var. *botrytis* und *B. napus* nach direktem Gentransfer in Mesophyllprotoplasten

#### Characterization of transgenic *Brassica oleracea* var. *botrytis* and *B. napus* lines after direct gene transfer into mesophyll protoplasts

Klocke, E.; Ryschka, U.; Schubert, J.; Krämer, R.; Thu, P.T.L.; Schumann, G.

Zielsetzung/Aim:

Der direkte Gentransfer stellt eine potenzielle Möglichkeit zur Schaffung transgener Pflanzen dar. Dabei soll geprüft werden, ob diese Methode auch für verschiedene *Brassica*-Species eine Alternative zum *Agrobacterium* vermittelten Transfer darstellen kann. Dies ist wichtig, da der direkte Gentransfer die Möglichkeit zur gleichzeitigen und unabhängigen Übertragung mehrerer Gene eröffnet, als auch eine Methode für den Erhalt markergener freier Pflanzen darstellt. Ein weiterer bedeutender Vorteil, aus der Sicht biosicherheitsrelevanter Beurteilung der Pflanzen, ist der Ausschluss latenter Agrobakterien in den Pflanzen.

Neben diesen methodischen Fragen war die Schaffung von Pflanzen mit einer neuartigen Resistenz gegen das TuMV von Interesse.

Direct gene transfer could be one of the potential possibilities for creating transgenic plants. It should be to proof if this method is an efficient tool for various *Brassica*-species like an alternative to *Agrobacterium* mediated transfer. It makes feasible the study of independent and simultaneous transfer of several genes. Direct gene transfer offers the chance for getting plants without marker gene. Moreover, with regard to biosafety the getting of plants without persistent *Agrobacteria* is important.

Besides this methodological aspect the creation of basic material with new resistance traits against TuMV was being of interest.

Ergebnisse:

Für den direkten Gentransfer wurden Mesophyllprotoplasten von *Brassica oleracea* var. *botrytis* 'Korso' als auch von *B. napus* 'Hanna' und 'Maplus' genutzt. Pflänzchen wurden ca. vier Wochen *in vitro* angezogen und dienten nach dieser Periode der Protoplastenisolierung. Die Protoplasten erlangten durch eine Temperaturbehandlung bei 42 °C und durch die Zugabe von PEG die Kompetenz für die Aufnahme von Fremd-DNA.

Für den Gentransfer wurden folgende Plasmide verwendet: pGl 2 (mit *hpt*-Gen), pRT 100 GFP (mit *gfp*-Gen), sowie pRT 102 TuMV-Cp (Cp-Gen des TuMV). Je 100 µg der Plasmide (einzeln oder kombiniert) wurden zur Protoplastensuspension gegeben. Der Transferprozess wurde zusätzlich mit 100 µg Heringssperma-DNA unterstützt.

Die Regeneration erfolgte anfänglich im Flüssigmedium ( $B_5$  + 2,4 D, NAA, BA). Durch Verdünnung nach jeweils drei Tagen wurde der osmotische Druck schrittweise vermindert. Nach ca. zwei Wochen konnten erste Mikrokolonien auf festes  $B_5$ -Medium + 2,4 D, NAA, BA passagiert werden. Regenerierte Sprosse wurden auf MS-Medium + NAA weiterkultiviert.

Während beim Blumenkohl Pflänzchen sowohl auf dem Selektivmedium (mit Hygromycin) als auch ohne regenerierten, wurden die *Brassica-napus*-Pflanzen ausschließlich auf nichtselektivem Medium erhalten. Bei Zugabe von Hygromycin entwickelten sich die Kalluse von *B. napus* nicht weiter.

Die regenerierten Pflänzchen wurden in einem möglichst frühen Entwicklungsstadium mittels PCR mit den für das übertragene Fremdgen spezifischen Primern überprüft. Positiv getestete Pflanzen wurden zusätzlich im Southern Blot untersucht. Dabei wurde festgestellt, dass die transgenen Linien sehr unterschiedliche Hybridisierungssignale zeigten. In Abb. 1 sind transgene Pflanzen nach Hybridisierung mit einer DIG-markierten TuMV-Sonde abgebildet. Während bei Pflanze 4 nur ein

Tab. 5: Anzahl der regenerierten und transformierten Pflanzen nach direktem Gentransfer  
 Table 5: Number of regenerated and transformed plants after direct DNA uptake

Pflanzenmaterial	Übertragene Gene	Anzahl regenerierter Pflanzen	Anzahl transgener Pflanzen
<i>B. oleracea</i> var. <i>botrytis</i> cv. 'Korso'	<i>hpt + TuMV-Cp</i>	135	2
	<i>hpt + TuMV-Cp+ gfp</i>	138	13
	<i>hpt + gfp</i>	175	1
<i>B. napus</i> cv. 'Hanna'	<i>hpt + TuMV-Cp</i>	114	9
	<i>hpt + TuMV-Cp+ gfp</i>	60	7
	<i>hpt + gfp</i>	15	0
<i>B. napus</i> cv. 'Maplus'	<i>hpt + TuMV-Cp</i>	0	0
	<i>hpt + TuMV-Cp+ gfp</i>	2	1
	<i>hpt + gfp</i>	0	0

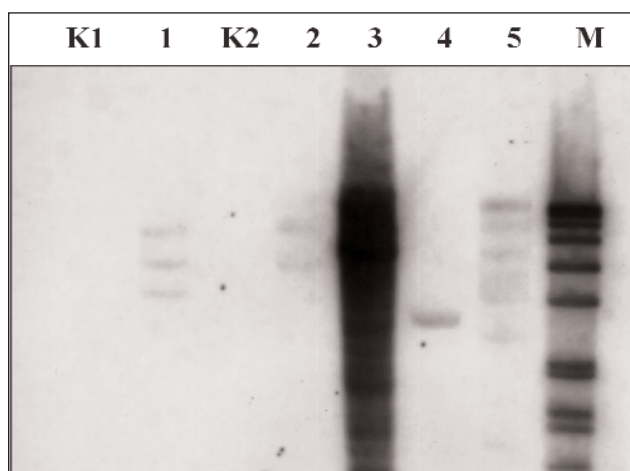


Abb. 1: Southern Hybridisierung transgener Pflanzen mit DIG-markierter Sonde TuMV-cp. K1: Untransformierte Pflanze *B. oleracea* var. *botrytis*, K2: Untransformierte Pflanze *B. napus*, 1: transgene Pflanze *B. oleracea* var. *botrytis*, 2-5: transgene Pflanzen *B. napus*, M: DNA-Marker

Fig. 1: Southern blot of transgenic plants with DIG labeled probe TuMV-cp. K1: Nontransgenic plant *B. oleracea* var. *botrytis*, K2: Nontransgenic plant *B. napus*, 1: transgenic *B. oleracea* var. *botrytis* plant, 2-5: transgenic plants *B. napus*, M: DNA marker

Fragment nachgewiesen wurde, hybridisierte Pflanze 3 sehr intensiv. Die Ursache ist eine sehr hohe Anzahl von Kopien des Fremd-Gens im Genom dieser Pflanze.

17 T<sub>0</sub> Linien mit dem Resistenzgen TuMV-cp wurden *in vitro* verklont und ins Gewächshaus überführt. Nach künstlicher Inokulation wurden die transgenen Linien bestehend aus jeweils mindestens 5 Einzelpflanzen mittels DAS-ELISA getestet. Eine Resistenz gegen das TuMV konnte bisher nicht nachgewiesen werden. Zur Feststellung der Vererbbarkeit der übertragenen Gene als

auch zur Überprüfung der Resistenz wurde nach isolierter Abblüte Saatgut erzeugt. Die Untersuchung der T<sub>1</sub> ist noch nicht abgeschlossen.

Abstract:

Transgenic plants of *Brassica oleracea* var. *botrytis* 'Korso' and *B. napus* 'Hanna' and 'Maplus' were obtained through PEG-mediated direct transformation of mesophyll protoplasts. The competence for DNA uptake was achieved by heat treatment of protoplasts and addition of PEG. The protoplasts were transformed by using one or two plasmids and additionally a carrier DNA (fish sperm DNA). The plasmids contained the following genes: *hpt*, *gfp* and TuMV-cp. Plants of *B. oleracea* var. *botrytis* have been received under selective (with hygromycin) as well as under nonselective conditions. In case of rape all plants developed only without selection agent. The regenerated plants were characterized by PCR as well as by Southern hybridization. The Southern hybridization pattern revealed various copy numbers in the transgenic plant lines. First resistance screening of T<sub>0</sub> plant lines did not show any resistance against TuMV. Concerning inheritance of foreign genes as well as resistance traits the investigation of the T<sub>1</sub> is now in progress.

In generally, the results demonstrate that the direct gene transfer via protoplasts proposes new possibilities for transfer of few genes coincidentally and independently. Moreover, there is the chance that the transgenic plants contained only the gene of interest either caused by independent transfer of genes or by using a protocol without selection pressure.

(in Ergänzung zu BAZ-1140)

## 6. Hochwertige Arznei- und Gewürzpflanzen für den Verbraucher High-value medicinal and aromatic plants for the consumer

### 6.1 Entwicklung von Arzneifenchelformen (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *vulgare*) mit neuen Werteeigenschaften 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-Bag-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 inhaltsstofflichen Forderungen an einen kleinfrüchtigen Arzneifenchel, Typ 2 wird als Träger der Resistenz entwickelt

The most important prerequisite for the maintenance and extension of the fennel supply from domestic cultivation is the provision of fennel varieties with small fruits suitable

Tab. 1: Eigenschaften der Familien der für die Entwicklung kleinfrüchtiger Linien selektierten Fenchel-Elitepflanzen. Quedlinburg 2001 (fv122)

Table 1: Characteristics of elite fennel plant families selected for the development of lines with small fruits. Quedlinburg 2001 (fv122)

PG	TKM g/1000 Früchte	äth. Öl % v/g	Anethol % v/v	Fenchon % v/v	Estragol % v/v
1	4,05 B	4,40 C	74,6 AB	12,1 B	2,34 A
2	4,76 AB	5,75 AB	75,2 AB	14,6 AB	2,53 A
3	4,09 B	4,50 BC	73,4 AB	17,9 A	2,48 A
4	4,40 AB	5,22 BC	73,7 AB	16,1 AB	2,54 A
5	4,47 AB	6,90 A	69,8 B	14,8 AB	2,41 A
6	4,85 AB	5,05 BC	76,0 AB	14,8 AB	2,63 A
7	5,35 A	4,98 BC	74,8 AB	15,2 AB	2,50 A
8	5,19 A	4,88 BC	78,2 A	13,3 AB	2,70 A
GD α 5 % (Tukey)	0,99	1,25	7,4	5,5	0,36

for tee 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 are intended to be developed, which are suitable as donors of the required characteristics: type 1 meets the agronomic and chemical requirements for bitter fennel with small fruits, type 2 will 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 Nachkommenschaften entwickelt. Ausgangsmaterial sind geeignete Populationen der BAZ, die aus der Evaluierung zahlreicher Akzessionen mit nachfolgender züchterischer Bearbeitung hervorgegangen sind. 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 Öles (% v/v) mit Hilfe der Nah-Infrarot-Spektroskopie. Die Testpopulationen werden durch einen Spreader unter natürlichen Bedingungen im Freiland mit *M. anethi* infiziert. Die Bewertung der Befallsintensität erfolgt durch Bonitierung der Schadenssymptome mit den Noten 1 (kein Befall) bis 9 (Totalbefall).

Tab. 1 enthält die Eigenschaften der 2001 geprüften Familien der 2000 selektierten Elitepflanzen.

Tab. 2: Eigenschaften der Familien der für die Entwicklung *Mycosphaerella* resistenter Linien selektierten Fenchel-Elitepflanzen. Quedlinburg 2001 (fv121)

Table 2: Characteristics of elite fennel plant families selected for the development of *Mycosphaerella* resistant lines. Quedlinburg 2001 (fv121)

PG	<i>Mycos.</i> Note	äth. Öl % v/g	Anethol % v/v	Fenchon % v/v	Estragol % v/v
'Berfena'	6,4 A	8,40 A	67,1 BC	21,2 AB	2,29 BC
2	5,1 AB	1,76 D	85,3 AB	10,6 BC	3,06 AB
3	4,3 B	3,85 BC	74,7 ABC	15,3 ABC	2,43 BC
4	5,0 AB	2,18 CD	89,6 A	0,0 C	3,48 A
5	4,1 B	3,15 C	80,7 AB	8,9 BC	2,75 AB
6	4,3 B	5,23 B	56,1 C	31,9 A	1,71 C
7	4,4 B	2,96 C	77,7 AB	13,9 ABC	2,66 AB
8	4,7 AB	3,48 BC	81,3 AB	10,5 BC	2,88 AB
GD $\alpha$ 5 % (Tukey)	1,8	1,98	19,6	18,1	0,86

Die TKM der Familien unterschied sich signifikant. Sie erreichte nicht bei allen Familien den angestrebten Wert von < 4,5 g. Der Gehalt an ätherischem Öl und der Ölkomponenten Anethol und Estragol lagen in dem vom Europäischen Arzneibuch geforderten Bereich. Der Fenchongehalt wies jedoch bei einer Reihe von Prüfmitgliedern nicht den vorgeschriebenen Mindestgehalt von 15 % auf. Das kleinfrüchtige Material muss deshalb hinsichtlich der wertgebenden Inhaltsstoffe noch an das Niveau der in der Praxis eingeführten Sorten herangeführt werden.

Tab. 2 enthält die Ergebnisse der Bewertung der 2001 geprüften Familien von 2000 für die Entwicklung *Mycosphaerella* resistenter Linien selektierten Elitepflanzen.

Der *Mycosphaerella*-Befall der Familien der 2000 selektierten und 2001 angebauten Elitepflanzen lag unter der Vergleichszwecken einbezogenen Sorte 'Berfena'. Jedoch erreichte die Krankheitsresistenz nicht das angestrebte Ausmaß. Der Gehalt an ätherischem Öl und der Fenchongehalt des ätherischen Öles war in den meisten Fällen völlig unbefriedigend. Der Anethol- (Ausnahme PG 6) und der Estragolgehalt des ätherischen Öls wurden den Anforderungen des Europäischen Arzneibuchs gerecht. Die Untersuchungsergebnisse zeigen, dass weniger anfälliges genetisches Material häufig den Anforderungen an die Inhaltsstoffe nicht entspricht, so dass der Entwicklung resistenter Linien Rückkreuzungsprogramme zur Einlagerung des geforderten Chemotyps folgen müssen.

Abstract:

The lines will be 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 im-

provement act as starting material. The evaluation of the thousand seed weight (TSW) is performed by manual counting and succeeding weighing of the fruits. The essential oil content of the fruits (% v/w) and the components of the essential oil (% v/v) are determined by near-infrared-spectroscopy. The test populations are infected by a highly *Mycosphaerella* - susceptible spreader on the experimental field. The susceptibility is valued by scoring the symptoms (1 = without infestation, 9 = thorough infestation).

Tab. 1 informs about the characteristics of the families originating from elite plants selected in 2000 for the development of lines with small fruits. The TSW of the families was significantly different. No all families achieved the required value of < 4.5 g. Due to unsatisfying chemical composition of the genotypes with small fruits it will be necessary to improve the content of important compounds by further breeding efforts.

The susceptibility to *M. anethi* of different fennel accessions was assessed in 2000. Populations with the lowest susceptibility were tested anew in 2001 in a field experiment and compared with the standard variety 'Berfena'. Tab. 2 informs about the infestation by *M. anethi* and other important traits. The figures show that less susceptible genotypes often do not comply with the requirements to important compounds. Therefore the introgression of the desired chemotype by crossings is necessary.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Genbank, K. Hammer und A. Graner

(BAZ 1134)

## 6.2 Genetische und pflanzenbauliche Grundlagen für die Erzeugung von kleinfrüchtigem Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare*) im traditionellen Anbau von Sachsen-Anhalt

### Genetical 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 Tea-Bag-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 ätherischem Öl durch Kreuzung geeigneter Donoren, die Ermittlung des Erfolges bei simultaner Selektion auf Kleinfrüchtigkeit und hohen Ätherisch-Ölgehalt 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 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 will be studied. A model technology for cropping of small grained fennel will be provided. The 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 von Einzelpflanzen der entstandenen  $F_1$  wurde das  $F_2$ -Saatgut gewonnen. 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 Öles (% v/v) mit Hilfe der Nah-Infrarot-Spektroskopie. Der Vergleich der Nachkommen von Elitepflanzen, die aus der  $F_1$  und der  $F_2$  ausgelesen wurden, mit den Ausgangspopulationen gibt über den Erfolg der Selektion auf sowohl Kleinfrüchtigkeit als auch hohen Gehalt an ätherischem Öl Auskunft.

Im Jahre 2001 erfolgte der Anbau der  $F_2$  und der Familien der im Jahre 2000 in der  $F_1$  selektierten Elitepflanzen zur Auslese von Einzelpflanzen, die kleine Früchte und hohen Gehalt an ätherischem Öl aufweisen. Im Jahre 2002 wurden die Populationen der Eltern, der  $F_1$  und der  $F_2$  in einem Feldversuch angebaut, um durch Bewertung der Einzelpflanzen Schlussfolgerungen über die Kombinierbarkeit der beiden Merkmale abzuleiten. Abb. 1 zeigt Histogramme der Verteilung der Tausendkornmasse und des Ätherischöl-Gehaltes in der 2001 angebauten  $F_2$ .

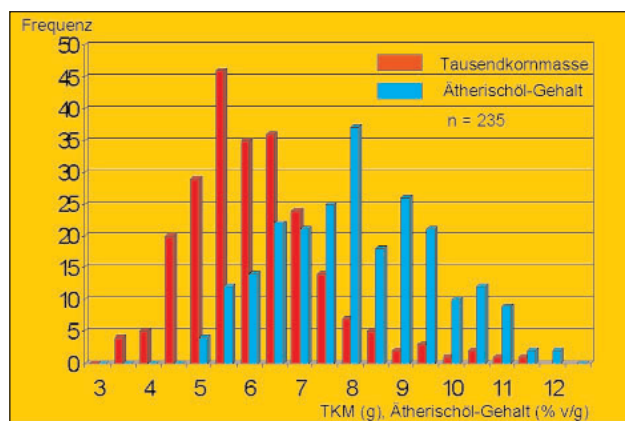


Abb. 1: Histogramme der Verteilung der Tausendkornmasse und des Ätherischöl-Gehaltes der Fenchel-Einzelpflanzen der  $F_2$ -Generation. Quedlinburg 2001

Fig. 1: Histogrammes of the distribution of the thousand seed weight and the essential oil content of individual fennel plants of the  $F_2$  generation. Quedlinburg 2001

Die mütterlichen/väterlichen Kreuzungspartner hatten mittlere Werte der TKM von 10,9/3,6 g und des Gehaltes an ätherischem Öl von 14,9/5,5 %. Wie die Histogramme der Abb. 1 zeigen, weist die F<sub>2</sub> nur einen geringen Prozentsatz von Pflanzen mit sehr kleinen Früchten jedoch einen größeren Anteil von Pflanzen mit hohem Ätherischöl-Gehalt auf. Die erwünschte Kombination einer TKM < 4,5 % und einem Ätherischöl-Gehalt > 8 % war nur bei 2,6 % der Einzelpflanzen zu verzeichnen. Die Ergebnisse zeigen, dass die Kombination der Kleinfrüchtigkeit mit einem hohen Gehalt an ätherischem Öl möglich erscheint, die erwünschten Genotypen jedoch in nur sehr geringer Anzahl auftreten.

Abstract:

For testing the feasibility of the combination of small shaped fruits with high essential oil content castrated flowers of 10 individual plants of a population with big fruits and high essential oil content were pollinated with the pollen mixture of 9 individual plants of a population with small fruits and low essential oil content. The F<sub>2</sub> seeds were produced by isolated cultivation of individual plants of the resulting F<sub>1</sub>. 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) are determined by near-infrared-spectroscopy. The comparison of the elite plants progenies selected from the F<sub>1</sub> and the F<sub>2</sub> with the starting populations provides information on the response to simultaneous selection on as well small fruits as on high essential oil content. The F<sub>2</sub> and the families of the elite plants of the F<sub>1</sub> selected in 2000 were cultivated in 2001 for selection of individual plants with small fruits and high essential oil content. Populations of the parents, the F<sub>1</sub> and the F<sub>2</sub> has been cultivated in a field experiment in 2002 to derive conclusions on the fitness for combination of the both traits by evaluation of the individual plants. Fig. 1 shows the histograms of the distribution of the TWS and the essential oil content of the F<sub>2</sub> cultivated in 2001.

The female/male crossing partners had average values of 10.9/3.6 g TWS and 14.9/5.5 % essential oil content. The F<sub>2</sub> had only a small portion of individual plants with small shaped fruits but a greater share of plants with high essential oil content. The required combination of TWS < 4.5 % and essential oil content > 8 % had only 2.6 % of the individual plants. The results reveal, that the combination of small fruits with a high essential oil content seems to be possible, but the number of the aspired genotypes is low.

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

(BAZ 1158, FKZ 3271A/0020L, EFRE 2.21.8.0100014)

### 6.3 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 Kreuzungsnachkommenschaften 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 der BAZ 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 mehrere Zyklen von Selektion und isolierter Abblüte von Elitepflanzen und Prüfung ihrer Nachkommenschaften entwickelt. Der Ertrag (g/Einzelpflanze) 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.

Im Jahre 2001 wurden die Familien von im Jahre 2000 selektierten Elitepflanzen im Zuchtgarten angebaut und einzelpflanzenweise bewertet. Abb. 1 zeigt die mittlere Leistung der aus diesen Familien durch visuelle Vorauswahl selektierten Pflanzen. Der mittlere Einzelpflanzenenertrag

der Familien schwankte zwischen 36,6 und 64,8 g und der Ätherischöl-Gehalt zwischen 3,01 und 5,29 %. Wie Abb. 1 deutlich macht, ist mit zunehmendem Ertrag ein Trend zu geringerem Ätherischöl-Gehalt zu verzeichnen, so dass bei der Selektion auf hohen Ertrag der Erhaltung eines angemessenen Ölgehaltes besondere Aufmerksamkeit gewidmet werden muss.

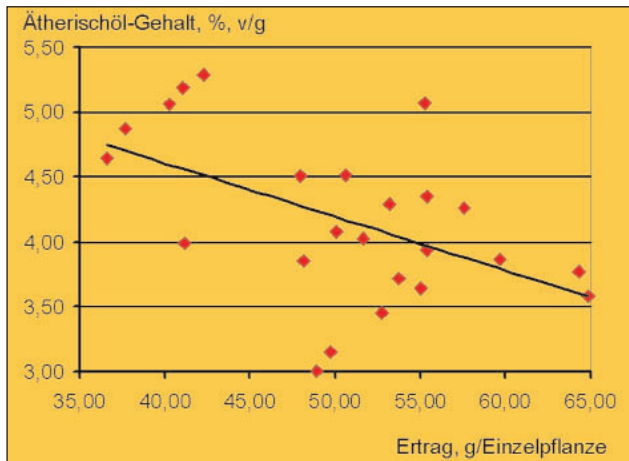


Abb. 1: Mittlerer Einzelpflanzenenertrag und Ätherischöl-Gehalt der Familien im Jahre 2000 selektierter Elitepflanzen. Quedlinburg 2001

Fig. 1: Average yield and essential oil content of individual plants of families originating from elite plants selected in 2000. Quedlinburg 2001

**Abstract:**

Diverse genetic BAZ 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 needed lines must have a high per se performance, that means 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 some cycles of selection and simultaneous flower isolation of elite plants and subsequent progeny testing. 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) is analyzed by means of near-infrared-spectroscopy.

The families of elite plants selected in 2000 were cultivated on the experimental field in 2001 and evaluated individually. Fig. 1 shows the average performance of the visually preselected individual plants. The average yield of the individual plants of the families ranged between 36.6 and 64.8 g and the essential oil content between 3.01 and 5.29 %. Fig. 1 points up the trend of decreasing essential oil content with increasing yield. Therefore particular attention has to be paid to the maintenance of an adequate level of the essential oil content when selecting for high yield.

(BAZ 1155)

**6.4 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**

Pank, F.; Kästner, U.; Scholze, P.

**Zielstellung/Aim:**

Johanniskraut ist auf Grund des steigenden Bedarfes an natürlichen Antidepressiva zu einer der wichtigsten Arzneipflanzen Deutschlands geworden. Der Anbau ist durch die Johanniskrautwelke stark gefährdet. Nachdem Johanniskrautpopulationen als Donoren der Welkeresistenz und anderer wertvoller Eigenschaften im Rahmen des Projektes 97NR135-F gewonnen wurden, werden nunmehr im Rahmen eines weiteren von der FNR geförderten Verbundprojektes bei der BAZ aus besonders geeigneten Populationen spezifische Linien mit Welkeresistenz, hohem Gehalt an Hypericin/Hyperforin und sexueller Reproduktion für die Kreuzungskombinationszüchtung entwickelt. Züchtungsmethodisches Know-how entsteht durch methodische Ergebnisse zum Resistenztest, zur Bestimmung des Reproduktionstyps am Flow-Cytometer und Mikroskop sowie durch Ermittlung der Selektionsresponse bei der Linienentwicklung. Durch einen weiteren Partner des Verbundprojektes werden mit definiertem Material der BAZ 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 has become one of the most important medicinal plants in Germany due to the improved demand of natural antidepressive remedies. The cultivation is severely endangered by the St. John's wort wilt. After the selection of St. John's wort populations as donors of the wilt resistance and other important characteristics in the frame of the research project 97 NR135-F from now specific lines are being developed by BAZ with wilt resistance, high hypericine/hyperforine content and sexual reproduction pathway from particular suitable populations for cross combination experiments in the frame of another research project funded by FNR. Breeding know how will emerge by methodical results on resistance testing, the determination of the reproductive pathway by flow cytometry and microscopy as well as by the determination of the response to selection during the line development. An other project partner carries out crossing experiments with well-defined genetic BAZ 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 will be used for recombination or the fast genetic fixation of desired genotypes respectively.



Ergebnisse:

In den Jahren 1998 bis 2000 wurden im Rahmen des vorangegangenen Projektes mehr als 140 verschiedene Akzessionen des Johanniskrautes evaluiert und Populationen ausgewählt, die besonders wertvolle Eigenschaften als Ausgangsmaterial für die Johanniskrautzüchtung aufwiesen. Selbstungssaatgut und Stecklinge dieser Pflanzen sowie in weiteren Evaluierungsversuchen getestetes Material 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. Drei Prüfglieder zeigten im Feldversuch 2002 eine geringere Anfälligkeit gegenüber dem Welkeerregere als die Standards. Als Standards dienen die Sorte 'Topaz' und eine anfällige Akzession (Abb.1). Die Welkebonitur erfolgt zwischen den Boniturnoten 1 = Pflanze nicht befallen und 9 = Pflanze abgestorben.

Die Bestimmung des Hypericin- und Hyperforingehaltes erfolgte an getrockneten Blütenhorizonten von Prüfgliedmischproben und Einzelpflanzen in einem Dienstleistungslabor mittels HPLC. Pflanzen mit einem hohen Gehalt beider wesentlicher Inhaltsstoffe werden bei einem weiteren Partner des Verbundprojektes mit resistenten Pflanzen gekreuzt. Der Reproduktionstyp der Johanniskrautpflanzen wurde an den Zellkernen von 50 reifen Samen/Einzelpflanze am Ploidy Analyzer Partec CAII bestimmt. Bei der Linientwicklung sexueller Pflanzen wurden alle diploiden als obligat sexuelle eingestuft, während unter Kreuzungsnachkommen diploider und tetraploider Johanniskrautpflanzen sowohl triploide obligat sexuelle als auch triploide fakultativ apomiktisch/sexuelle Formen vorkamen. Abb. 2 zeigt ein Histogramm vom obligat sexuellen Reproduktionstyp, charakterisiert durch den hohen Embryopeak und den niedrigen Endospermpeak und vom fakultativ apomiktischen Reproduktionstyp mit einem zweiten Endospermpeak bei Position 100.

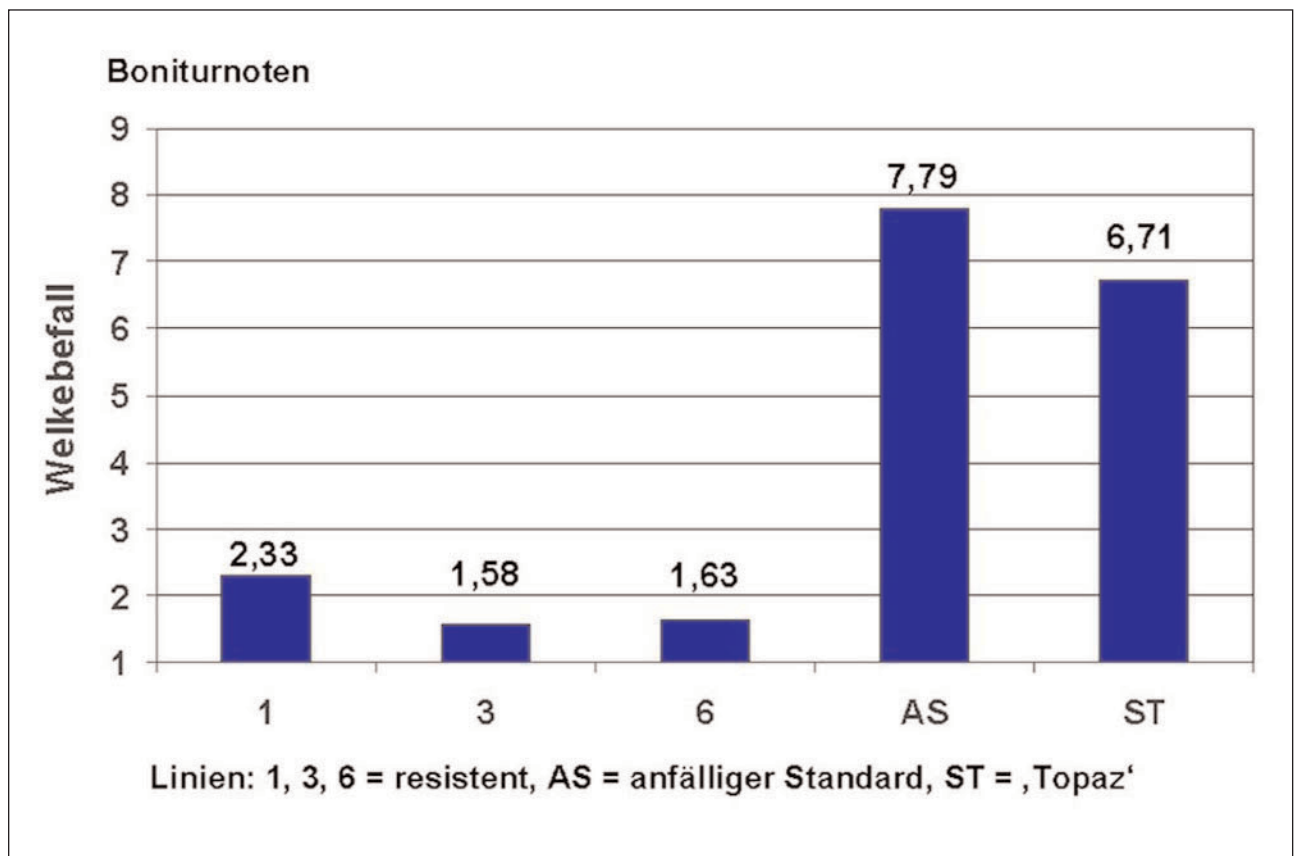


Abb. 1: Mittlerer Welkebefall im Feldversuch 2002, 2. Anbaujahr, Bonitur kurz vor der Ernte. Boniturnoten: 1 = Pflanze nicht befallen, 9 = Pflanze abgestorben, n ~ 60

Fig. 1: Average wilt infestation in the field trial 2002, second year of cultivation, valuation short before harvest. Scores: 1 = no infestation, 9 = totally damaged, n ~ 60

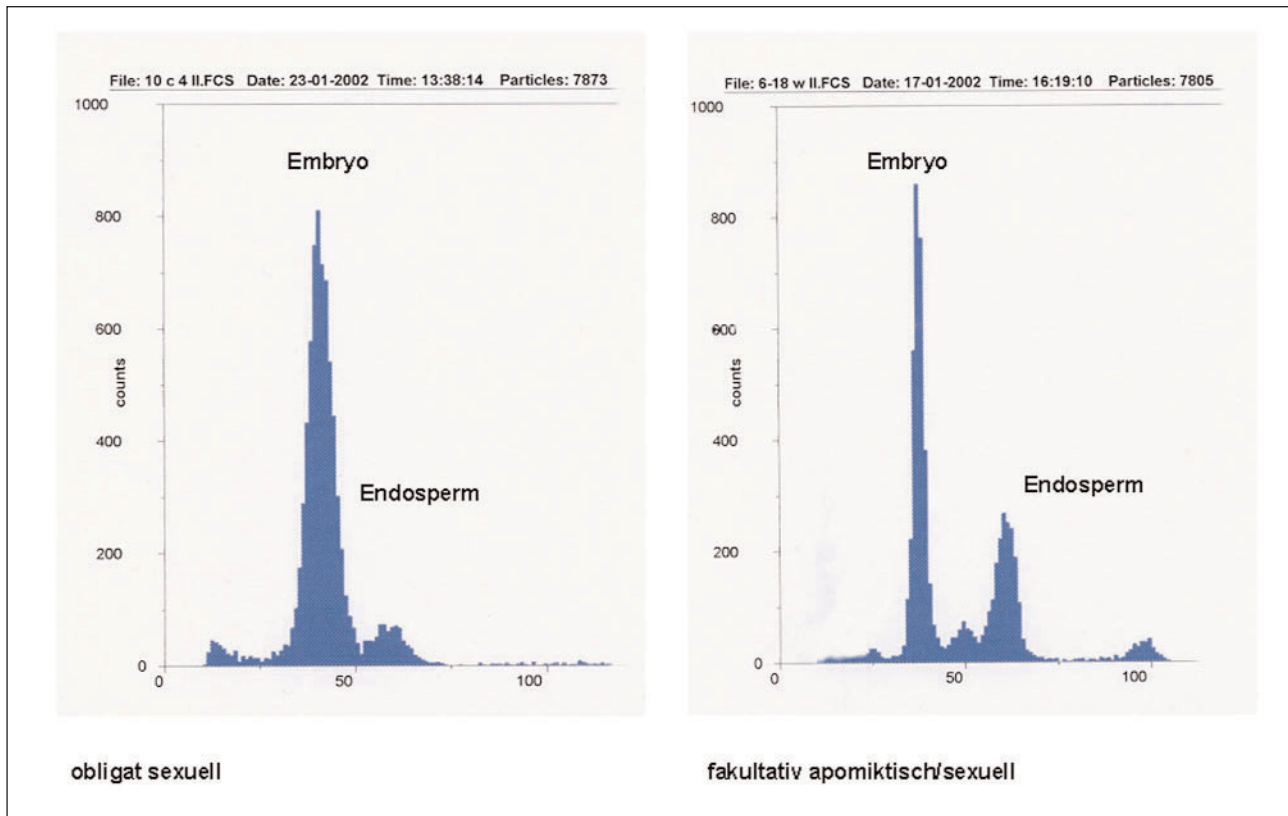


Abb. 2: Flow-cytometrische Histogramme vom obligat sexuellen und fakultativ apomiktisch/sexuellen Reproduktionstyp

Fig. 2: Flow cytometric histograms of obligate sexual and facultatively apomictic/sexual pathway

Die Kenntnisse der Reproduktionsbiologie werden durch cytoembryologische Untersuchungen am Mikroskop vertieft.

**Abstract:**

More than 140 accessions of St. John's wort were evaluated from 1998 to 2000 in the frame of a preceding research project and populations with particular valuable characteristics were selected as starting material for St. John's wort breeding. Seeds of self-fertilization or cuttings of these plants and material tested in evaluation trials were involved in the development of specific lines. Within the development of 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. Three tested populations showed a smaller susceptibility to St. John's wort wilt in the field trial than the standards. The standards were the cultivar 'Topaz' and a susceptible accession (Fig. 24). The wilt infestation ranges between the scores 1 = no infestation and 9 = totally damaged. The determination of the hypericine and hyperforine content of the dried flowering upper parts of the shoots of populations or single plants was performed by HPLC in a service laboratory. Plants with high contents of both essential compounds will be crossed with resistant plants by an other partner of the research project. 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. All diploid populations were obligatory sexual whereas crossing progenies of diploid and tetraploid St. John's wort plants were triploid obligate sexual as well as triploid facultatively apomictic/sexual. Figure 25 shows a histogram of the obligate sexual pathway characterized by a high embryo peak and a low endosperm peak and of the facultatively apomictic/sexual pathway with a second endosperm peak in position 100.

The knowledge of reproduction biology will be completed with cytoembryological investigations by the microscope.

In Zusammenarbeit mit: Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e.V., Sinzig, Kroth, E.; N. L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH, Erfurt, Blüthner, W. D.; Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Matzk, F.; Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenschutz im Gartenbau, Gärber, U.

(BAZ 1153, FNR 22002600)

# Institut für Pflanzenanalytik

## Institute of Plant Analysis

### Quedlinburg

Die Qualität pflanzlicher Erzeugnisse orientiert sich in der heutigen Zeit an gesundheitlich unbedenklichen und schmackhaften Produkten aus einer nachhaltigen naturverträglichen Produktion. Entsprechend dieser Leitlinie befasst sich das Institut für Pflanzenanalytik als querschnittsorientierte Einrichtung mit dem gesamten Spektrum der Qualitätsforschung bei zahlreichen Obst- und Gemüsekulturen sowie bei ausgewählten Medizinal- und Gewürzpflanzen. Das vorrangige Ziel der durchzuführenden Arbeiten ist es dabei, durch zuverlässige analytische und sensorische Methoden sichere Unterscheidungskriterien für den Selektionsprozess zu liefern.

Neben Züchtungsprojekten werden auch Nachernteprozesse und Verarbeitungstechniken wie Trocknung, Entsaftung, Extraktion oder Destillation analytisch begleitet.

Im einzelnen bestehen z. Z. folgende Arbeitsschwerpunkte:

- Entwicklung zerstörungsfrei arbeitender Analysenmethoden;
- Screening genetischer Ressourcen im Hinblick auf wertgebende und toxikologisch relevante Inhaltsstoffe;
- Charakterisierung der durch Nachernte- und Verarbeitungsprozesse induzierten, inhaltsstofflichen und sensorischen Qualitätsveränderungen;
- Erforschung molekularer Grundlagen zur Biosynthese wichtiger sekundärer Pflanzeninhaltsstoffe;
- Auffinden von Korrelationen zwischen sensorischer Qualität und analytisch ermittelten Inhaltsstoff-Profilen;
- Erforschung der Wechselwirkungen zwischen Pathogen-Resistenzen und spezifischen Sekundärstoffen.

Um die formulierten Zielsetzungen zu erfüllen, müssen auch in der Züchtungsforschung die Besonderheiten der ökologischen Anbaubedingungen Berücksichtigung finden. Mehrere Projekte des Institutes sind daher auf die neuen politischen Schwerpunkte ausgerichtet. Insbesondere beim Erhalt der biologischen Vielfalt kommt der Analytik in diesem Zusammenhang ein besonderer Stellenwert zu. In der Qualitätszüchtung von Obst und Gemüse werden bereits seit einiger Zeit verstärkt inhaltsstoffliche Aspekte berücksichtigt; hierbei bestehen die Forschungsziele vor allem in der Definition objektiver Qualitätsparameter sowie in der Entwicklung praktikabler Messmethoden. Darüber hinaus werden im umfangreichen Maß wertgebende Komponenten von Wildtypen und „alten Sorten“ charakterisiert, um aus den Ergebnissen Ansatzpunkte für neue Züchtungsaktivitäten ableiten zu können.

So wurden von etwa 50 Kulturerdbeersorten und Wildformen der Erdbeere Aromaextrakte isoliert und mittels GC-Massenspektrometrie analysiert. Mit Hilfe der GC-Olfaktometrie (Sniffinganalyse) und der Anwendung des Aromawertkonzeptes konnten etwa 20 aromawirksame Substanzen identifiziert werden, die oftmals hoch genetisch determiniert sind. Insbesondere bei den Sniffinganalysen wurden bei einigen älteren Sorten sensorische Eindrücke registriert, die in modernen, hochleistungsfähigen Sorten fehlen. Dieser Aspekt ist in Abb. 1 anhand der typischen Aromamuster einer alten und einer neuen Erdbeersorte veranschaulicht.

Unterschiede zeigen sich hier insbesondere im Gehalt an Estern. Während die Fruchtester kurzketziger Carbonsäuren für ein frisch-fruchtiges Aroma der Erdbeere verantwortlich sind, bewirkt der

Gehalt an Methylantranilat einen walderbeerartigen, blumigen Aromaeindruck. Von den nichtflüchtigen Inhaltsstoffen sind insbesondere die Anthocyane und die Ellagsäure aufgrund ihrer positiven gesundheitlichen Eigenschaften von Interesse. Auch bei diesen Stoffgruppen wurde bei den untersuchten Erdbeerproben eine große genetische Variabilität beobachtet.

Ähnliche Ergebnisse zeigten sich auch bei alten, regionalen und neuen lagerfähigen Melonensorten, die im Rahmen eines internationalen Projektes mit Israel untersucht wurden. Hier sind die älteren Sorten ebenfalls durch einen hohen Gehalt und eine Vielzahl flüchtiger Inhaltsstoffe charakterisiert. Als Ursache für die Verarmung an Aromastoffen in neueren Sorten, die als „genetische Erosion“ oder „genetische Drift“ angesehen werden kann, wird die in der Vergangenheit betriebene, einseitige Konzentration von Zuchtzielen auf äußere Qualitätsmerkmale sowie die technologische Eignung angesehen. Außerdem standen bisher keine geeigneten objektiven Bestimmungsmethoden für Züchtungszwecke zur Verfügung, um eine effiziente Selektion auf spezifische sensorische Eigenschaften zu ermöglichen.

Die Frage der genetischen Drift ist ebenfalls Gegenstand eines aktuellen Forschungsvorhabens, das gegenwärtig im Rahmen des Bundesprogrammes „Ökologischer Landbau“ im IPA durchgeführt wird. In diesem Zusammenhang wird an den Kulturen Möhre und Kohl stellvertretend untersucht, ob signifikante Unterschiede in alten und neuen Sorten zu verzeichnen sind. Die Kulturarten werden dabei vom Kooperationspartner Kultursaat e. V. auf dem „Dottenfelderhof“ in Bad Vilbel (Abb. 2) und weiteren landwirtschaftlichen Betrieben unter ökologischen Bedingungen kultiviert. Mit Hilfe von Bonituren, der Humansensorik und Inhaltsstoffanalysen wird die Qualität von insgesamt 32 Möhren- und 22 Kohlsorten untersucht. Aus den Projektergebnissen sollen schließlich neue Zuchtziele für die ökologische und konventionelle Züchtung formuliert werden, die sich insbesondere auf die Erzielung eines hohen Genuss- und Gesundheitswertes beziehen.

In den letzten Jahren sind Fragen des Verbraucherschutzes und der Produktqualität zunehmend in das Interesse der Öffentlichkeit gerückt, wobei sich die Aufmerksamkeit vor allem auf jene gesundheitlich relevanten Inhaltsstoffe richtet, die wertbestimmend für bestimmte Produkte sein können und daher züchterische Aktivitäten erforderlich machen. Der Gesundheitswert ist oft an das Vorkommen gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe gekoppelt, wie sie auch gezielt in den sogenannten „funktionellen Nahrungsmitteln“ zum Einsatz kommen. Beispiele hierfür sind Vitamine, Flavonoide oder Carotinoide.

Andererseits kommen aber in Pflanzen auch gesundheitsschädliche Substanzen vor, welche z. T. unmittelbar toxische z. T. auch kanzerogene Wirkung besitzen können. Zu diesen unerwünschten Substanzen gehören z. B. spezielle Glucosinolate, Terpene, Phenole oder Alkaloide. Um gesundheitliche Nachteile für den Verbraucher zu vermeiden, gilt es, den Gehalt dieser Substanzen in der Nahrung zu minimieren.

Im Institut für Pflanzenanalytik konzentrieren sich die Arbeiten zur Optimierung der Inhaltsstoffprofile neben einigen Gemüsekulturen vor allem auf verschiedene Arznei- und Gewürzpflanzen. Während die Steigerung der Wirkstoffe in diesen Pflanzen von jeher von Interesse war, ist das Zucht-

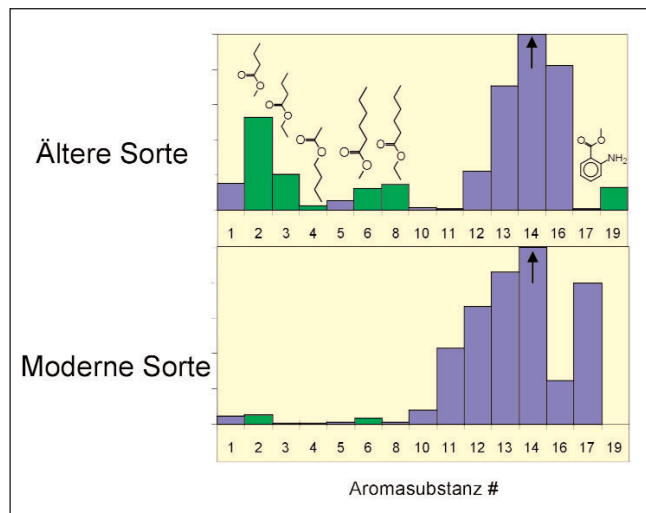


Abb. 1: Aromamuster einer „älteren“ und einer „modernen“ Erdbeersorte (Mittelwerte aus jeweils 3 Anbaujahren mit 2 Wiederholungen). Die grünen Balken charakterisieren die aromaaktiven Ester-Verbindungen

Fig. 1: Typical aroma pattern of strawberry varieties (Mean value of 3 harvest seasons with 2 replications each; green bars = aroma active esters)

ziel „Minimierung von Negativkomponenten“ erst in den letzten Jahren in den Vordergrund getreten. So werden z. B. den aktuellen Stellungnahmen der Europäischen Gemeinschaft entsprechend, die auf das karzinogene Potential von Methyleugenol, Estragol und Thujon hinweisen, umfangreiche Studien zum Vorkommen dieser Komponenten in Fenchel, Basilikum und Salbei durchgeführt. Während Methyleugenol und Thujon offensichtlich eine überaus große Plastizität im Inhaltsstoffspektrum von Basilikum bzw. Salbei aufweisen, scheint Estragol ein steter und mehr oder wenig konstanter Begleiter des ätherischen Fenchelöls zu sein, dessen Konzentration eng mit der des *trans*-Anethols korreliert (Abb. 3). Da *trans*-Anethol laut Europäischem Arzneibuch zu mindestens 60 % im ätherischen Fenchelöl enthalten sein muss, wird sich auch ein geringer Gehalt von Estragol nicht vermeiden lassen.

Generell sollte die Problematik gesundheitlich bedenklicher Substanzen im Rahmen der Züchtung künftig unbedingt stärkere Beachtung finden. Im Vergleich zu anderen Aspekten der Qualitätszüchtung können Zuchtziele in diesem Zusammenhang präzise formuliert werden, da die Toxizität der betreffenden Einzelsubstanzen in der Regel sehr gut beschrieben ist.



Abb. 2: Anbau von Möhrensorten und Zuchtlinien unter biologisch-dynamischen Verhältnissen auf dem „Dottenfelderhof“ in Bad Vilbel

Fig. 2: Cultivation of carrot cultivars at the „Dottenfelderhof“ in Bad Vilbel applying organic farming conditions

Today the quality of vegetable produce is focused on healthy and tasty cultivars deriving from a sustainable production compatible with nature.

According to this guideline the Institute of Plant Analysis is occupied with the whole field of quality research of medicinal and aromatic plants as well as fruit and vegetable cultivars. In this context the predominant aim of the research work is to find reliable differentiation criteria for the selection process by suitable analytical and sensoric methods.

Beside breeding projects also postharvest influences and processing technologies such as drying, juice production, extraction and distillation are supported by analytical methods.

At present time main areas of research work are:

- development of non-destructive analysis methods;
- screening of genetic resources with special regard to valuable and toxicologically relevant substances;
- research of molecular basics to get a deeper knowledge of the biosynthesis of secondary plant substances;
- to find correlations between sensoric quality and analytical profiles;
- research of interactions between pathogen resistance and specific secondary substances.

In order to fulfil the formulated aims, also the peculiarities of organic farming must be considered in breeding research. Therefore, several projects of the institute are focused on the new political orientation. In this context special emphasis is laid on the analysis of the biological diversity. In the area of quality breeding substance-related aspects have been recognised already for some time; in this

connection the research aims are above all the definition of objective quality parameters as well as the development of efficient analytical tools. Furthermore, characterisation of valuable components in wild types and old varieties is extensively performed with the aim to get approaches for new breeding activities. According to this, aroma extracts have been isolated from ca. 50 strawberry cultivars and wild strawberries and analysed by GC-mass spectrometry. Applying GC olfactometry (sniffing analysis) and the aroma value concept, about 20 aroma substances could be identified, which in most cases are highly genetically determined. Especially sniffing analysis performed at old varieties showed sensoric impressions which are missing in modern cultivars.

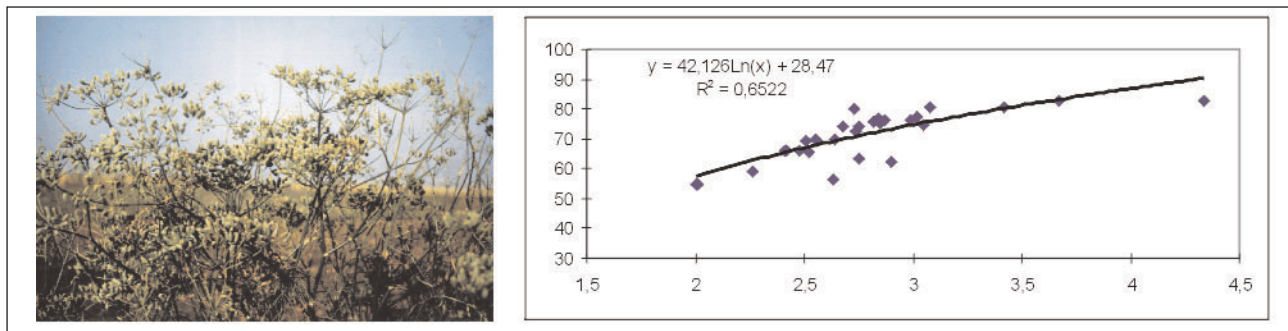


Abb. 3: In bitterem Fenchel besteht eine Abhängigkeit zwischen der Hauptkomponente *trans*-Anethol und Estragol  
 Fig. 3: In bitter fennel a dependence exists between the main component *trans*-anethole and estragole

This aspect is demonstrated in figure 1 presenting the typical aroma profiles of an old and a new strawberry variety.

Differences are to be seen especially with regard to the ester content. Whereas fruit esters of short-chain carboxylic acids are responsible for a fresh-fruity aroma of the strawberry, methylanthranilate causes the typical wild strawberry, flowery aroma impression.

Regarding the health value non-volatile substances such as anthocyanes and ellagic acid are of special interest. It has been found that these chemical compounds show also a high genetic variability in strawberry cultivars.

Similar results have been obtained with some old and modern melon cultivars, which have been analysed in context with an international project with Israel. Here, the old melon varieties as well are characterised by high amounts of numerous volatile substances. It is assumed that the reason for this decrease of aroma substances in modern varieties, which can be regarded as a „genetic erosion“ or „genetic drift“, is mainly related to the one-sided concentration of breeding on the outer appearance as well as technology properties of the fruit.

Furthermore, suitable objective analysis methods for breeding purposes, to efficiently select plants with specific sensoric properties, have not yet been available.

Presently, the „genetic drift“ is also studied in a project grant aided by the federal research programme „organic farming“. In this context, exemplary studies are performed with the aim to find significant differences between old and modern cultivars of carrot and cabbage. The plants are cultivated by the cooperation partner „Kultursaat e. V.“ at the „Dottenfelderhof“ in Bad Vilbel (figure 2) and other farms focused on this special field of cultivation. Applying valuation scores as well as human sensory and analytical methods the quality of 32 carrot and 22 cabbage cultivars is surveyed.

As a result of the project new breeding traits for ecological and conventional breeding will be formulated, aiming especially at high aroma and health values in the produce.

During the last years aspects of the consumers' protection and the product quality have got increasing importance in the society; in this context special attendance is spent on those healthy substances which are important for the value of a product and therefore require the input of breeding activities. Often the health value is connected with the occurrence of special substances such as vitamins,

flavonoids or carotenoids. But, on the other hand, plants may also contain unhealthy substances which partly may possess directly toxic or cancerogenic properties, such as special glucosinolates, terpenes, phenols or alkaloids. In order to avoid any risk for the human health, it must be the aim to minimize the content of these substances in the food. Beside the optimisation of quality aspects in various vegetable species the research work of the Institute of Plant Analysis focuses also on different medicinal and aromatic plants. Whereas the intention was always to increase the content of individual active principles, the breeding trait „minimizing of negative components“ is to the fore only in the last years. So, according to the latest proposals of the European Community, which refer to the carcinogenic potential of methyleugenol, estragole and thujone, extensive studies with regard to the occurrence of these components in fennel, basil and sage are performed. Whereas methyleugenol and thujone obviously show a very high plasticity in the profiles of basil and sage, it can be assumed that estragole occurs in more or less small amounts in all essential oils of fennel, correlating with the content of *trans*-anethole (figure 3). Because, according to the European Pharmacopoeia, the minimum content of *trans*-anethole in the essential oil is fixed to 60 %, lower amounts of estragole can not be avoided in the future.

Generally, the aspect of unhealthy substances should absolutely receive more attention in breeding activities. Compared with other aspects of quality breeding, in this context the traits can be precisely defined, because usually the toxicity of the relating substances is described very detailed.

## 1. Obst und Gemüsekulturen Fruit and Vegetable Cultivars

### 1.1 Bestimmung von Aromamustern zur Genomkartierung bei Möhren (*Daucus carota* L.) Estimation of aroma patterns for genome mapping of carrots (*Daucus carota* L.) Ulrich, D.; Straka, P.; Nothnagel, T.

#### Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe von effektiven Analysenmethoden sollen die Aromamuster von ausgewählten Möhrengentypen bestimmt werden. Die Aromaanalyse dient in einem ersten Schritt der Charakterisierung der Variabilität der Aromamuster von Genbankakzessionen. Auf dieser Basis werden Elternlinien für Kreuzungsexperimente zur Analyse des genetischen Hintergrundes wichtiger Aromastoffe ausgewählt. Ziel ist es, in einem zweiten Schritt, die bestehende genetische Karte durch Integration von Loci für Aromastoffe zu ergänzen.

The aroma patterns of selected carrot genotypes are to be determined by effective analysis methods. In a first step flavour analysis of the gene bank accessions is performed to characterise the variability of the individual aroma patterns. Based on these results parent lines are selected for crossing experiments in order to analyse the genetic background of important aroma compounds. In a second step the existing genetic map is supplemented by integration of loci for aroma substances.

#### Ergebnisse:

Möhren sind für eine gesunde Ernährung unverzichtbar. Sie stellen eine der wichtigsten pflanzlichen Quellen für das Provitamin A weltweit dar. Die sensorische Qualität



Abb. 1: Die verschiedenen Möhrenherkünfte weisen neben einer großen morphologischen Variabilität auch deutliche Unterschiede in den Inhaltsstoffmustern auf

Fig. 1: Different carrot genotypes are characterised beside high morphological variability also by clear differences in the compound patterns

roher Möhren wird durch den Zuckergehalt sowie Aroma- und Bitterstoffe bestimmt. Die Aromamuster werden dabei wesentlich durch den Genotyp festgelegt.

Zielsetzung der Arbeiten im zurückliegenden Jahr war die Etablierung einer leistungsfähigen Analysenmethode zur Bestimmung der Aromastoffe, mit deren Hilfe Elternlinien mit definierten Aromamustern für zukünftige Kreuzungsexperimente ausgewählt werden können.

Zur Extraktion der Aromastoffe wird die automatisierte Headspace-Festphasen-Mikroextraktion (HS-SPME) eingesetzt. Diese Probenvorbereitungsmethode eignet sich zur schnellen Bestimmung von Aromastoffen in großen Probenzahlen. Zur Charakterisierung von 11 Herkünften wurden Poolanalysen von jeweils 10 Möhren ausgeführt (Abb. 1).

Alle Proben wurden mit fünffacher Wiederholung präpariert und mittels Kapillargaschromatographie (HRGC) analysiert. Zur Datenbearbeitung kam ein neuartiges statistisches Auswerteverfahren (Mustererkennung) zum Einsatz.

In Abb. 2 sind die Ergebnisse der Aromaanalysen als 2D-Plot dargestellt. Mit Hilfe der Mustererkennung wurden, im Gegensatz zur klassischen Auswertung mittels Kalibrationstabellen, alle Peaks der Chromatogramme in die Auswertung einbezogen. Der Informationsgehalt der Analysen wird nach einer statistischen Auswertung mittels Hauptkomponentenanalyse (PCA) sichtbar; es sind für die unter-

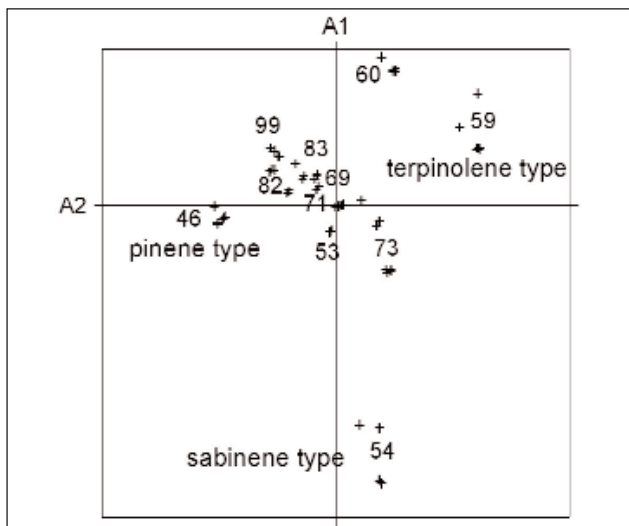


Abb. 2: Variation der Aromamuster von Möhrengentypen. 2D-Plot einer Hauptkomponentenanalyse (PCA) von Peakmustern. Gaschromatographische Bedingungen: Isolierung der Aromastoffe mittels HS-SPME, Trennung auf einer unpolaren Säule (HP5), Detektion mittels FID

Fig. 2: Variability of aroma patterns of carrot genotypes. 2D-plot of a principal component analysis (PCA) of peak patterns. Gas chromatographic conditions: isolation of aroma compounds by HS-SPME, separation on a unipolar column (HP5), detection by FID

schiedlichen Herkünfte verschiedene Cluster erkennbar. Durch parallel ausgeführte Analysen mittels GC/MS konnten die Substanzen identifiziert werden, die für die statistisch ermittelten Unterschiede verantwortlich sind. So sind einige Linien durch die Dominanz einzelner Aromastoffe

gekennzeichnet (Linie 59: Terpinolen; Linie 46: *alpha*-Pinen; Linie 54: Sabinen).

Aufgrund der Ergebnisse der Aromastoffanalysen wurden 4 Linien mit unterschiedlichen Aromamustern als Eltern für die Kreuzungsexperimente ausgewählt. Die F<sub>1</sub>-Generation aus diesen Experimenten wird derzeit im Gewächshaus kultiviert.

In einem späteren Stadium des Projektes werden dann Segregationsanalysen an F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften zur Untersuchung des genetischen Hintergrundes der Aromamuster sowie zur Entwicklung molekularer Marker und zur Genomkartierung ausgeführt. Hierfür ist eine Schnellmethode für hohe Probenzahlen erforderlich, die in der Lage ist, Aromamuster an halben Möhren-Wurzeln zu bestimmen.

In Zusammenarbeit mit: Nothnagel, T.; IGK.

(BAZ-1234)

## 1.2 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:

Auf der Basis zweier F<sub>2</sub>-Populationen (MK8, MK9) aus Wildartkreuzungen von *Daucus carota* L. wurden im BAZ-Projekt 1329 zwei vorläufige Kopplungskarten erstellt, die im Berichtszeitraum mit neuen molekularen Markern erweitert wurden. Für eine erste Zusammenführung der Karten in eine kombinierte Kopplungskarte (BAZ-Projekt 1151) ist der Nachweis in beiden Populationen spaltender identischer Marker als Ankermarker notwendig. Als erster Ansatz dazu stand die Identifizierung gemeinsamer Marker beider Populationen im Vordergrund der Arbeiten. Es wurde vorausgesetzt, dass AFLP-Banden, die nach der Fraktionierung im Gel die gleiche Position einnahmen und somit auch dieselbe Größe besaßen, identisch sind. Auf diese Weise wurden die Eltern, die F<sub>1</sub>-Generationen als Mischprobe (bulk) sowie die Einzelpflanzen der MK8 und MK9 analysiert und miteinander verglichen.



Im Ergebnis konnten 35 identische AFLP-Marker für die Entwicklung einer kombinierten Kopplungskarte zur Verfügung gestellt werden. Gleichzeitig wurden 39 bzw. 35 neue AFLP-Marker zur Erweiterung der Karten der MK8 bzw. MK9 erarbeitet.

Im großen Umfang wurde mit der Analyse für interessante Merkmale spaltender Möhrenlinien begonnen. Unbedingte Voraussetzung für die molekulare Analyse ist die im Rahmen des BAZ-Projektes 1151 erarbeitete Genetik der spaltenden Merkmale. Mit BSA (bulk segregant analysis) wurden Linien untersucht, die für Blattfarbe (*YELLOW LEAF* (*YL*) Mutant), Blattganz (Leafglossy-Gen, Projekt 1157), Wuchsformen (verschiedene Verzweigungsgene) sowie Resistenz bzw. Anfälligkeit gegenüber *Alternaria dauci* spalteten. Als Markerfaktoren dienten hierbei RAPD- und AFLP-Fragmente. Sowohl für das *YL*-Material als auch für das Blattganz-Material konnten AFLP-Banden nachgewiesen werden, die als Markerkandidaten für die jeweils beiden Varianten der Merkmalsausprägung geeignet schienen (Abb. 1). Für das *YL*-Material wurden die entsprechenden Markerkandidaten aus der BSA-Analyse an Einzelpflanzen untersucht. Im Ergebnis konnten ca. 60% der Markerkandidaten als nutzbare AFLP-Marker

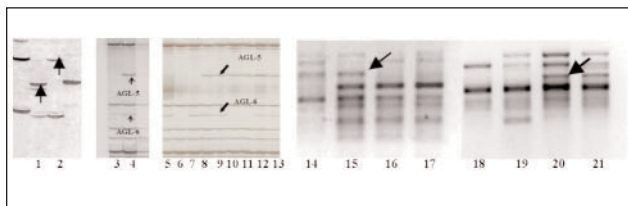


Abb. 1: 1 - 2 BSA, 1 Blattganz fehlt, 2 Blattganz vorhanden, 3 - 4 BSA, 3 gelbe Blattfarbe, 4 grüne Blattfarbe, 5 - 13 Einzelpflanzenanalyse mit Markern aus BSA (3 - 4), 14 - 21 verschiedene cDNA von 14 - 15 und 18 - 19 grünen Einzelpflanzen, 16 - 17 und 20 - 21 gelben Einzelpflanzen

Fig. 1: 1 - 2 BSA, 1 without leafglossy, 2 with leafglossy, 3 - 4 BSA, 3 yellow leaf, 4 green leaf, 5 - 13 single plant analyses with markers from BSA (3 - 4), 14 - 15 different cDNA of 14 - 15 and 18 - 19 green single plants, 16 - 17 and 20 - 21 yellow single plants

für die Blattfarben bestätigt und um den *YL* Locus kartiert werden (BAZ-Projekt 1151). Für die Integration dieses Locus in eine kombinierte genetische Karte wurden AFLP-Marker gesucht, die mit solchen der Populationen MK8, MK9 identisch sind. Als Basis dieser Arbeiten dienten dieselben oben genannten Voraussetzungen für identische AFLP-Marker. Auf diese Weise konnten 14 AFLP-Marker nachgewiesen werden, die als Ankermarker für die Integration des *YL*-Locus in eine Kopplungskarte dienen können.

Die Entwicklung hinsichtlich des *YL*-Locus homozygoter Linien in der  $F_3$  sollte die Isolierung allelspezifischer cDNA-Fragmente ermöglichen. Die RNA-Analysen an  $F_3$ -

Pflanzen ergaben erste Hinweise auf unterschiedliche cDNA-Fragmente im *YL*-Material, die entweder mit der gelben oder mit der grünen Blattfarbe korrelierten.

Die Analysen der anderen spaltenden Linien werden zur Zeit ausgewertet und in ähnlicher Weise wie beim *YL*-Material weitergeführt. Ziel ist es, die Sequenzen, die jeweils für die Merkmalsausprägung verantwortlich sind, zu identifizieren und anschließend für die Entwicklung der kombinierten Kopplungskarte von *Daucus carota* L. zur Verfügung zu stellen.

Abstract:

The development of molecular markers for improvement of two linkage maps of *Daucus carota* L. was continued. First of all 35 identical AFLP markers for the two mapping populations MK8 and MK9 were detected. In a first step these identical AFLP fragments can be used as anchor loci for the establishment of a combined linkage map of carrot *Daucus carota* L. Bulk segregant marker analysis (BSA) of segregating carrot populations resulted in AFLP-candidate markers for the *YELLOW LEAF* (*YL*) mutant. Further analyses of single plants showed, that about 60 % of the marker candidate bands could be linked as markers for the *YL* locus (BAZ-1151). 14 AFLP markers identical with those of MK8 and/or MK9 were found. They can be used for the integration of the *YL* locus in the combined map of carrot in future. The development of homozygote  $F_3$  families opened a possibility for isolation of allele specific cDNA fragments. First RNA-analyses of  $F_3$  plants led to different cDNA fragments correlated with leaf colour in the *YL* material. Analyses of other segregating populations, like lines with different leaf gloss (BAZ-1157), lines with different growing types or different resistance to *Alternaria dauci* will be varified in this time and will be continued in the same way.

In Zusammenarbeit mit: Nothnagel, T., IGK.

(BAZ-1233; BAZ-1151)

### 1.3 Humansensorische Bewertung von alten und neuen Möhrensorten aus biologisch-dynamischem Anbau

#### Human sensory evaluation of old and new carrot cultivars obtained from organic farming

Hoberg, E., Ulrich, D., Meilchen, K.

Zielsetzung/Aim:

Am Beispiel ausgewählter Gemüsearten werden alte und neue Sorten sowie Sorten aus biologisch-dynamischem Anbau auf ihre Qualitätsmerkmale hin verglichen. Es ist ein breites Methodenspektrum zu erarbeiten, das von der instrumentellen Analytik bis hin zu Geschmacksuntersuchungen mittels Humansensorik alle erforderlichen Beurteilungskriterien liefert. Die Untersuchungen geben Aufschluss über die Zusammenhänge verschiedener äußerer und innerer Qualitätsmerkmale. Als Standardmethode für die Bewertung des Genusswertes wird die quantitative deskriptive Analyse (QDA) für Möhre ausgearbeitet und ein-

gesetzt. Diese Arbeiten sind Bestandteil des Projektes „Vergleichende Qualitätsuntersuchungen an alten und neuen Gemüsesorten zur Entwicklung von Zuchtzielen für den ökologischen Gemüsebau“.

Some selected old and new vegetable varieties as well as varieties obtained from organic farming will be compared with respect to their quality parameters. A broad spectrum of analytical methods reaching from instrumental analysis to taste evaluation performed by human sensory will be established to find out the necessary quality criterions. The evaluations provide information concerning possible correlations between different outer quality features and the chemical composition of the food. Quantitative descriptive analysis (QDA) of carrot is adopted and applied for the evaluation of the sensory value as standard method. These investigations are part of the project „Comparative investigations of old and new vegetable cultivars for the development of breeding targets in organic farming“.

Ergebnisse:

In der Gemüsezüchtung wird in den letzten Jahren verstärkt der Genusswert als Zuchtziel integriert. Die Methode zur Objektivierung des Genusswertes ist die Human-sensorik. Bei der Züchtung ökologischer Möhrensorten mit hohen Qualitätseigenschaften wird eine zielorientierte Verkostung praktiziert. Im Projekt wird zusätzlich die quantitative deskriptive Analyse (QDA) mit dem Ziel der späteren Korrelation von Inhaltsstoffprofilen mit den geschmacklichen Eigenschaften entwickelt und eingesetzt.

Zuerst wurde das sensorische Profil ermittelt, welches die Grundlage für die Zusammenstellung der zu prüfenden Parameter der rohen Möhren im Formular ist (Abb. 1).

Hier gehen Geruchs- und Geschmacksparameter ebenso ein wie der retronasale Geruch, der seifige Nachgeschmack, das Mundgefühl und zusätzlich auftretende Merkmale. Da sie wegen ihrer Seltenheit häufig erst in einer großen Zahl von Proben erkannt werden, ist dem Prüfer die Möglichkeit gegeben, diese Wahrnehmungen zu ergänzen. Insgesamt wurden bisher 25 Descriptoren ermittelt. Zusätzlich kann eine persönliche Bewertung mit den Noten 5 (sehr gut) bis 1 (sehr schlecht) vorgenommen werden.

Für die Untersuchungen werden die Möhren (je Stichprobe 20 Stück) sorgfältig gewaschen, dünn geschält und von Kopf und Spitze 1,5 cm entfernt. Die Möhren werden halbiert, in 1,5 mm dicke Scheiben geschnitten und gut durchmischt, um eine homogene Verteilung zu erreichen. Die Proben werden in Prüfschalen aufgeteilt und bleiben vor Prüfbeginn ca. eine halbe Stunde zugedeckt stehen.

Wegen der nachhaltigen Wirkung der Möhreninhaltsstoffe auf die Geschmackssensoren und die Sensoren für den Geruch werden pro Prüfung maximal 6 Prüfproben gereicht. Zur Ausschaltung visueller Beeinflussung wird unter rotem Licht gearbeitet. Die Anzahl der Prüfer beträgt 12 - 15 geschulte Personen. Die einzelnen Prüfergebnisse werden zu einem für die weiteren statistischen Berechnungen einzusetzenden Messwert zusammengefasst. Daher wird von jeder Probe mindestens eine Doppelbestimmung durch das Panel vorgenommen. Die Abbildung 2 zeigt als Beispiel das Ergebnis von einer Prüfung an 2 Genotypen. Ihre Profile unterscheiden sich besonders in der Intensität der Merkmale "krautig", „grün“, „muffig“, „modrig“, „nussig“, „kratzig“ und „brennend“ deutlich. Als Ergebnis der bisherigen Untersuchungen kann daher festgehalten werden, dass das sensorische Profil eine klare Differenzierung von Möhrengenotypen ermöglicht.

BAZ, Institut für Pflanzenanalytik, AG Aroma, Geschmack, Sensorik

**Prüfformular für die sensorische Bewertung von rohen Möhren**

Proben-Nummer: \_\_\_\_\_ Name: \_\_\_\_\_ Datum: \_\_\_\_\_

		schwach	→	stark					
Geruch	typ. Möhre	X		X					
	krautig	X		X					
	grün	X		X					
	süßlich	X		X					
	würzig	X		X					
	muffig, modrig	X		X					
	chem., Lsgmittel	X		X					
	blumig	X		X					
	stechend	X		X					
	unangenehm	X		X					
Geschmack	süß	X		X					
	bitter	X		X					
Geruch (retro-nasal)	typ. Möhre	X		X					
	krautig	X		X					
	grün	X		X					
	süßlich, blumig	X		X					
	würzig	X		X					
	nussig	X		X					
	chem., Lsgmittel	X		X					
	muffig, modrig	X		X					
unangenehm	X		X						
NG	seifig	X		X					
Mundgefühl	bissfest	X		X					
	saftig	X		X					
	kratzig, brennend	X		X					
Gesamteinschätzung nach Beliebtheit:									
<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="width: 20%;">5 (sehr gut)</td> <td style="width: 20%;">4</td> <td style="width: 20%;">3</td> <td style="width: 20%;">2</td> <td style="width: 20%;">1 (sehr schlecht)</td> </tr> </table>					5 (sehr gut)	4	3	2	1 (sehr schlecht)
5 (sehr gut)	4	3	2	1 (sehr schlecht)					
Zusätzliche: (pilzig)      X _____ X									

Abb. 1: Prüfformular für die sensorische Bewertung von rohen Möhren  
 Fig. 1: Form for the human-sensory evaluation of fresh carrots

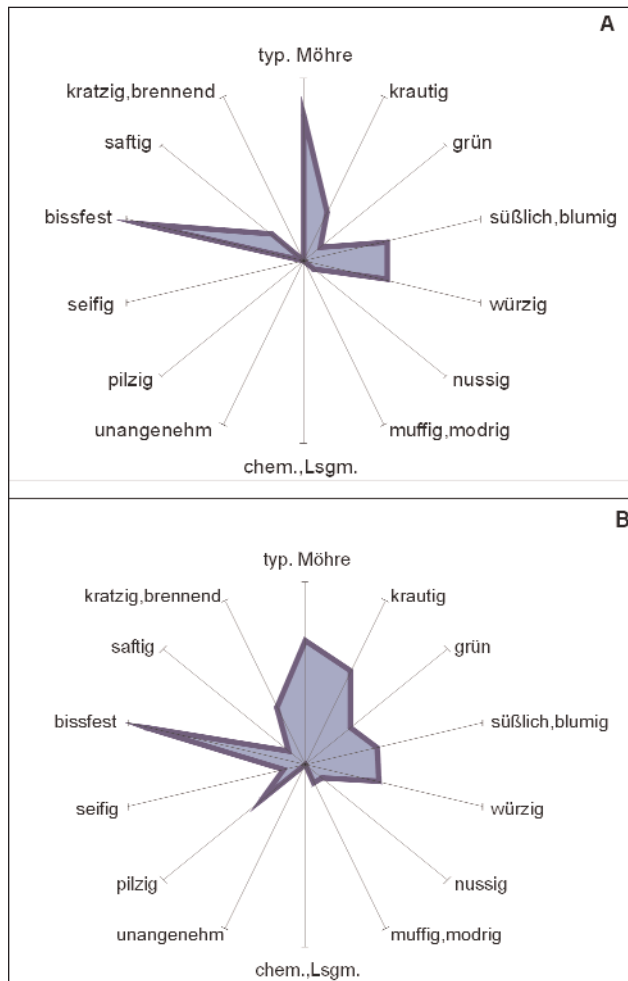


Abb. 2: Ausgewählte Ergebnisse der quantitativ deskriptiven Analyse an zwei Möhrengentypen. Typ A wird gegenüber dem Typ B wesentlich besser eingeschätzt

Fig. 2: Selected results obtained by quantitative descriptive analysis of two carrot genotypes. Type A is clearly preferred in comparison to type B

**Abstract:**

The human-sensory evaluation of raw carrots is possible applying the sensory profile consisting of 25 descriptors. Generally, it is possible to discriminate the genotypes by the described human sensory method (quantitative descriptive analyses).

In Zusammenarbeit mit: Kultursaat e. V. Bochum und Dotenfelderhof, Bad Vilbel (D. Bauer) Finanzierung durch: Bundesprogramm „Ökologischer Landbau“, FKZ: 02 OE 027.

(BAZ-1238)

**1.4 Weiterführende Untersuchungen zur Bestimmung des Glucosinolatgehaltes/Verteilungsmusters in Brassicaceen**

**Continued studies on the glucosinolate content and profile in Brassicaceae**

Schütze, W.

**Zielsetzung/Aim:**

Die laufenden analytischen Untersuchungen sind integriert in die Arbeiten zur „somatischen Hybridisierung“, „Möglichkeiten zur Verbesserung des Gesundheitswertes von Brassica-Gemüse durch Züchtung“ sowie „Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz“.

The current analytical examinations are integrated in the research programme of „somatic hybridization“, „potentials for increasing the health value of Brassica vegetables by breeding“ and „development of molecular markers for resistance“.

**Ergebnisse:**

Die Arbeiten zum Thema „Somatische Hybridisierung ausgewählter Brassicaceae zur Bereitstellung von wertvollem Basismaterial mit verbesserten Eigenschaften“ wurden abgeschlossen und die Ergebnisse in einem Abschlußbericht zusammengefasst (In Zusammenarbeit mit dem Institut für landwirtschaftliche Kulturen Groß Lüsewitz).

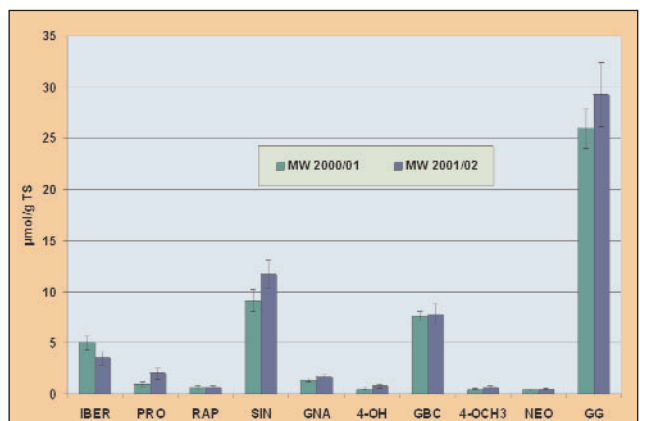


Abb. 1: Weißkohlsorte ‘Kalorama’ - Vergleich der Mittelwerte im Glucosinolatgehalt aus zwei Lagerversuchen (2000/01 und 2001/02) bei jeweils 6 Auslagerungen im Abstand von 4 Wochen

Fig. 1: White cabbage cultivar ‘Kalorama’ - comparison of means of glucosinolate contents from two storage experiments (2000/01 and 2001/02) with six removals from storage at intervals of 4 weeks

Im Rahmen der Arbeiten „Möglichkeiten zur Verbesserung des Gesundheitswertes von Brassica-Gemüse durch Züchtung“ wurde ein weiterer Lagerversuch durchgeführt. Die Lagerdauer betrug erneut sechs Monate bei +1 °C und 97-100 % Luftfeuchtigkeit. Am Beispiel der Weißkohlsorte ‘Kalorama’ wird gezeigt, dass sowohl im Verlauf der jeweils sechsmonatigen Lagerung als auch im Vergleich der zwei Lagerperioden weder im Glucosinolat-Verteilungs-

muster noch in den Gehalten der Einzelkomponenten signifikante Unterschiede auftraten; es kann also davon ausgegangen werden, dass das Merkmal „Indolglucosinolatgehalt“ stabil bleibt (Abb. 1).

Ein Vergleich der Glucosinolatgehalte/Glucosinolatverteilungsmuster der Anbaujahre 2001/2002 bei anderen Brassica-Species (Wirsing, Rotkohl, Brokkoli, Rosenkohl) zeigte ähnliche Ergebnisse, wie hier am Beispiel der Rosenkohlsorte ‘Lunet’ dargestellt ist (Abb. 2).

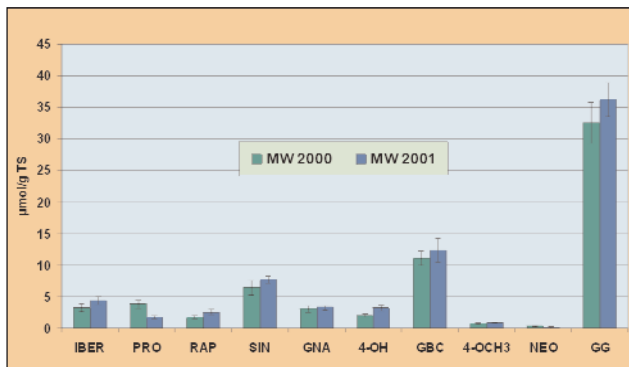


Abb. 2: Rosenkohlsorte ‘Lunet’ - Vergleich der Mittelwerte im Glucosinolatgehalt/Glucosinolatverteilungsmuster aus zwei Anbaujahren (2000/2001 und 2001/2002)

Fig. 2: Brussels sprout ‘Lunet’ - comparison of means of glucosinolate contents/glucosinolate distribution pattern from two cultivations (2000/2001 and 2001/2002)

Die Untersuchungen über die Einflüsse von Umweltfaktoren im Zusammenhang mit dem Indolglucosinolatgehalt/Verteilungsmuster werden fortgesetzt.

Die Arbeiten im Rahmen des Projektes „Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz gegen den Nematoden *Heterodera schachtii* aus *Raphanus*“ wurden ebenfalls

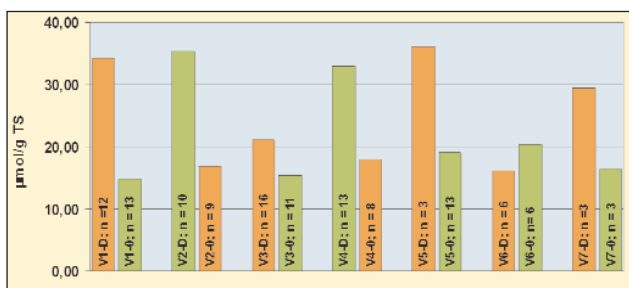


Abb. 3: Sieben Formen von Bastardpflanzen (Samenmaterial) aus Kreuzungen von *Brassica napus* x *Raphanus sativus* - Mittelwerte des Gesamtglucosinolatgehaltes (■ mit D-Chromosom von *Raphanus*, ■ ohne D-Chromosom)

Fig. 3: Seven forms of hybrids (seeds) from crossings of *Brassica napus* with *Raphanus sativus* - comparison of means of total glucosinolate contents (■ with D-chromosome from *Raphanus*, ■ without D-chromosome)

weitergeführt. Untersucht wurden die Samen der Elternformen sowie das umfangreiche Samenmaterial der Bastarde aus den Kreuzungen zwischen *Brassica napus* und *Raphanus sativus*. Etwa 50 % der untersuchten Bastardpflanzen enthielten ein D-Chromosom von *Raphanus*. Diese Pflanzen wiesen (bis auf Abweichungen in der V6) einen um ca. 50 % höheren Gesamtglucosinolatgehalt auf als die ohne D-Chromosom (Abb. 3). Die Arbeiten hierzu werden fortgesetzt.

Abstract:

The analytical glucosinolate examinations of the research programme „somatic hybridisation of selected *Brassicaceae* for development of new basic material with improved traits“ were finished and the results compiled in a final report.

In the frame of current analytical examinations in the research programme of „potentials for increasing the health value of *Brassica* vegetables by breeding“ we examined the variation of glucosinolate contents and the glucosinolate distribution patterns of white cabbage for another 6 months. The accord between the two storing periods showed no significant variations (example ‘Kalorama’ Fig. 1). The continued studies confirmed a stable total content and no losses of indole glucosinolates. There were also no significant variations found in the glucosinolate content and distribution pattern of brussels sprout ‘Lunet’ between the two vegetation periods 2000/01 and 2001/02 (Fig. 2).

The current analytical examinations in the research programme „development of molecular markers for resistance“ will be continued. The total glucosinolate content of seven hybrid forms (seeds) from crossings of *Brassica napus* x *Raphanus sativus* with *Raphanus*-D-chromosome and forms without *Raphanus*-D-chromosome were investigated. The total glucosinolate content of the forms with *Raphanus*-D-chromosome (with deviations in V6) was approx. 50 % higher than in the other forms (Fig. 3).

In Zusammenarbeit mit: K. Sonntag, BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen Groß Lüsewitz; H. Peterka, BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Marner GZG Saaten Aktiengesellschaft.

(BAZ-3132; BAZ-1143)

### 1.5 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 LC-MS in Gemüse sowie Heil- und Gewürzpflanzen, die für den Geschmack sowie für den Gesundheitswert dieser Produkte einen besonderen Stellenwert besitzen. Erstellung von Spektrenbibliotheken.

Identification of plant substances by LC-MS in vegetables as well as medicinal and spice plants, which have special importance for the flavour and healthy value of these products. Development of MS-libraries.

Ergebnisse:

Es wurden erste Untersuchungen durchgeführt, um Erfahrungen bei der Identifizierung von Substanzen mit Hilfe der LC-MS-Kopplungstechnologie zu sammeln. Begonnen wurde mit Standardsubstanzen und inhaltsstofflich

charakterisiertem Pflanzenmaterial, um die in den Extrakten vorhandenen Komponenten an Hand ihrer Massenspektren eindeutig nachzuweisen. Durch Direktinjektion über ein Spritzenmodul erfolgte jeweils eine MS-Parameter-Optimierung für einzelne Substanzen bzw. Substanzgruppen und die MS-Methodenerstellung, die dann für die Erstellung der LC-MS-Methode eingesetzt wurde. Nachfolgend aufgeführte Stoffgruppen wurden bisher in die Untersuchungen einbezogen:

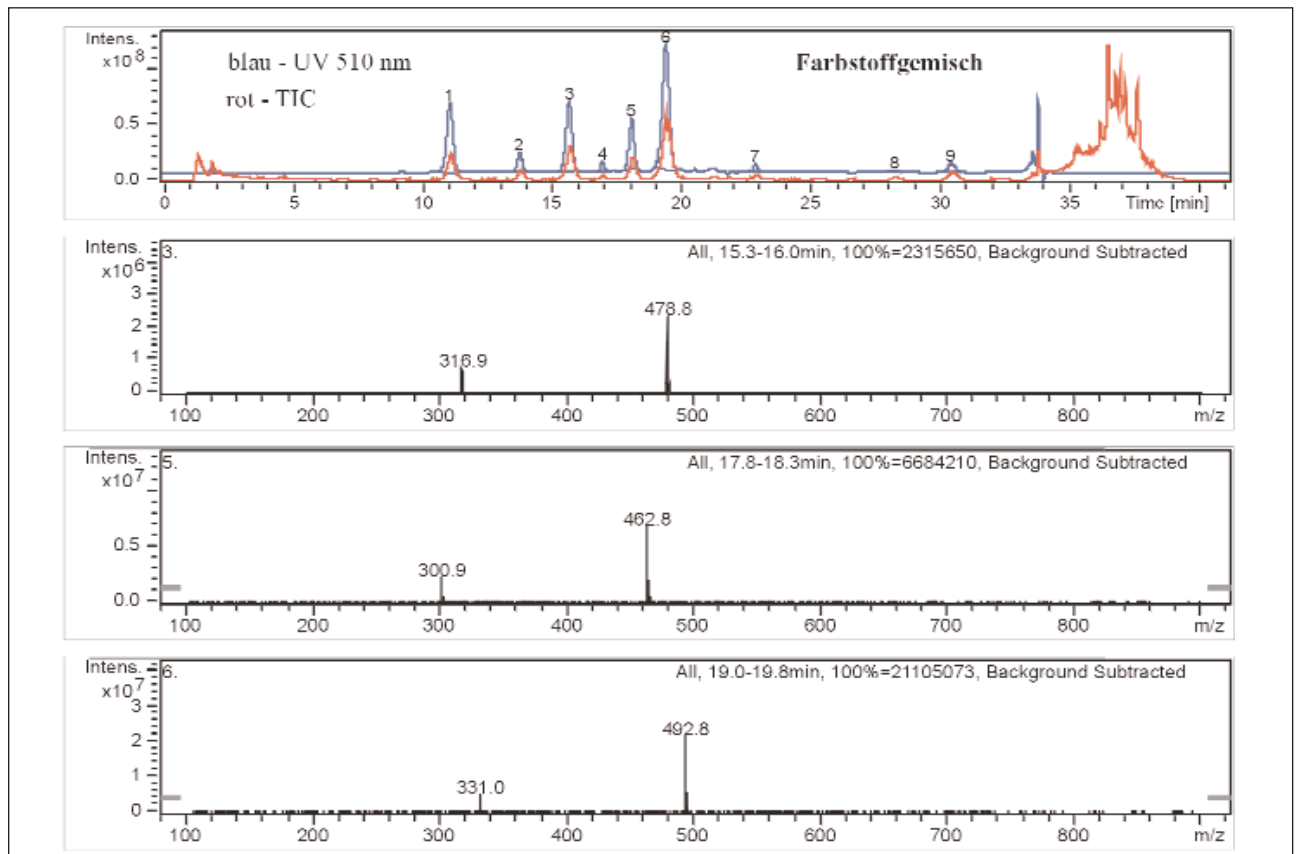


Abb. 1: Totalionen- (TIC, pos. Ionenmodus) und UV-Vis-Chromatogramm (510 nm) des Lebensmittelfarbstoffes „E 163“ sowie die Massenspektren von 3 identifizierten Substanzen. Peak 3: Petunidin-3-glucosid (MW 479); Peak 5: Peonidin-3-glucosid (MW 463); Peak 6: Malvidin-3-glucosid (MW 493)

Fig. 1: Total ion-(TIC, pos. ion modus) and UV-Vis chromatogramme (510 nm) of a food dye mixture as well as the mass spectra of 3 identified substances. Peak 3: Petunidin-3-glucoside (MW 479); Peak 5: Peonidin-3-glucoside (MW 463); Peak 6: Malvidin-3-glucoside (MW 493)

- Glucosinolate
- Fett- und wasserlösliche Vitamine
- Flavonoide
- Farbstoffe (Anthocyane)

Im Rahmen der Arbeiten „Bestimmung der sensorischen und Aromaprofile von generativ vermehrten und neuen Erdbeergenotypen“ (BAZ-1237) wurden auch LC-MS-Untersuchungen an Erdbeerextrakten durchgeführt. Am Beispiel des Anthocyan-Farbstoffgemisches „E163“, dessen Zusammensetzung vom Hersteller nicht angegeben wird, werden die Möglichkeiten der LC-MS-Kopplungstechnik zur Identifizierung aufgezeigt (Abb. 1).

Dabei handelt es sich um die nachfolgend aufgeführten Grundstrukturen (Abb. 2). Diese Verbindungen sind im Erdbeersaft jedoch nicht nachzuweisen.

Für die weiteren Arbeiten am o. g. Projekt war es zunächst einmal notwendig zu wissen, welchen Verbindungsklassen die in den analysierten Erdbeeren detektierten Peaks zugeordnet werden können. Auf Grund der UV-Vis-Spektren lag die Vermutung nahe, dass es sich bei den fraglichen Peaks um unterschiedliche Ellagsäure-Derivate handelt. Diese Vermutung konnte an Hand der aufgezeichneten Massenspektren bestätigt werden (Tab. 2). Bei den Peaks Nr. 2 und 3 besteht noch eine Überlagerung mit mindestens einer anderen Substanz. Mit hoher Wahrscheinlichkeit handelt es sich dabei um Anthocyane.

Tab. 1: Anthocyane - identifiziert in dem Lebensmittel-farbstoff „E163“

Table 1: Anthocyanins - identified in the food dye „E 163“

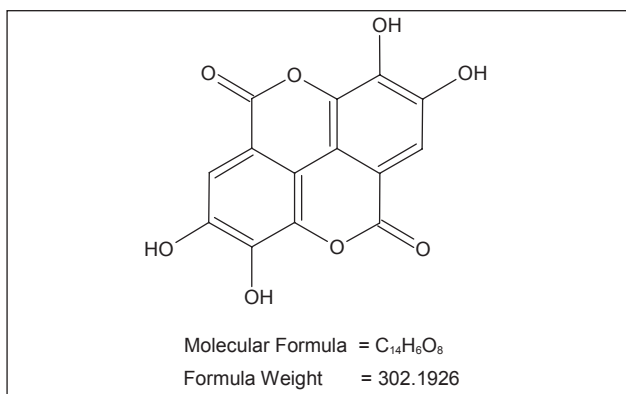
Peak	Name	RT (min)	[M] <sup>+</sup>	[M] <sup>-</sup>	[A] <sup>+</sup>	[A] <sup>-</sup>
3	Petunidin-3-glucosid	15,6	478,8	476,7	316,9	313,9
5	Peonidin-3-glucosid	17,9	462,8	460,8	300,9	298,8
6	Malvidin-3-glucosid	19,5	492,8	490,8	331,0	328,9

Tab. 2: Ellagsäurederivate im Erdbeersaft

Table 2: Ellagic acid derivates in strawberry juice

Peak	RT (min)	[M+H] <sup>+</sup>	[M-H] <sup>-</sup>	Grundstruktur*:	[M+H] <sup>+</sup>	[M-H] <sup>-</sup>
1	19,4	434,8	432,8		302,9	300,9
2	19,9	490,9	488,8		302,9	300,8
3	20,4	448,8	446,8		302,9	300,8
4	21,7	478,8	476,8		302,9	300,9

\* Grundstruktur der Ellagsäure:



Abstract:

Preliminary studies have been performed to identify substances in various vegetable as well as medicinal and spice plants by LC-MS. First examinations focused on standard substances and well described plant material. In this context glucosinolates, fat and water soluble vitamins, flavonoids and food dyes (anthocyanins, E 163) were analysed. Three anthocyanins (peonidin, petunidin and malvidin) which occur in the food dye as glucosides were successfully identified on the basis of their characteristic mass spectra. In strawberry juice (cultivar 'Polka') four substances were also confirmed as ellagic acid derivatives.

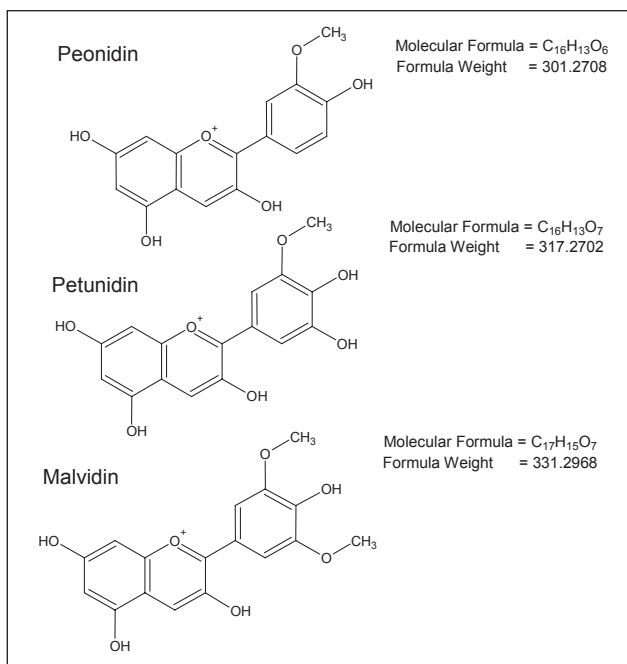


Abb. 2: Grundstrukturen der drei Farbstoffe Peonidin, Petunidin und Malvidin (als Glucoside vorliegend)

Fig. 2: Basic structures of the three food dyes Peonidin, Petunidin and Malvidin (present as glucosides)

In Zusammenarbeit mit: Hoberg, E.; Ulrich, D.; IPA.

(BAZ-1244)

## 1.6 Bestimmung des sensorischen und Aromaprofiles von generativ vermehrten und neuen Erdbeergenotypen

### Investigation of the sensory and the aroma profile of generatively reproduced and new strawberry genotypes

Hoberg, E., Ulrich, D.

Zielsetzung/Aim:

Es werden die Inhaltsstoffprofile von Erdbeergenotypen ermittelt, die bislang noch nicht untersucht wurden. Es handelt sich um französische Sorten, die im Herkunftsland durch ihren guten Geschmack auffielen, sowie um niederländische generativ vermehrte Erdbeeren. Neben dem Genusswert wurde vor allem der Gehalt an Vitamin C und Ellagsäure bewertet.

Strawberry genotypes not as yet investigated were analysed for their component profiles. The genotypes are French varieties which attracted attention by their good flavour and Dutch generatively propagated types. Beside the sensory value especially the content of ascorbic and of ellagic acid were evaluated.

Ergebnisse:

Erdbeeren gehören nach wie vor zu den beliebtesten Früchten. Neben dem hohen Genusswert wird in jüngster Zeit auch ihr Gesundheitswert häufig diskutiert, und es

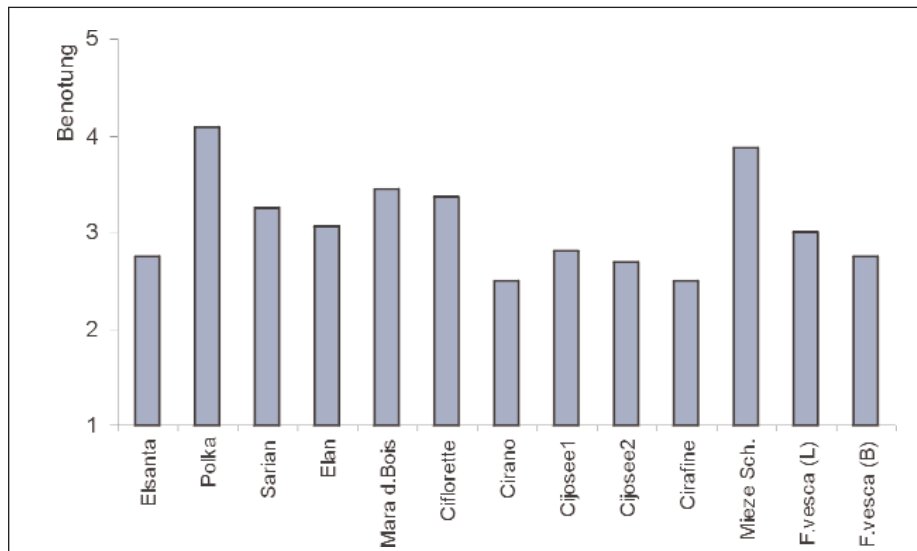


Abb. 1: Beliebtheit niederländischer und französischer Erdbeersorten im Vergleich zu 'Elsanta', 'Polka' und 'Mieze Schindler' sowie Walderdbeeren

Fig. 1: Acceptability of Dutch and French strawberry varieties in comparison to 'Elsanta', 'Polka', 'Mieze Schindler' as well as wood strawberries

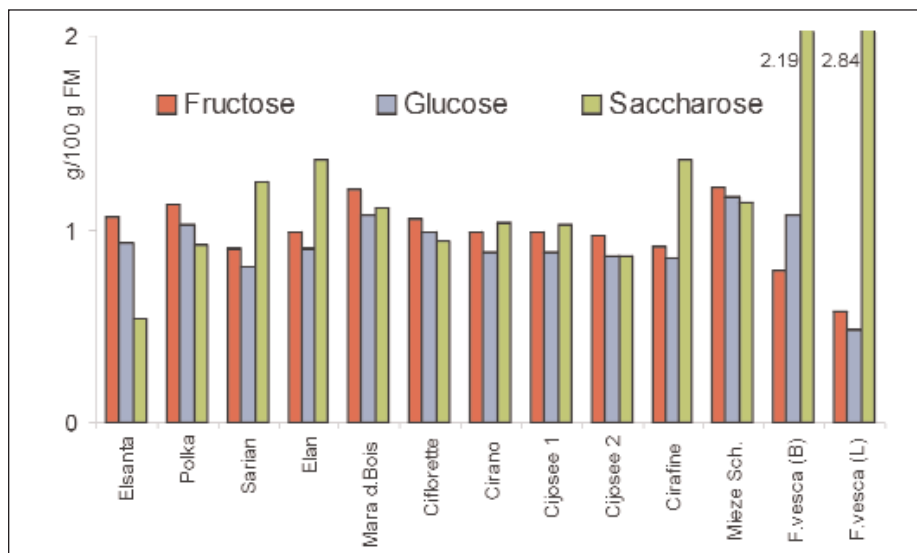


Abb. 2: Gehalte der Fruchtzucker Fructose, Glucose und Saccharose

Fig. 2: Contents of the fruit sugars fructose, glucose and sucrose

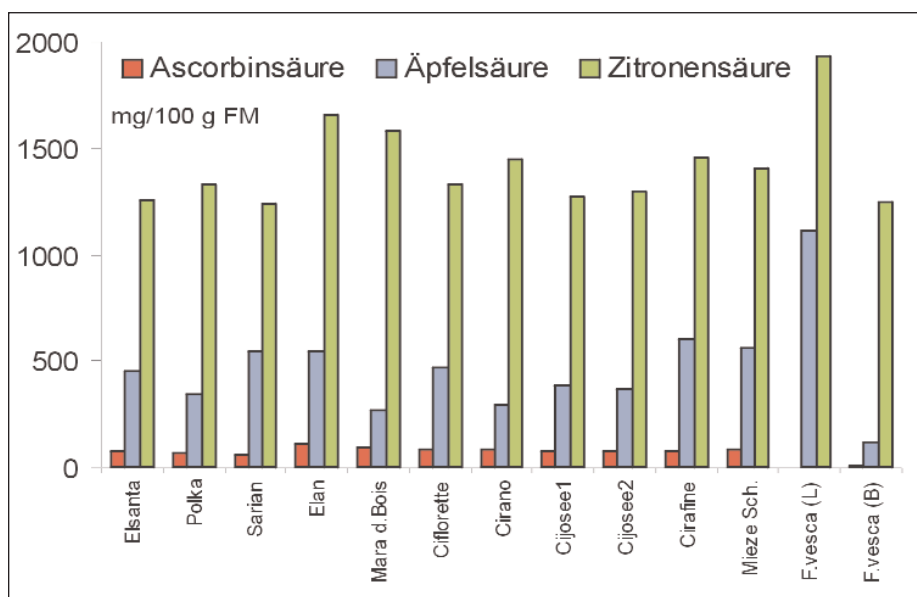


Abb. 3: Ascorbinsäure-, Äpfelsäure- und Zitronensäuregehalte niederländischer und französischer Erdbeersorten im Vergleich zu 'Elsanta', 'Polka' und 'Mieze Schindler' sowie Waldbeeren

Fig. 3: Contents of ascorbic, malic and citric acids in Dutch and French strawberry varieties in comparison to 'Elsanta', 'Polka', 'Mieze Schindler' as well as wood strawberries

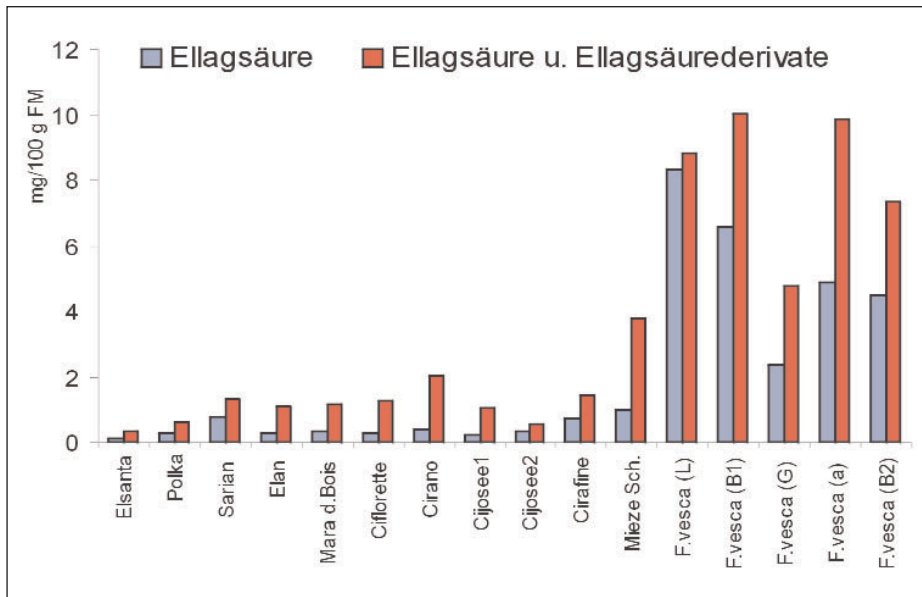


Abb. 4: Die Gehalte von Ellagsäure und Ellagsäurederivaten in den geprüften Erdbeergenotypen weisen eine große Streuung auf

Fig. 4: Contents of ellagic acid and ellagic acid derivatives detected in the evaluated strawberry genotypes present a high variability

werden verschiedene Inhaltsstoffe angeführt, die maßgeblich zu der allgemein hohen Wertschätzung beitragen. Untersucht wurden 4 niederländische Sorten, von denen 'Elsanta' zu den in Deutschland am meisten gehandelten gehört. 'Polka', eine ältere Sorte zeichnet sich in mehrjährigen Prüfungen immer wieder durch ihren guten Geschmack aus, der auch bestätigt werden konnte. Sie ist in ihrer Beliebtheit mit der alten Erdbeersorte 'Mieze Schindler' zu vergleichen. 'Sarian' und 'Elan', zwei Hybriden, die im Januar ausgesät und im gleichen Jahr ab Juni/Juli bis Oktober geerntet werden, liegen bzgl. der Beliebtheit ähnlich wie die französischen Sorten 'Mara des Bois' und 'Ciflorette', aber deutlich besser als 'Elsanta'. Die anderen französischen Sorten entsprechen in ihren sensorischen Eigenschaften 'Elsanta' (Abb. 1). Das liegt einerseits am Aroma, aber auch am Zuckergehalt, der bei 'Polka', 'Elan', 'Mara des Bois', 'Cirafino' und 'Mieze Schindler' über 3 g/100 g FM beträgt, mit unterschiedlichen Anteilen der drei Fruchtzucker Fruktose, Glukose und Saccharose (Abb. 2). Von den Fruchtsäuren (Abb. 3) ist insbesondere die Ascorbinsäure interessant. Der höchste Gehalt wurde mit 106 mg/100 g FM für 'Elan' ermittelt, zwischen 80 und 90 mg/100 g FM weisen 'Mara des Bois', 'Ciflorette', 'Cirano', und 'Mieze Schindler' auf. Sehr geringe Ascorbinsäuregehalte wurden in den beiden *F. vesca* Herkünften gefunden. Die Zitronensäuregehalte bewegen sich zwischen 1000 und 1500 mg/100 g FM. Nur die Gehalte der Sorten 'Elan' und 'Mara des Bois' sowie der Wildart *F. vesca* liegen darüber.

Anhand der UV/Vis-Spektren konnten neben einer Komponente, die in der Retentionszeit und dem Spektrum dem Ellagsäurestandard entspricht, weitere Komponenten mit dem gleichen Spektrum nachgewiesen werden. Mit Hilfe der LC-MS konnte bestätigt werden, dass es sich tatsächlich um Ellagsäurederivate handelt. Die Gehalte sind in Abb. 4 dargestellt. Die Sorten mit den höchsten Gehalten sind 'Sarian', 'Cirano', 'Cirafino' und 'Mieze Schindler' mit Werten von 1,3 bis 3,7 mg/100 g FM. Die Gehalte in

den *F. vesca*-Genotypen bewegen sich zwischen 4,7 und 10,0 mg/100 g FM.

Abstract:

The evaluated strawberry genotypes from French and Dutch breeders fit into the range of other cultivated strawberries. They were compared with the cultivars 'Elsanta', 'Polka', 'Mieze Schindler' and the wild species *F. vesca*.

In Zusammenarbeit mit: ABZ Aardbeien uit Zaad BV, NL und C.I.R.E.F. Prignonrieux, F.

(BAZ-1237)

### 1.7 Ontogenese wasserlöslicher und fettlöslicher Vitamine in keimenden Pflanzensprossen

#### Ontogenesis of water and fat soluble vitamins in sprouting plant seeds

Schütze, W.; Schulz, H.

Zielsetzung/Aim:

Die Untersuchungen zum Nachweis fettlöslicher und wasserlöslicher Vitamine ( $\alpha$ - und  $\beta$ -Carotin, Tocopherole/Tocotrienole, Ascorbinsäure, Thiamin, Riboflavin und Pyridoxin) in verschiedenen Pflanzenarten wurden fortgesetzt und die Ergebnisse in Form eines Abschlußberichtes an den Auftraggeber (Rephyna e. V.) übergeben. Im Falle der *Brassicaceen* waren zusätzlich der Glucosinolatgehalt sowie die Veränderung des Glucosinolatprofils während der frühen Ontogenese-Stadien zu erfassen.

The studies for the detection of fat and water soluble vitamins ( $\alpha$ - and  $\beta$ -carotene, tocopherols, tocotrienols, ascorbic acid, thiamin, riboflavin and pyridoxin) in different plant species were continued and the interpreted analytical results were handed over to the customer (Rephyna e. V.). Additionally, the glucosinolate contents and profiles of the mentioned *brassica* species varying during the early development stages were characterised.



**Ergebnisse:**

Es wurden im Berichtszeitraum zwei HPLC-Methoden zur Bestimmung von fettlöslichen und wasserlöslichen Vitaminen erarbeitet und am Beispiel verschiedener Pflanzensprosse erprobt.

Insgesamt wurden im Berichtszeitraum 408 Proben im Hinblick auf die angeführten Inhaltsstoffe untersucht.

Die Gehalte an Carotin bewegten sich zwischen „nicht nachweisbar“ und 202 µg/g. Die Spanne bei den Tocopherolgesamtgehalten lag zwischen „nicht nachweisbar“ und ca. 150 µg/g TS (siehe Tab. 1), wobei die höchsten Werte in den *Brassicaceen* gefunden wurden. Die bisher in den Tocopherolextrakten des Weizens mit „unknown“ bezeichneten Verbindungen wurden als α- und β/γ-Tocotrienol an Hand von Standardsubstanzen identifiziert.

Große qualitative und quantitative Unterschiede wurden ebenfalls bei den Glucosinolaten in den einzelnen Brassicaceen gefunden.

Tab. 1: Übersicht über die Tocopherolgehalte (µg/g TS) in den Pflanzensprossen der untersuchten Hauptkulturarten

Table 1: Tocopherol contents (µg/g dry matter) in sprouting plant seeds of the analysed cultivated species

	α-Tocopherol	β/γ-Tocopherol	δ-Tocopherol	Σ
Brassica	4 - 82	2 - 106	0 - 29	5 - 147
Bockshornklee	1,8 - 56	0 - 4	0 - 2	1,8 - 58
Luzerne	0 - 114	0 - 5	0 - 1,5	0,4 - 118
Weizen	0 - 74	0,3 - 32	0 - 56	5 - 99

Als problematisch erwies sich die Bestimmung der Ascorbinsäure, da diese Komponente mit Hilfe der UV-Vis Detektion nicht eindeutig in den untersuchten Pflanzensprossen identifiziert werden konnte. Die Zudosierung von reiner Ascorbinsäure zu den Extrakten ergab zwei um 0,03 min gegeneinander verschobene Peak-Maxima (siehe Abb. 1),

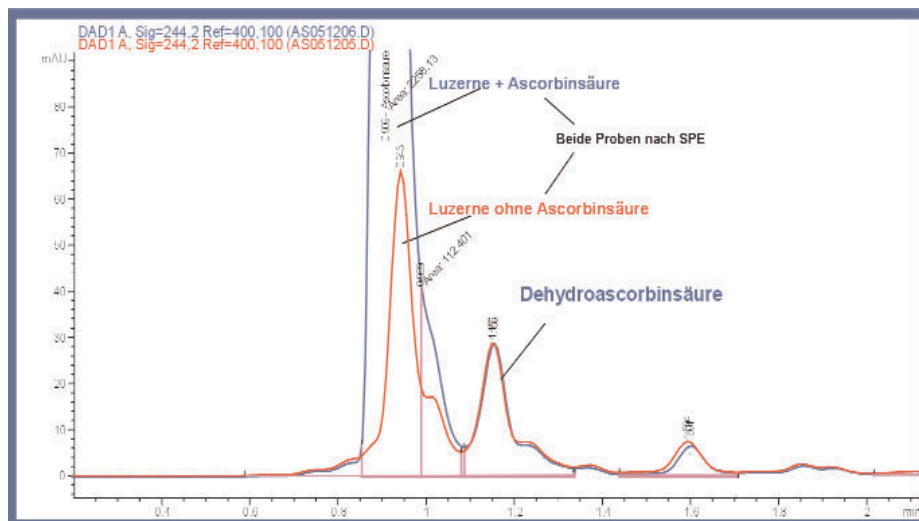


Abb. 1: Vergleich zweier Luzerneextrakte in der Overlay-Darstellung.

■ Extrakt mit Ascorbinsäurezusatz,  
■ Extrakt ohne Ascorbinsäurezusatz

Fig. 1: Comparison of two alfalfa extracts in overlay presentation.

■ extract with addition of ascorbic acid,  
■ extract without addition of ascorbic acid

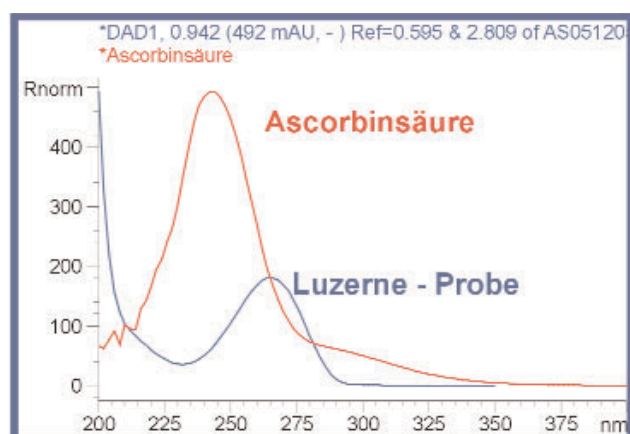


Abb. 2: HPLC-Trennung einer Luzerne-Probe (ohne Ascorbinsäurezusatz) und Vergleich des UV-Spektrums bei 0,943 Min. mit entsprechenden UV-Spektrum eines Ascorbinsäure-Standards

Fig. 2: HPLC separation of an alfalfa sample (without addition of ascorbic acid) and comparison of the UV spectrum at 0.943 min. with the relating UV spectrum of pure ascorbic acid

wie am Beispiel eines Luzerneextraktes zu sehen ist. Die UV-Absorptions-Spektren der beiden Peaks stimmten ebenfalls nicht überein. Der Peak bei 0,943 min in der Luzerneprobe (ohne Zusatz von Ascorbinsäure) wies ein um ca. 20 nm in den langwelligeren Bereich verschobenes Maximum auf (Abb. 2), so dass davon ausgegangen wird, dass es sich um Dehydroascorbinsäure handelt (Abb. 3).

Die massenspektrometrische Untersuchung unter Einsatz des „Esquire 3000“ (Bruker Daltonics) am Beispiel von vier unterschiedlichen Rohextrakten (Luzerne, Bockshornklee, Brokkoli, Grünkohl) ohne HPLC-Trennung zeigte im Gegensatz zu den HPLC-Befunden eindeutig Ascorbinsäure in den Extrakten an. Die Gehalte an Dehydroascorbinsäure waren bei allen Proben jedoch deutlich höher als die an Ascorbinsäure (Abb. 4).

Bei den angeführten Beispielproben wies Luzerne insgesamt die höchsten Ascorbinsäuregehalte auf.

Dieser Widerspruch läßt sich nur so erklären, dass

- durch Bestandteile der Keimlingsproben eine Verschiebung des Absorptionsmaximums der Ascorbin-

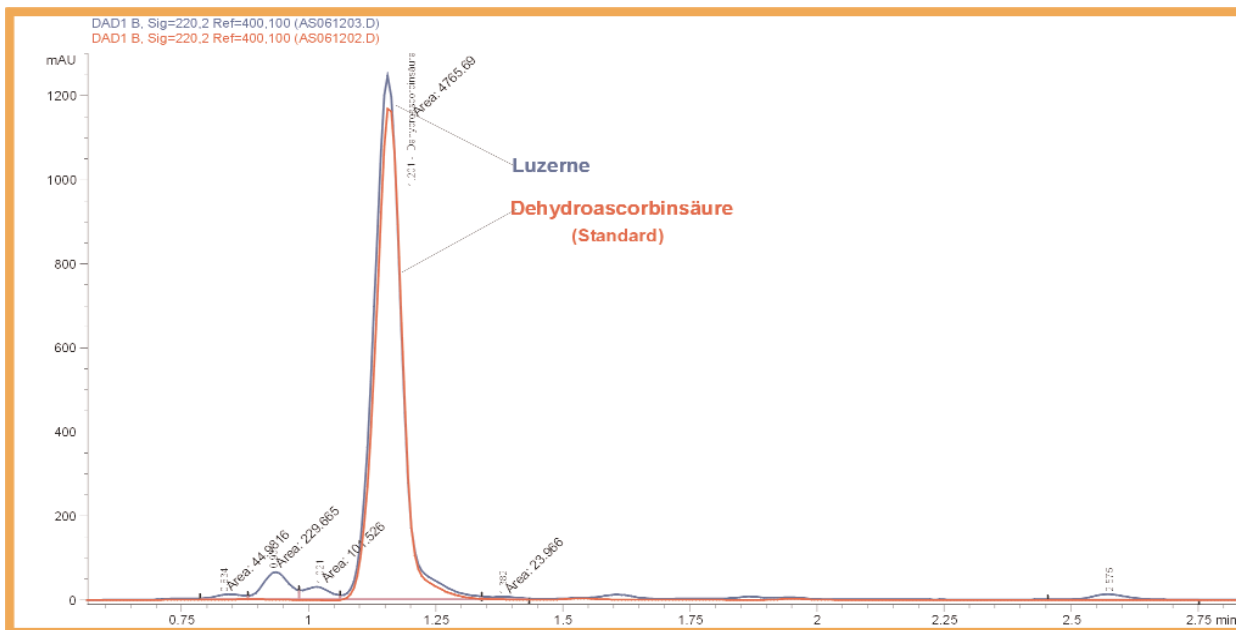


Abb. 3: Vergleich der Chromatogramme eines Luzerneextraktes (blaue Kurve) und einer Dehydroascorbinsäureprobe (Standard, rote Kurve) bei 220 nm in Overlay-Darstellung

Fig 3: Comparison of two chromatogrammes in overlay presentation (alfalfa extract: blue line, dehydroascorbic acid-standard: red line,  $\lambda=220$  nm)

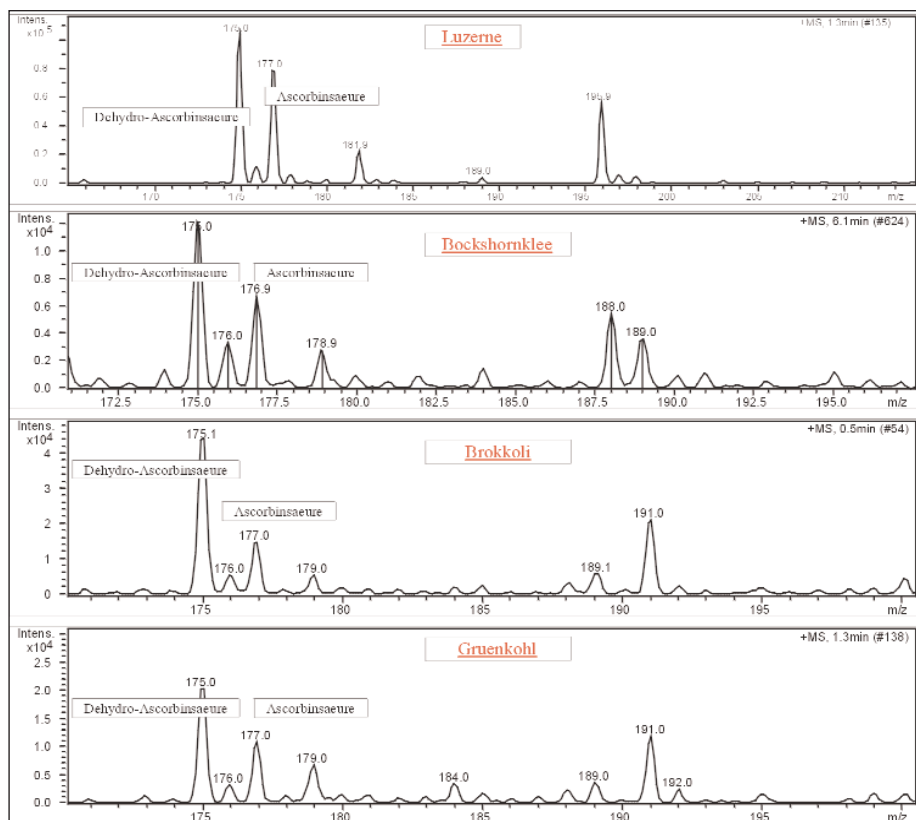


Abb. 4: Massenspektren von Ascorbinsäure und Dehydroascorbinsäure in Rohextrakten von Luzerne, Bockshornklee, Brokkoli und Grünkohl (Injektion über das Spritzenmodul) Ascorbinsäure ( $[M+H]^+ = m/z 177,0$ ) und Dehydroascorbinsäure ( $[M+H]^+ = m/z 175,0$ ) im pos. Ionenmodus

Fig. 4: Mass spectra of ascorbic acid and dehydroascorbic acid in raw extracts of alfalfa, fenugreek, broccoli and kale (injection by syringe modul) ascorbic acid ( $[M+H]^+ = m/z 177,0$ ) and dehydroascorbic acid ( $[M+H]^+ = m/z 175,0$ ; pos. mode)

säure in den langwelligeren UV-Bereich (265 nm) erfolgt oder

- eine Umsetzung der Ascorbinsäure erfolgt, die zu dem gleichen Resultat führt.

In jedem Fall würde aber die Quantifizierung des Peaks bei 265 nm Absorptionsmaximum als Ascorbinsäure zu einer erheblichen Verfälschung des in den Proben vorhandenen Ascorbinsäuregehaltes führen, da die Kalibration mit Ascorbinsäure bei 244 nm erfolgt (siehe Abb. 3).

Abstract:

The aim of the study was to develop a special analysis methods for the quantification of fat and water soluble vitamins ( $\alpha$ - and  $\beta$ -carotene, tocopherols, tocotrienols, ascorbic acid, thiamin, riboflavine and pyridoxin) in different plant species (alfalfa, sesame, sorghum, fenugreek, sunflower, flax, oat, wheat, pumpkin, broccoli, mustard). Two fast HPLC-methods for the quantification of carotene and tocopherols including a clean-up by SPE technique were successfully developed.

Furthermore, reliable and fast HPLC-methods for the quantification of ascorbic acid and B-vitamins including SPE clean-up steps were established. The problems occurring with the sample preparation techniques are discussed. Applying the usual HPLC-UV-Vis method no ascorbic acid but only dehydroascorbic acid was detected in all samples. Using the new sophisticated LC-MS-coupling technique it was possible to detect ascorbic acid in small amounts. Additionally, the glucosinolate contents and profiles of two *brassica* species, varying during the early development stages, was characterised.

In Zusammenarbeit mit: LUS GmbH, Magdeburg Finanzierung: BMBF (Innoregio-Programm, Rephyna e. V.).

(BAZ-1223)

### **1.8 Einsatz der NIR-Reflexionsspektroskopie zur Inhaltsstoffbestimmung und Klassifizierung von Qualitätsparametern bei Obst- und Gemüsekulturen.**

#### **Application of NIR reflection spectroscopy for estimation of phytochemicals and classification of quality parameters in fruits and vegetables.**

Quilitzsch, R. ; Schulz, H. ; Hoberg, E.

Zielsetzung/Aim:

Die Zielsetzung ist, den Anwendungsbereich der Reflexions-NIRS zur Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe bzw. zur Klassifizierung von Qualitätsparametern bei ausgewählten Obst- und Gemüsekulturen zu erweitern. Dabei sollen die gegenüber den klassischen Bestimmungsmethoden bestehenden Vorteile dieser Schnellmethode (keine aufwendige Probenvorbereitung, Erfassung mehrerer Komponenten in einem Analysengang, weitgehend zerstörungsfreie Messungen) auch im Rahmen der Züchtung zum Einsatz kommen. Die für die NIRS-Untersuchungen erforderlichen Referenzdaten werden mittels Materialprüfmaschine sowie chromatographischer, titrimetrischer und gravimetrischer Analysemethoden bestimmt.

It is the aim to look into applications of reflection NIRS for the prediction of valuable phytochemicals and for classification of quality parameters in selected fruits and vegetables. In this context the special advantages of this rapid method (minimal sample preparation, simultaneous determination of several components, more or less non-destructive measurements) will be used as a tool for breeding processes. The reference data, which represent the basis

for the NIR studies, are established by materials testing, chromatographic, titrimetric as well as gravimetric methods.

Ergebnisse:

Bei den NIR-spektrometrischen Untersuchungen an Äpfeln liegen Ergebnisse von drei Ernten (1999, 2000, 2001) vor. Bekanntlich stellt die NIR-Spektrometrie eine schnelle, indirekte (chemometrische) Methode dar, mit der Inhaltsstoffkonzentrationen bzw. äußere Parameter von Proben unbekannter Zusammensetzung und Eigenschaften über deren spektrale Daten bestimmt (vorhergesagt) werden können. Diese Vorhersagen werden realisiert mit vorher entwickelten Kalibrationen, die zu chemometrischen Modellen führen, mit denen die Korrelation zwischen den spektralen Daten und den Konzentrationen bzw. Parametern beschrieben werden. Aufgrund der an Äpfeln erarbeiteten Kalibrationen ist die simultane Vorhersage folgender Qualitätsparameter aus einem NIR-Mittelwertspektrum eines Apfels möglich: Zuckergehalte, Zucker-Säure-Verhältnis, Druckfestigkeit, Schalenfestigkeit und Trockenmassegehalt. Die Probenanzahl lag in den einzelnen Versuchsjahren zwischen 200 und 400 Äpfeln von 6 bis 10 Sorten bei verschiedenen Lagerzeiten. Mit einem FT-IR-Spektrometer EQUINOX 55 (Fa. Bruker, Karlsruhe), ausgestattet mit einer Faserkopplung, wurde pro Apfel an jeweils 5 Punkten ein NIR-Reflexionsspektrum gemessen. Das aus diesen Messungen gebildete Mittelwertspektrum wurde für die Kalibrierrechnung den am gleichen Apfel bestimmten Referenzwerten zugeordnet. Die verwendeten Referenzmethoden sind in der Tab. 1 in der rechten äußeren Spalte aufgeführt. Die multivariate Kalibration wurde mit der OPUS/Quant 2-Software (Fa. Bruker, Karlsruhe) durchgeführt. Die Güte des Kalibriermodells wird stets mit einem Validierungsalgorithmus überprüft.

Bei einer Kreuzvalidierung wird der gesamte Kalibrationsdatensatz auch für die Validierung benutzt. In der Tab. 1 sind für 9 verschiedene Qualitätsparameter bei Äpfeln (Ernte 2000) die Validierungsergebnisse zusammengestellt. Die angegebene Anzahl der Mittelwertspektren entspricht den analysierten Apfelproben. Für die Zuckeranalysen wurden jeweils Mischproben aus 4 Apfelhälften benutzt. Die verbleibenden Apfelhälften dienten der Trockenmasseanalyse. Die erreichten guten Bestimmtheitsmaße ( $R^2$ ) und Kreuzvalidierungsfehler (RMSECV), bezogen auf den jeweils angegebenen Wertebereich (dritte Spalte von links), demonstrieren, dass die NIR-spektrometrischen Messungen für die simultane Bestimmung der angeführten Qualitäts-Parametern an der Kulturart Apfel problemlos eingesetzt werden können. Wenn eine genügend große Anzahl von Spektren und Referenzwerten zur Verfügung steht, können separate Probensätze für die Kalibrierung und Validierung gebildet werden. Dann ist die Validierung von der Kalibrierung entkoppelt und man spricht von der Test-Set-Validierung (Äußere Validierung). Für alle 3 Erntejahre konnten Test-Set-Validierungen für die Parameter Druck- und Schalenfestigkeit durchgeführt werden. In der Tab. 2 ist der Vergleich dieser Resultate im Vergleich zur Kreuzvalidierung gezeigt.

Tab. 1: Ergebnisse der Kreuzvalidierung für verschiedene Qualitätsparameter an Äpfeln  
 Table 1: Cross validation results of different quality parameters measured on apples

Apfel 2000	Kreuzvalidierungsergebnisse				Referenzmethode
	Spektren	Bereich	R <sup>2</sup>	RMSECV	
Druckfestigkeit	405	6,84 - 52,53 N/mm	0,86	4,26 [N/mm]	Druckprobe (TIRAtest 27025)
Schalenfestigkeit	405	4,95 - 24,74 N/mm	0,86	1,72 [N/mm]	
Trockenmassegehalt	402	10,8 - 23,3 %	0,94	0,55 [%]	Gravimetrische Analyse
Fructose	113	2,09 - 4,91 %	0,81	0,24 [%]	HPLC-Analyse
Glucose	98	0,44 - 1,60 %	0,80	0,09 [%]	HPLC-Analyse
Saccharose	90	0,56 - 2,63 %	0,93	0,14 [%]	HPLC-Analyse
Gesamtzucker	102	4,20 - 7,10 %	0,83	0,23 [%]	HPLC-Analyse
Gesamtsäure	98	0,16 - 1,36 %	0,93	0,07 [%]	Titrimetrische Analyse
Zucker/Säure-Verhältnis	90	4,5 - 33,0	0,91	1,8	

Die Ergebnisse der Test-Set-Validierungen bestätigen ohne merkliche Abweichungen die Ergebnisse der Kreuzvalidierungen. Der Vorhersagefehler (RMSEP) und Kreuzvalidierungsfehler (RMSECV) weichen nur leicht voneinander ab.

**Abstract:**  
 Near infrared spectrometrical investigations were performed on 200 to 400 apples of 6 to 10 varieties harvested and stored in 1999, 2000 and 2001. Reference values were determined by HPLC, materials testing, titration analysis and gravimetric analysis. The NIR-spectrometric prediction models for firmness parameters, sugars, sugar to acid ratio and dry matter content were tested by validation algorithms. The cross validation results for harvest 2000 are given in a table. A comparison between cross validation and test set validation is given for the prediction of firmness parameters for harvests 1999, 2000 and 2001.

Tab. 2: Vergleich der Ergebnisse unterschiedlicher Validierungsmethoden für die spektrometrische Vorhersage von Festigkeitsparametern an Äpfeln

Table 2: Comparison of results of different validation methods for spectrometric prediction of firmness parameters measured on apples

		Kreuzvalidierung			
		Spektren	Bereich [N/mm]	R <sup>2</sup>	RMSECV [N/mm]
<b>Apfel 1999</b>	Druckfestigkeit	235	5,11 - 53,70	0,85	4,17
	Schalenfestigkeit	235	3,23 - 19,00	0,91	1,19
<b>Apfel 2000</b>	Druckfestigkeit	405	6,84 - 52,53	0,86	4,26
	Schalenfestigkeit	405	4,95 - 24,74	0,86	1,72
<b>Apfel 2001</b>	Druckfestigkeit	355	3,55 - 53,19	0,87	4,61
	Schalenfestigkeit	<b>343</b>	<b>3,22 - 25,60</b>	<b>0,88</b>	<b>1,88</b>

In Zusammenarbeit mit: Roth, E., Zentrum für Gartenbau und Technik, Ditzfurt.  
 (BAZ-1223)

Test-Set-Validierung				
Kalibrations-spektren	Test-spektren	Bereich [N/mm]	R <sup>2</sup>	RMSEP [N/mm]
152	120	5,22 - 51,63	0,83	4,53
152	135	3,62 - 19,00	0,87	1,43
243	223	8,21 - 52,15	0,83	4,80
243	211	4,95 - 23,82	0,83	1,81
180	177	3,60 - 53,19	0,85	4,85
180	176	3,82 - 25,60	0,83	2,28

der ab. Die Tab. 2 zeigt mit der Kontinuität der Validierungsergebnisse die Stabilität der Kalibrierung über die verschiedenen Erntejahre an. Die bisher erarbeiteten Ergebnisse lassen den Schluss zu, dass sich die Kulturart Apfel gut für die NIR-spektrometrische Vorhersage von verschiedenen Qualitätsparametern eignet. So kann z. B. die Lagerfähigkeit von Äpfeln zerstörungsfrei durch die spektrometrische Bestimmung von Festigkeitswerten, Zuckergehalt und Trockenmassegehalt getestet werden.

## 2. Medizinal und Gewürzpflanzen Medicinal and Spice Plants

### 2.1 Minderung toxikologischer 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:

Von der Europäischen Kommission wurden 2001 zwei Stellungnahmen herausgegeben, welche auf das kanzerogene Potential von Methyleugenol und Estragol hinweisen. In Abhängigkeit vom individuellen Chemotyp treten beide Substanzen als Hauptkomponente im ätherischen Öl von Basilikum auf. Die bisherigen Kenntnisse lassen vermuten, dass eine sehr große Variabilität im Vorkommen dieser natürlichen Phenylether existiert. Die bisherige Auswertung der Wertprüfungen des Bundessortenamtes

ließen auch starke onthogenetische und anbautechnische Einflüsse vermuten. Ein Sortenvergleich im Freiland und im Gewächshaus sollte daher verlässliche Aussagen über das biosynthetische Potential bzgl. beider Komponenten liefern. Die Ergebnisse sind dazu geeignet, das toxikologische Risiko für den Verbraucher zu senken.

In 2001 the European Committee published two opinions, which refer to the carcinogenic potential of methyleugenol and estragole. Dependent on the individual chemotype both substances occur as main components in the essential oil of basil. Previous knowledge leads to the assumption that there exists a high variability in the occurrence of this natural phenyl ether. Relating to the last studies performed for the Bundessortenamt it can be assumed that there occur also strong ontogenetic and cultivation influences. Therefore, comparing varieties in the field and in the greenhouse production should supply reliable results with regard to the biosynthetic potential of both plant substances. The results are useful to reduce the toxicological risk for the consumer.

#### Ergebnisse:

Die in der BAZ durchgeführten Analysen zu Wertprüfungen des Bundessortenamtes im Bereich der Arznei- und Gewürzpflanzen zeigten im Jahre 2001 für Basilikum ein äußerst unterschiedliches Spektrum bezüglich der Zusammensetzung der ätherischen Öle in Abhängigkeit davon, ob der Sortenvergleich im Freiland oder im Gewächshaus durchgeführt worden war. Besonders auffällig war der extrem unterschiedliche Gehalt an Methyleugenol in diesen Ölen (Tab.1).

Unstrittig ist das kanzerogene Potential von Methyleugenol ebenso wie das von Estragol. Im Sinne des Verbraucherschutzes wurden Versuche angelegt, welche die Ontogenese beider Verbindungen in verschiedenen Sorten im Gewächshaus und im Freiland klären sollten. Die grünblättrigen Sorten 'Genova', 'Bavires', 'Aton', 'Bageco', 'Genua Star', 'Sanremo', 'Green Gate', 'Genoveser' und 'Mittelgroßblättriges Grünes' und die beiden rotblättrigen Sorten 'Opal' und 'Osmin' wurden am 22. Mai sowohl im Freiland in Parzellen als auch im Gewächshaus in 9-cm-Töpfe ausgesät. Im Zeitraum zwischen dem 18.06. und 05.08. (Gewächshaus) bzw. dem 02.07. und 05.08. (Freiland) wurden regelmäßig Proben entnommen und analysiert. Die Konzentrationsentwicklung für Methyleugenol in den einzelnen Basilikumsorten (außer 'Mittelgroßblättriges Grünes' - Estragoltyp), jeweils angezogen im Gewächshaus und im Freiland, zeigt Abb. 1.

Tab.1: Methyleugenolgehalt in den ätherischen Basilikumölen verschiedener Sorten, angebaut unter Freiland- und Gewächshausbedingungen

Table 1: Methyleugenol content in essential oils of different basil cultivars grown under field and greenhouse conditions

	% Methyleugenol im ätherischen Öl							
	Genova	Bavires	Aton	Bageco	Genua Star	Sanremo	Pesto	Genoveser
Freiland	1,1	0,6	0,7	0,0	0,5	0,0	0,7	0,3
Gewächshaus	32,4	8,0	30,3	20,1	23,2	3,3	25,5	27,1

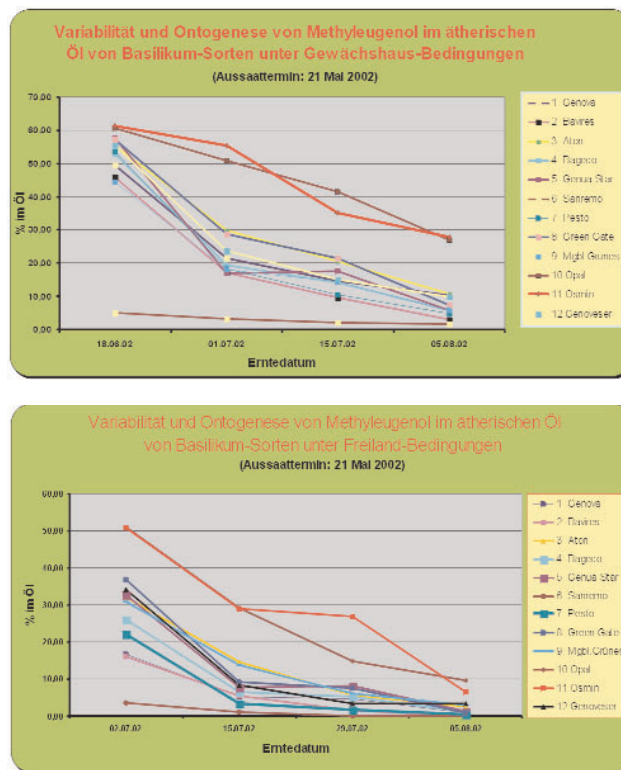


Abb.1: Die Ontogenese von Methyleugenol in Basilikumsorten unter Freiland- und Gewächshausbedingungen

Fig. 1: Ontogenesis of methyleugenol in basil cultivars grown under field and greenhouse conditions

Die Ontogenese von Methyleugenol zeigt sowohl im Gewächshaus als auch im Freiland einen grundsätzlich gleichartigen Verlauf. Gleichzeitig wird sichtbar, dass eine starke Abhängigkeit sowohl von der Sorte, als auch vom Erntezeitpunkt existiert (die Unterschiede in den Wertprüfungen 2001 waren offensichtlich unterschiedlichen Entwicklungsstadien zur Ernte geschuldet). Darüber hinaus wird deutlich, dass rotblättrige Sorten grundsätzlich höhere Methyleugenolgehalte aufweisen als grünblättrige. Generell lässt sich festhalten, dass die Methyleugenolkonzentration im ätherischen Öl umso niedriger ist, je später die Basilikum-Pflanzen geerntet werden.

Bezüglich Estragol ist eine derartige Verallgemeinerung nicht möglich, da mit der Sorte 'Mittelgroßblättriges Grünes' nur ein Estragol-Typ vertreten war. Der Estragolgehalt in den Ölen der verschiedenen Erntezeitpunkte ließ hier keine eindeutige Tendenz erkennen. In den anderen Sorten war Estragol nicht enthalten.

Abstract:

Generally, during ontogenesis basil plant 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. For the consumer it is important to know that the methyleugenol level significantly decrease when basil is harvested at a late development stage. In contrast to that, the estragole content in basil oils, obtained at different harvest times, did not show any trend.

(BAZ-1240)

## **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 from cultivars' examinations provides important information about the variability of active substances within this group of plants also for the BAZ.

Ergebnisse:

Wichtiger noch als für anderen Kulturpflanzen ist der Wirkstoffgehalt für Arznei- und Gewürzpflanzen. Wenn ein optimaler Wirkstoffgehalt ein Zuchtziel ist, ist eine leistungsfähige Analytik unbedingt notwendig. Seit Jahren gewährleistet das Institut für Pflanzenanalytik der BAZ die analytische Charakterisierung von Arznei- und Gewürzpflanzen für das Bundessortenamt. Die ätherischen Ölgehalte und die Wirkstoffkonzentrationen in diesen Ölen sind gewöhnlich die Ergebnisse dieser Untersuchungen. Die Ölzusammensetzungen sind nicht nur für die Qualitätsbeurteilung sondern auch für die taxonomische Zuordnung von Bedeutung. Die meisten Ergebnisse sind Bestandteil der beschreibenden Sortenlisten, welche vom Bundessortenamt herausgegeben werden (letztmalig 2002). Alljährlich werden zwischen 250 und 500 Proben hinsichtlich verschiedener Parameter untersucht. Im Jahre 2002 wurden Prüfungen an Basilikum-, Fenchel-, Petersilien-, Kümmel- und Kamillesorten vorgenommen.

Abstract:

In the case of medicinal and aromatic plants the content of active substances is more important than in other cultivat-

ed plants. When the breeding aim is to get an optimal level of active substances, the application of sophisticated analysis methods is absolutely necessary. For years the institute of plant analysis of the BAZ performs the analytic characterisation of medicinal and aromatic plant material to be proved by the Bundessortenamt. The results of these investigations usually comprise the analytical determination of the essential oil content as well as the amount of active substances in the individual plant. The analytical results are important not only for the characterisation of quality parameters but also for the taxonomic classification. Most results are part of the cultivar lists, which are published by the Bundessortenamt (latest list published in 2002). Annually between 250 and 500 samples were investigated regarding several parameters. Cultivars of basil, fennel, parsley, caraway and chamomile were examined in 2002.

In Zusammenarbeit mit: Bundessortenamt (H. Heine, H. Eger).

(BAZ-1245)

## **2.3 Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe in diversen Medizinal- und Gewürzpflanzen mittels Nah-Infrarot-Spektroskopie (NIRS)**

**Determination of bioactive components in various medicinal and aromatic plants by near-infrared spectroscopy (NIRS)**

Pfeffer, S.; Schulz, H.; Krüger, H.

Zielsetzung/Aim:

In diesem Jahr wurden weitere Medizinal- und Gewürzpflanzen spektroskopisch untersucht, um objektive Aussagen bzgl. der Machbarkeit von NIRS-Untersuchungen für die Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe anstellen zu können. Außerdem wurden bestehende NIR-Methoden durch zusätzliche Kalibrationsproben weiter verbessert.

During this year several medicinal and spice plants were analysed to obtain objective criteria with regard to the application of NIR spectroscopic studies for the determination of valuable components. Furthermore, existing NIR methods were improved using the data of additional calibration samples.

Ergebnisse:

Mit Hilfe der NIR-Spektroskopie ist es prinzipiell möglich, bestimmte wertgebende Komponenten in Medizinal- und Gewürzpflanzen ohne weitere Probenvorbereitung zu bestimmen. Diese spektroskopischen Bestimmung können in der Regel wesentlich schneller und kostengünstiger als mit den klassischen Analyseverfahren (HPLC und GC) durchgeführt werden. Im Berichtszeitraum konnte gezeigt werden, dass für Thymian eine Bestimmung der wertgebenden Komponenten (Thymol und Carvacrol) mit Hilfe der NIR-Spektroskopie möglich ist, wenn ausreichend geeignete Kalibrationsproben zur Verfügung stehen (Tab. 1). Außerdem gelang es, in frischer, lufttrockener und gepulverter Kamille den Matricin- und den Bisabololgehalt zu

Tab. 1: Statistische Parameter für die NIR-Vorhersage des Ölgehaltes und der Ölzusammensetzung in Thymianndroge

Table 1: Statistical parameters for the NIR prediction of essential oil content and composition in thyme drug

Analyt	Bereich	R <sup>2</sup>	SECV
Thymol	43,95 - 72,55	0,915	22,04
Carvacrol	1,99 - 4,89	0,986	0,18
Ölgehalt	0,76 - 3,34	0,964	0,16

verlässig zu bestimmen (Tab. 2). Dafür wurden 175 Kamilleproben von vier verschiedenen Sorten bzw. Typen ('Mabamille', 'Kirschkamille', 'D 46' und 'AKK 34') untersucht. Die Kamillepflanzen wurden im Jahr 2002 im Versuchsgarten der BAZ in Quedlinburg angebaut.

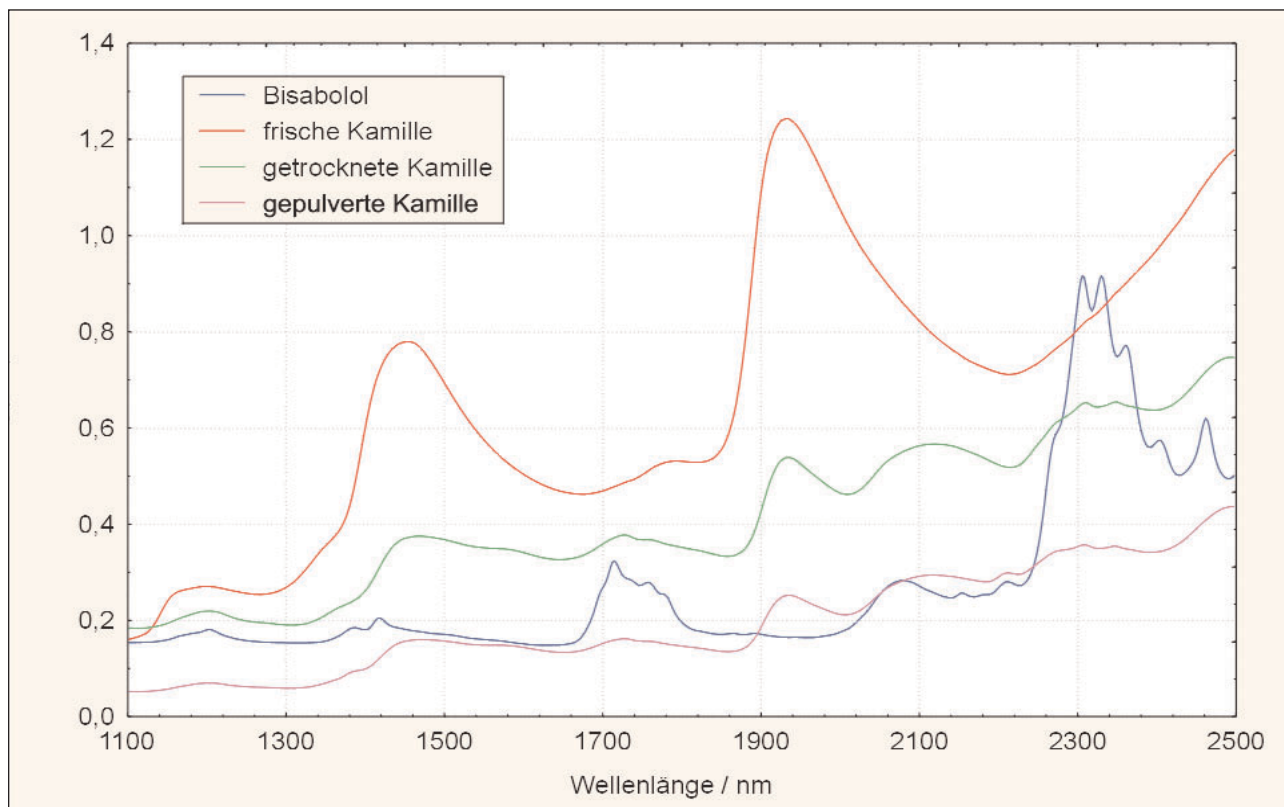
Bedingt durch den deutlich geringeren Wassergehalt liefern die NIR-Vorhersagen für die luftgetrockneten Kamilleproben deutlich besser Resultate als für die Messungen an frischem Pflanzenmaterial. Das Mahlen der luftgetrockneten Droge führt zu einer Erhöhung des Homogenisierungsgrades und damit zu einer weiteren Verbesserung der NIR-Vorhersage. In Abb. 1 sind die Spektren von frischen, luftgetrockneten und gemahlene Kamilleblüten zusammen mit dem NIR-Spektrum von Bisabolol dargestellt.

Tab. 2: Statistische Parameter für die NIR-Vorhersage von Bisabolol und Matricin in Kamilledroge (\*Angaben in ml/100g Droge)

Table 2: Statistical parameters for the NIR prediction of bisabolol and matricin in chamomile drug (\*concentration in ml/100g drug)

	frisch				
	Probenanzahl	Kalibrationsbereich*	SEC*	R <sup>2</sup>	SECV*
Bisabolol	340	0,02- 0,68	0,071	0,573	0,091
Matricin	328	1,81 - 8,11	0,551	0,652	0,697
	lufttrocken				
	Probenanzahl	Kalibrationsbereich*	SEC*	R <sup>2</sup>	SECV*
Bisabolol	347	0,02- 0,68	0,036	0,902	0,053
Matricin	338	1,81 - 8,11	0,380	0,852	0,517
	gepulvert				
	Probenanzahl	Kalibrationsbereich*	SEC*	R <sup>2</sup>	SECV*
Bisabolol	346	0,02- 0,68	0,027	0,942	0,042
Matricin	329	1,81 - 8,11	0,292	0,929	0,397

Abb. 1: NIR-Spektren von frischer, luftgetrockneter und gemahlener Kamille sowie von einem Bisabolol-Standard  
Fig. 1: NIR spectra of fresh, dried and homogenised chamomile flowers and the spectrum of a bisabolol standard



Für Bisabolol und Matricin können demnach prinzipiell mit Hilfe der Spektren eines NIR-Laborspektrometers zuverlässige NIR-Kalibrationen erhalten werden. Aber auch weitere Kamillekomponenten, die nicht in Tab. 1 aufgeführt sind, lassen sich auf diese Weise erfolgreich bestimmen. So gelang es z. B., Kalibrationen für Bisabololoxid A und B, *cis*- und *trans*-Spiroether, sowie für  $\beta$ -Farnesen (Bereich 0,09-0,81 ml/100g Droge; SEC = 0,0155 ml/100g Droge;  $R^2 = 0,9886$ ; SECV = 0,0193 ml/100g Droge) aufzustellen.

**Abstract:**

Several new NIR calibrations for various valuable compounds occurring in medicinal and aromatic plants were developed. Based on these calibration equations it was principally possible to predict matricin and bisabolol contents in fresh, dried and homogenised chamomile flowers. Furthermore, applying the NIR technique the essential oil content as well as the individual level of thymol and carvacrol could be reliably determined in numerous thyme samples.

In Zusammenarbeit mit: Dr. K. Reif, Phytolab GmbH, Vestenbergsgreuth; Dr. M. Feustel, Fa. Resultec, Garbsen; Dipl.-Ing. M. Hellmann, Foss GmbH, Hamburg; IPK, Gatersleben.

Finanzierung durch: Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe (FNR), FKZ: 22005398.

(BAZ-1227)

**2.4 Etablierung einer breiten Anwendung der SPME-GC im pharmazeutischen Bereich**  
**Establishing a broad application of SPME-GC in the pharmaceutical section**

Distler, D.; Schulz, H.

**Zielsetzung/Aim:**

SPME (solid phase microextraction) ist eine Technologie, die in Verbindung mit der Gaschromatographie eine schnelle und lösungsmittelfreie Analysendurchführung ermöglicht. Insbesondere bei der Serienanalyse pflanzlicher Drogen stellt die zur Isolierung der ätherischen Öle üblicherweise durchgeführte Destillation bzw. Extraktion 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.

Ziel des Forschungsvorhaben 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 Pflanzenzüchtung sowie in der pharmazeutischen Industrie unumgänglich sind, bewältigen zu können.

SPME (solid phase microextraction) is a new technology, which makes rapid and solvent free analysis in conjunction

with gas chromatography possible. Especially in the case of routine drug analysis distillation and extraction processes, necessary to isolate the essential oil are very time consuming. Also starting materials and ready products of the phytopharmaceutical and cosmetic section require an extensive sample treatment before GC determination of the volatile components can be performed.

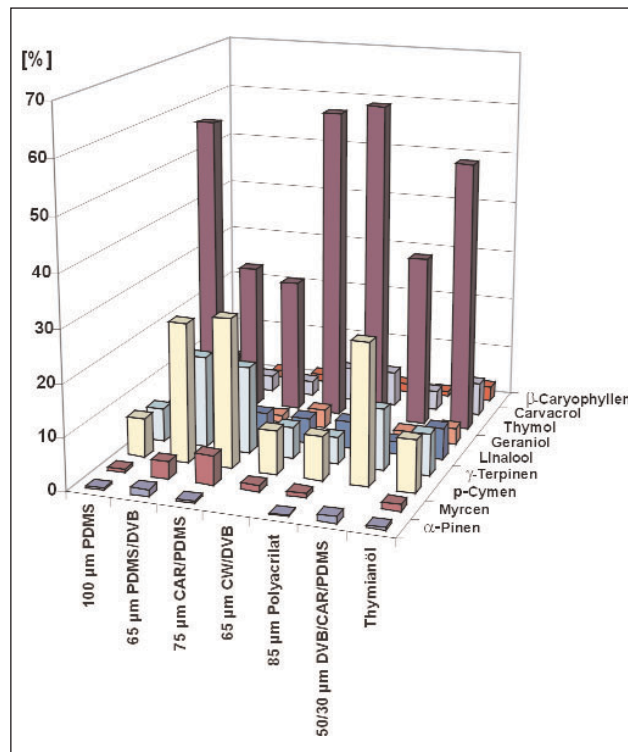


Abb. 1: Ergebnisse des SPME-Fasertests im Vergleich zur Zusammensetzung des destillierten Thymianöls; SPME-Versuchsparameter: 15 min Inkubationszeit; 20 min Absorptionszeit, 35 °C Versuchstemperatur

Fig. 1: Analysis results received for thyme with different SPME-fibers and conventional GC measurements on the isolated essential oil of thyme; SPME-experiment parameter: 15 min incubation time, 20 min absorption time, 35 °C temperature

Therefore the aim of this project is to establish important basics for a broad use of SPME-GC in the pharmaceutical section. Especially, the use of an autosampler will be tested in order to optimise routine sample analysis applied in plant breeding as well as pharmaceutical industry.

**Ergebnisse:**

Der Vergleich der SPME-Ergebnisse mit den Ergebnissen konventionell analysierter ätherischer Öle von Kamillen- und Thymiandrogen ermöglichte eine Korrelation zwischen der SPME-Technik und der Destillation (Abb. 1). Aus diesen Ergebnissen konnten die geeigneten SPME-Fasern und die Versuchsparameter sowohl für die quantitative Bestimmung einer Ätherisch-Öl-Komponente als auch für die Chemotyp-Klassifizierung der Droge abgeleitet werden. Es konnte gezeigt werden, dass die SPME-Technik





Abb. 2: Freilandprobenahme an einer Thymianpflanze zur Bestimmung des ätherischen Ölprofils

Fig. 2: SPME field sampling at a thyme plant for determination of the essential oil profile

nik bei der in der Züchtungsforschung notwendigen Chemotyp-Charakterisierung prinzipiell auch direkt an der „lebenden Pflanze“ auf dem Feld durchgeführt werden kann (Abb. 2). Dabei ist auffällig, dass mit der SPME-Technik leichtflüchtige Stoffe aus der Droge erfassbar sind, die im Öl, speziell bei Kamille, nicht repräsentiert sind. Somit erhält man mit der SPME-Technik eine neue Möglichkeit, Substanzen zu erfassen, die den Duft einer Pflanze beeinflussen oder ihn sogar entscheidend bestimmen können.

Als Probenmaterial dienten verschiedene Kamillen- und Thymiandrogen sowie die daraus hergestellten Phytopharmaka. Durch die Proben des Bundessortenamtes standen Drogen unterschiedlicher Zusammensetzung zur Verfügung. Die Drogen wurden unter verschiedenen Versuchsbedingungen (Temperatur, Absorptionszeit) mit unterschiedlichen SPME-Fasern analysiert. Auch wurden verschiedene Probenaufarbeitungen getestet. So wurde die Thymiandroge unverarbeitet zur Analyse eingesetzt; die Ölbestandteile der Kamilledroge reicherten sich erst bei Salzzusatz und bei einer höheren Probentemperatur in ausreichender Menge an der SPME-Faser an. Alle Versuche wurden mit einem Autosampler durchgeführt, um dessen Einsatzmöglichkeit in Bezug auf die SPME-Technik zu überprüfen.

Die präsentierten Ergebnisse zeigen, dass die SPME-GC-Technik eine schnelle und lösungsmittelfreie Methode für die Bestimmung der flüchtigen Komponenten in Drogen, Phytopharmaka und Kosmetika darstellt und somit gut in der Qualitätskontrolle und Züchtungsforschung einsetzbar ist.

Abstract:

The results presented here confirm that SPME-GC technology is a fast and solvent free method for the determination of the volatile components in drugs, phytopharmaceuticals and cosmetics. The determination can be carried out both, qualitatively and quantitatively (e. g. in order to de-

termine the chemotype of a drug). As demonstrated in figure 2 also on-site determinations can be carried out. Based on the preliminary data it is already evident that the new developed SPME-GC method is a very useful tool for breeding and quality control purposes.

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 Mülheim/Ruhr; Dr. Bernhard Klier, PhytoLab GmGH & Co KG in Vestenbergsgreuth; J. Overkamp, Majoranwerk Aschersleben in Aschersleben.

Finanzierung: BMWi (AiF), Forschungsvorhaben Nr.: 13059 BR.

(BAZ-1236)

## 2.5 Charakterisierung und Evaluierung verschiedener Wildarten und Hybriden der Gattung *Allium* auf Basis qualitativer SPME-Headspace-Analysen der flüchtigen, schwefelhaltigen Sekundärmetabolite

**Characterisation and evaluation of various wild species and hybrids of the genus *Allium* based on qualitative SPME-headspace 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. Die Bewertung soll der Selektion von Einzelpflanzen bzw. -arten für Züchtungszwecke dienen, um Hybride mit verbesserten sensorischen und pharmakologischen Eigenschaften zu erzeugen.



Abb. 1: *Allium*-Kollektion der IPK-Genbank in Gatersleben

Fig. 1: *Allium* collection of the IPK gene bank in Gatersleben

The aim of this project is the evaluation of various wild species and hybrids of the genus *Allium* based on their aroma profiles obtained by SPME-HS-GC-analysis (solid phase micro extraction - head space). This evaluation is needed for the selection of single plants or species for breeding purposes to produce hybrids with improved sensoric and pharmacological properties.

**Ergebnisse:**

Im Berichtszeitraum wurden die Aromaprofile von 36 *Allium*-Wildarten (untersucht wurden jeweils die unterirdischen Pflanzenbestandteile) und 6 *Allium*-Bastarden aus dem Bestand der Allium-Gendatenbank des IPK Gatersleben erstellt.

Auf der Basis von mittlerweile 24 identifizierten flüchtigen Schwefelverbindungen ließen sich die Aromaprofile der untersuchten Wildarten unter Einbeziehung bereits früher im IPA erhaltener Ergebnisse klassifizieren und statistisch über eine Clusteranalyse auswerten. (Abb. 2). Demnach können drei Haupt-Chemotypen nach dem jeweils bestimmenden Präkursor, dem entsprechenden Cysteinsulfoxid, unterschieden werden, die sich in weitere Untergruppen einteilen lassen. So ist eine erste, schnelle Klassifizierung der Wildtypen im Hinblick auf eine potentielle wirtschaftliche Nutzung (Alliumöle zur Aromatisierung von Lebensmitteln bzw. für phytopharmazeutische Produkte) möglich.

Wie am Beispiel der Kreuzungsexperimente von *Allium cepa* (Küchenzwiebel) mit *Allium lineare* zu sehen ist, kann die Evaluierung von Einzelpflanzen auf die gleiche Art vorgenommen werden. Sechs Bastarde unterschiedlicher phänotypischer Ausprägung wurden mittels SPME-HS-GC-Analyse untersucht und bzgl. der Inhaltsstoffprofile mit den jeweiligen Eltern-Arten verglichen (Abb. 3).

Eine statistische Auswertung über eine Diskriminanz-Analyse verdeutlicht den aus diesen Untersuchungen ablesbaren Befund, dass Bastard Nr. 6 im Hinblick auf das detektierte Aromaprofil überwiegend durch die genetischen Eigenschaften der Vaterpflanze (*A. lineare*) geprägt ist; demgegenüber wird das entsprechende Inhaltsstoffprofil des Bastards Nr. 3 bevorzugt durch das Genom der Mutterpflanze (*A. cepa*) determiniert und die übrigen vier Bastarde weisen mehr

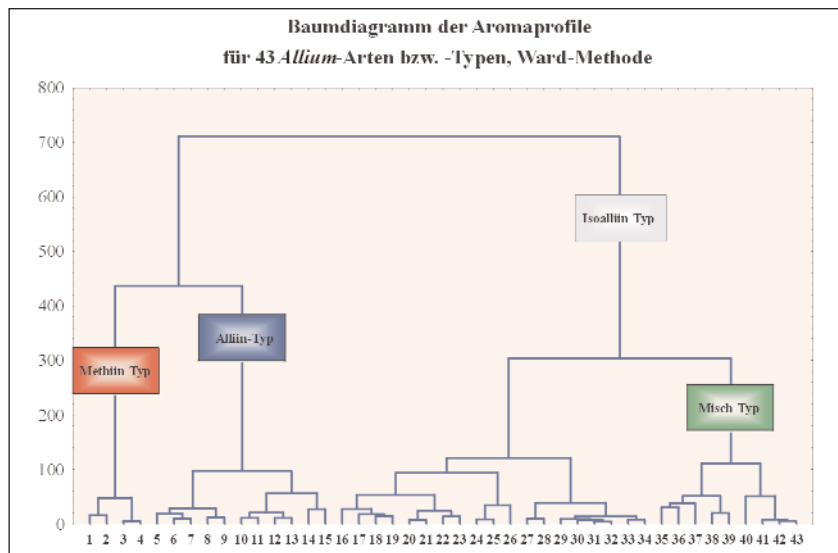


Abb. 2: Statistische Auswertung der ermittelten Aromaprofile als Clusteranalyse („Ward“-Methode); dargestellt sind die Euklidischen Distanzen von 43 Arten oder Typen

Fig. 2: Statistic evaluation of the obtained aroma profiles as cluster-analysis („Ward“-method) showing the euclidian distances of 43 species or types

oder weniger signifikant die Merkmale beider elterlichen Aromaprofile auf (Abb. 4).

Bei der phänotypischen Betrachtung des Untersuchungsmaterials fiel ebenfalls der Bastard Nr. 6 durch eine sehr gute Wüchsigkeit auf; außerdem wurde beobachtet, dass die Zwiebeln trotz eines hohen pathogenen Befallsdrucks durch Mehltau kräftig entwickelt waren; es kann daher angenommen werden, dass diese Pflanze eine gute Resistenz gegenüber diesem Schaderreger aufweist.

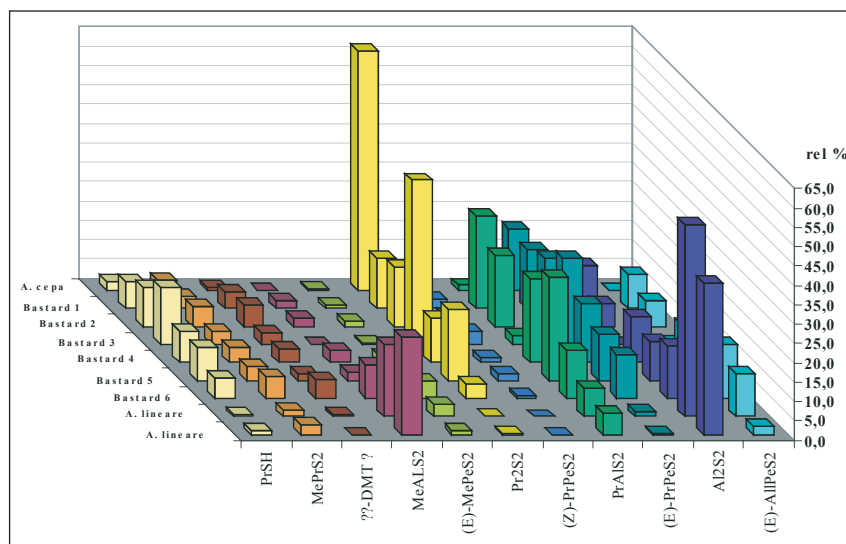


Abb. 3: Aromaprofile der wichtigsten elf Aromakomponenten einiger Hybriden von *Allium cepa* x *A. lineare* im Vergleich mit ihren Eltern-Arten

Fig. 3: Aroma profiles of the most valuable eleven aroma compounds of some hybrids of *Allium cepa* x *A. lineare* in comparison to their parent species

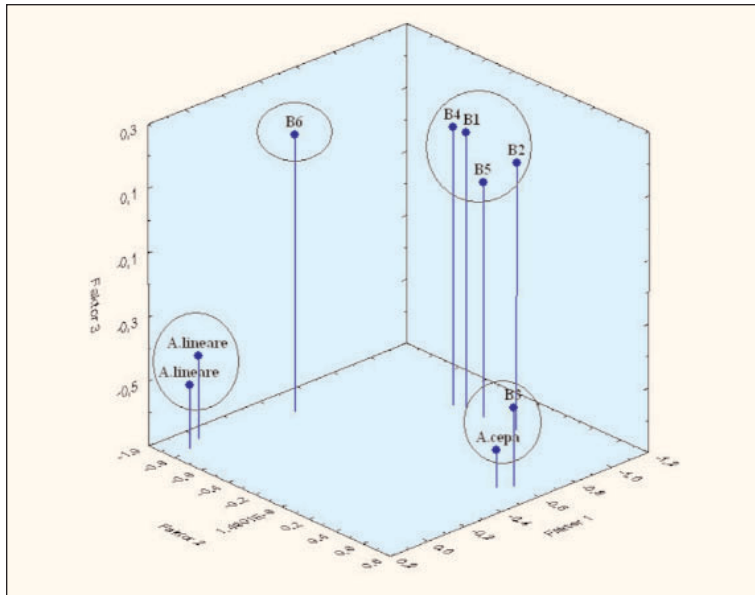


Abb. 4: Diskriminanz-Analyse der Aromaprofile von *Allium cepa* x *A. lineare* einschließlich deren Eltern

Fig. 4: Discrimination analysis of the aroma profiles of *Allium cepa* x *A. lineare* including their parents

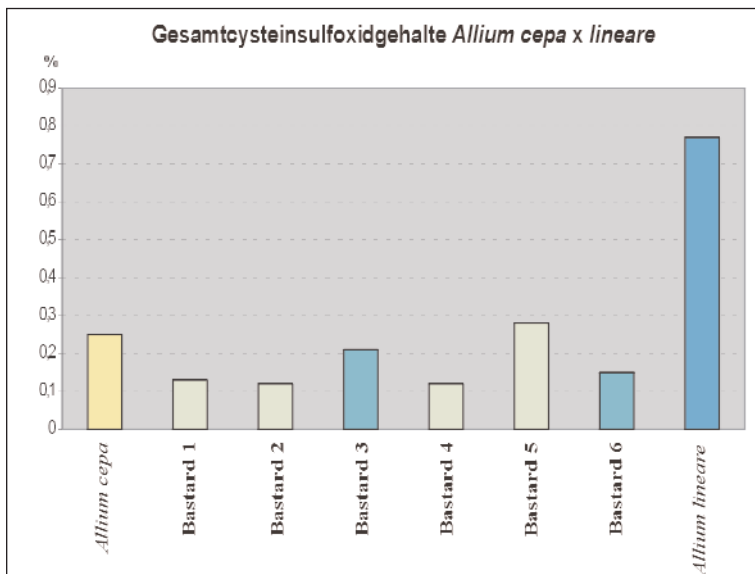


Abb. 5: Gesamtgehalte an Cysteinsulfoxiden in den Hybriden und deren Eltern von *Allium cepa* x *A. lineare*

Fig. 5: Total amount of cysteine sulfoxides in the hybrids and the related parents of *Allium cepa* x *A. lineare*

Ein weiteres Selektionskriterium war der Gesamtgehalt der Präkursoren (Cysteinsulfoxide) (Abb. 5), die über eine Biosensor-Messung ermittelt wurden. Bei einem hohen Cysteinsulfoxidgehalt ist jeweils auch mit einem hohen Ertrag an Alliumöl, das durch Wasserdampfdestillation aus den zerkleinerten Zwiebeln gewonnen wird, zu rechnen. Im Rahmen der durchgeführten Untersuchungen stellte sich Bastard Nr. 5 als potentiell interessant für eine wirtschaftliche Nutzung heraus, da er mit 0,28% unter den analysierten Proben den höchsten Gehalt an Cysteinsulfoxiden aufwies.

Durch die Kombination der Untersuchungsmethoden kann also eine sinnvolle Selektion der Hybride im Hinblick auf Ertrag, Wachstumsverhalten und inhaltsstoffliche Qualität vorgenommen werden, um mit diesen Pflanzen dann in die nächsten Versuchsphasen einzugehen. Bastard Nr. 6 hebt sich durch seine gute Wüchsigkeit und sein spezifisches Aromaprofil hervor und besitzt zudem den dritthöchsten Cysteinsulfoxidgehalt, Bastard Nr. 5 zeigt Auffälligkeiten im Cysteinsulfoxidgehalt und im Aromaprofil. So kann anhand der *Allium cepa* x *A. lineare*-Hybridisierung exemplarisch gezeigt werden, dass die qualitative SPME-HS-Analytik ein brauchbares Verfahren zur Einzelpflanzenselektion darstellt.

**Abstract:**

The SPME-HS-GC-analysis has been proved as a rapid method for characterisation and evaluation of *Allium* species and hybrids on the basis of their individual volatile sulfur-containing secondary metabolites. A large number of *Allium* wild species has been investigated resulting in a statistically based scheme presenting the existing chemo-typical differences. The use of SPME-GC analysis has also been demonstrated for the selection of single hybrids in breeding experiments using the hybrid system of *Allium cepa* x *A. lineare* as an example.

In Zusammenarbeit mit: Dr. J. Keller, IPK Gatersleben, Dr. M. Keusgen, Universität Bonn, Institut für pharmazeutische Biologie (Biosensor-Messungen) sowie Herrn Tischler, Agrar-genossenschaft Calbe (Anbau von Versuchspflanzen). Finanzierung: BMBF, Förderkennzeichen: 03I3916A (Innoregio-Programm, Rephyrna e.V.).

(BAZ-1243)

**2.6 Entwicklung charakterisierter zum Anbau geeigneter Mohnformen (*Papaver somniferum* L.) und molekulare Analyse der Vererbung ihres Alkaloidgehaltes**

**Development of characterised arable poppy forms (*Papaver somniferum* L.) and molecular analysis of the genetics of their alkaloids.**

Straka, P.; Nothnagel, T.; Bachus, H.; Colditz, D.

**Zielsetzung/Aim:**

Das Ziel des Forschungsprojektes besteht in der Entwicklung von charakterisiertem Basismaterial für die Züchtung und den Anbau von morphinarmen Schlafmohn, *Papaver somniferum* L. in Deutschland. Die molekulare Analyse

der Vererbung von spezifischen Alkaloiden erfolgt durch Markeranalyse und den Nachweis spezifischer cDNAs, die mit hohem bzw. niedrigem Gehalt bestimmter Alkaloide korrelieren.

The goal of the research project consists in the development of characterised basic material for plant breeding and cultivation of low morphine poppy, *Papaver somniferum* L. in Germany. The molecular analysis of the genetics of alkaloid contents is performed by marker analysis and identification of cDNAs in single plants with high or low content of different alkaloids.

**Ergebnisse:**

Als wichtigste Voraussetzung für die durchzuführenden Forschungsarbeiten wurde eine geeignete HPLC-Methode zur Bestimmung der verschiedenen Alkaloid-Profile in trockenem Kapselmateriale unterschiedlicher Formen des Schlafmohns, *Papaver somniferum* L. entwickelt und etabliert. Die in der Literatur beschriebene Analyse von Alkaloiden bei Mohn wurde weitestgehend auf der Grundlage von relativ großen Mischproben aus mehreren Einzelpflanzen (Populationen) durchgeführt. Größere Probenvolumina erlauben zwar eine stärkere Aufkonzentrierung der Extrakte, jedoch wird hierbei die große Variabilität der Einzelpflanzen verdeckt. Für die Durchführung einer Selektion bestimmter Chemotypen sowie die genetische Analyse der Vererbung bestimmter Merkmale waren Einzelpflanzenanalysen unbedingte Voraussetzung. Entsprechend wurden spezifische Methoden der Probenvorbereitung sowie eine neue HPLC-Analysenmethode entwickelt.

Es wurde ein umfangreiches pflanzliches Ausgangsmaterial erstellt und analysiert. Dieses bot einerseits die Möglichkeit, Mohnpflanzen mit unterschiedlichen Alkaloidspektren aufzufinden und damit die Voraussetzungen zu schaffen, um neue interessante Linien zu entwickeln. Andererseits konnten bereits vorhandene Linien mit abweichenden Alkaloidspektren kombiniert werden. Als Richtwert für die Bezeichnung „morphinarm“ diente der vom BGA festgelegte Grenzwert von 0,01 % Morphin in der trockenen Kapsel. Die große Variation des Morphingehaltes innerhalb der Sorten und Akzessionen wurde bestätigt. Die morphinarmen Formen wurden im Vergleich mit anderen Sorten und Linien in einem dreijährigen Feldversuch angebaut und die Stabilität dieses Merkmals nachgewiesen. Die Einzelpflanzenanalysen ergaben Hinweise auf neue Chemotypen, deren Gehalt spezifischer Alkaloide signifikant weit unter oder weit über dem Mittel der Sor-

ten lag. Wie schon bei der Entwicklung des morphinarmen Pflanzenmaterials wurden die entsprechenden Nachkommenschaften zum Aufbau von Linien verwendet, die einen bestimmten Chemotyp repräsentieren. Mittels RAPD-Markern wurden ausgewählte morphinarme und morphinreiche Sorten und aus ihnen selektierte morphinarme Einzelpflanzen-Nachkommenschaften molekular charakterisiert. Im Ergebnis einer anschließenden Verwandtschaftsanalyse wurden Hinweise erhalten, die auf eine genetische Differenziertheit der selektierten Linien von ihrer Ausgangsform in Konsequenz der Selektion auf Morphinarmut angesehen werden können. Mit Projektabschluss können drei morphinarme Mohnlinien zur Entwicklung von Sorten von *Papaver somniferum* L. in Deutschland zur Verfügung gestellt werden.

Genetische Karten bieten die Möglichkeit, spezifische Genloci zu lokalisieren und zu identifizieren. Zur Identifizierung von DNA-Fragmenten, die mit dem Merkmal „Morphinarmut“ gekoppelt vererbt werden, wurde mit der Entwicklung einer genetischen Karte bei *Papaver somniferum* L. begonnen. Als Kartierungspopulation diente eine F<sub>2</sub>-Nachkommenschaft aus der Kreuzung einer morphinarmen Pflanze einer BAZ-Linie und einer morphinreichen Pflanze der Sorte 'Cosmos'. Im Ergebnis konnten 125 polymorphe DNA-Fragmente nachgewiesen werden: 77 AFLP- und 48 RAPD-Banden. Sechs morphologische Merkmale wurden bestimmt. Davon konnten 77 Loci, d. h. 55 % der Gesamtanzahl, in 16 Kopplungsgruppen zusammengeführt werden. Der haploide Chromosomensatz von *P. somniferum* L. ist x = 11. Damit sind in der vorläufigen Karte 4 Kopplungsgruppen mehr vorhanden als die haploide Chromosomenzahl.

Weiterhin wurde eine Methode zur Analyse von cDNAs auf der Basis des Differential Displays erarbeitet. Durch den Vergleich morphinarmer und morphinreicher Pflanzen in demselben Entwicklungsstadium konnten cDNAs nachgewiesen werden, die mit diesem Merkmal korrelierten.

In Anwendung der Ergebnisse wurde das Projekt ergänzt durch eine Kooperationsvereinbarung mit der Firma Pharma Wernigerode. In diesem Rahmen wurden bisher Vergleiche von Alkaloidspektren verschiedener Sorten und Linien von Schlafmohn, *Papaver somniferum* L., durchgeführt. Als Ausgangsmaterial wurden grüne oberirdische Pflanzenteile nach der Milchreife geerntet und der Presssaft, der als Rohstoff zur Herstellung eines medizinischen Präparates dient, analysiert. Nach bisher zweijährigen Un-

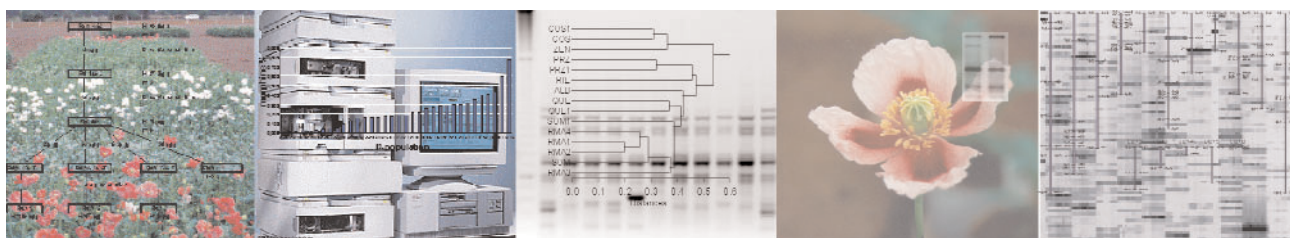


Abb.1: Selektion HPLC-Alkaloidanalyse Molekulare Charakterisierung DNA-Analyse Genetische Karte  
 Fig.1: Selection HPLC-alkaloid analysis Molecular Characterisation cDNA-analysis Genetic map

tersuchungen konnte eine vorläufige Sortenempfehlung gegeben werden.

Abstract:

At present, on account of drug abuse, the cultivation of poppy is limited by restrictions of the German Federal Health Agency which fixed the maximal morphine content in *Papaver somniferum* L. to 0.01 % in the dry capsule. Based on alkaloid analysis an extensive selection of poppy lines, *Papaver somniferum* L., with different alkaloid profiles was carried out. Methods of sample preparation and HPLC-analysis were developed for the characterisation of poppy single plants. Poppy lines were evaluated for their chemotypes and characterised by RAPD-analysis. Lines with putative novel chemotypes were selected, especially three low-morphine lines. Cluster analysis based on molecular markers showed, that selected lines were clearly distant from their ancestor. This is an indication for genetic differentiation as consequence of the selection for low-morphine content.

A F<sub>2</sub> population obtained from a cross between a low-morphine poppy plant and a high-morphine plant from the Hungarian poppy variety 'Cosmos' was investigated. Based on morphological traits and molecular markers a first genetic map of poppy, *Papaver somniferum* L., was developed. The comparison of cDNAs of low-morphine and high-morphine plants resulted in different fragments for both chemotypes.

In Zusammenarbeit mit: Nothnagel, T., IGK; Finanzierung durch: Kultusministerium des Landes Sachsen/Anhalt.

(BAZ-1232)

## Arbeitsgruppe EDV

### Data Processing

#### Quedlinburg

Methoden der Informationstechnologie durchdringen, wie überall in der Forschung, auch in der BAZ nahezu alle Forschungsbereiche. Dabei werden sie zunehmend vom Hilfsmittel zu einem unverzichtbaren Werkzeug der Wissenschaftler. Neue Forschungsmethoden wie z. B. die Molekularbiologie sind ohne das elektronische Gedächtnis immer größerer DV-Anlagen und deren extreme Rechengeschwindigkeiten undenkbar. Aber auch in „klassischen“ Forschungsrichtungen wie der Analytik, der klassischen Züchtung oder bei der Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen wird zunehmend leistungsfähigere Software zur Bearbeitung spezieller Fragestellungen und Probleme benötigt.

Die AG EDV der BAZ bearbeitet zu diesem Zweck folgende zwei Forschungsschwerpunkte:

- Einsatz biometrischer Methoden in der Züchtungsforschung und
- Erstellung von datenbankbasierter Software für das Management von Forschungsdaten in den einzelnen Instituten der BAZ.

Kennzeichnend für die Forschungstätigkeit ist der hohe Anteil an interdisziplinärer Arbeit, denn die Entwicklung von wissenschaftlich nutzbarer Software beinhaltet immer die Projektion realer Prozesse auf ein mathematisches, daten- und programmtechnisches Modell.

2002 lag der Schwerpunkt der Arbeiten auf zwei eigenen und der Mitarbeit in weiteren Projekten aus den Instituten der BAZ, in denen es um die Erstellung von Datenbankanwendungen für komplexe Fragestellungen geht. Diese Arbeiten sind unmittelbarer Bestandteil des neuen Konzeptes „Datenmanagement“, welches eine entsprechende Arbeitsgruppe seit nunmehr zwei Jahren für die BAZ entwickelt.

Im April 2002 konnten in einem Vortrag im Rahmen eines Workshops am Beispiel des Projektes „*Brassica*-Datenbank“ die Ergebnisse der bisherigen Arbeit erfolgreich vorgestellt werden. Der Workshop fand im Rahmen der Biometrie-Fortbildung statt und zeigte die zunehmende Bedeutung der Thematik in vielen Bereichen der Ressortforschung des BMVEL.

In 3 weiteren Vorträgen im Rahmen einer offenen Vortragsveranstaltung der Arbeitsgruppe „Datenmanagement“ wurden einzelne Projekte der AG EDV vorgestellt.

2003 wird die Arbeit der AG EDV durch den anlaufenden Biometrie-Fernkurs für Mitarbeiter des Hauses bestimmt, der in der BAZ durch die AG EDV betreut wird.

Weiterhin werden in Fortführung von 2 abgeschlossenen Projekten Folgeprojekte begonnen, in denen die Integration biometrischer Methoden in Datenbankanwendungen untersucht wird.

In welchem Maße die AG EDV Wissenschaftler der BAZ bei der Nutzung von Methoden der Bioinformatik zukünftig unterstützen kann, soll ebenfalls 2003 untersucht werden.

Methods of information technologies penetrate - as everywhere in present science - almost all parts of BAZ research. For the scientist, IT has been developed from an auxiliary means into an indispensable tool. Novel research methods such as molecular biology are unthinkable without the electronic memory of ever bigger data processing facilities and their extremely high computing speed. But also the so-called classical field of research, e.g. chemical analysis, conventional breeding or the evaluation of plant genetic resources, is more and more adopting advanced software products to solve its specific problems.

In this context, the data processing group of BAZ focuses its activities on two major fields:

- Application of biometric methods in breeding research, and
- Programming of database assisted software for the management of research data compiled in the BAZ institutes.

These efforts are mainly characterized by a high share of interdisciplinary approaches, since the development of science-practicable software always includes the projection of real processes on a mathematical, data or program model. In 2002, efforts have been directed towards the development of database solutions appropriate for complex relationships. The data processing group has run two own projects in this field and co-operated with BAZ institutes in related projects. These activities are part of a central concept of data management which a special work group has been further developing for BAZ purposes since 2001.

At a workshop in April 2002, the results of the current work were successfully presented taking the „*Brassica* database“ project as an example. The workshop was part of a biometry training and showed the growing importance of this science in the research sector of the Ministry.

Additionally, current activities of the DP group were presented in three lectures given at a public seminar of the Data Management work group.

In 2003, a major challenge in DP work will be a correspondence course on biometry designed for training the research staff of the Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture and coordinated on BAZ level by the DP group.

Based on two projects recently finished, it is planned to start follow-up projects investigating the integration of biometric methods in database solutions. Furthermore, the contribution the DP group can make to support BAZ scientists in qualifying the adoption of bioinformatics in BAZ research will be discussed in 2003.

**1. Entwicklung eines Datenmodells und Implementierung einer Client-Server-Datenbanklösung zur Abbildung der Arbeiten an Material der Gattung *Brassica* einschließlich aller anfallenden Daten auf Einzelpflanzenbasis**

**Development of a data model and establishment of a client-server-database to illustrate research on genus *Brassica*, a data preparation per single plant included**

Kecke, S.; Marthe, F.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Klocke, E.; Schütze, W.

**Zielsetzung/Aim:**

Mit Hilfe eines zu entwickelnden Datenmodells und einer darauf aufbauenden Client-Server-Datenbanklösung soll eine Work-Flow-Lösung für die institutsübergreifend in mehreren Arbeitsgruppen anfallenden Daten an Pflanzen der Gattung *Brassica* geschaffen werden. Die Daten sind unterschiedlichster Art und werden mit unterschiedlichen Methoden erzeugt. Die Lösung wird eine Dokumentation der laufenden und der abgeschlossenen Arbeiten der beteiligten Arbeitsgruppen sowie die Speicherung aller Einzelergebnisse ermöglichen. Mit Methoden des Data-Mining werden Algorithmen entwickelt, die eine übergreifende Bereitstellung und Auswertung der Daten bis hin zur Rekonstruktion von Stammbäumen einzelner Pflanzen ermöglichen.

A data model will be developed as a basis for a client-server-database. The database contains different kinds of data of genus *Brassica* which are collected in several BAZ work groups and through different methods. This work flow allows for a documentation of current and completed research of the work groups involved as well as for a storage of all single results. Algorithms developed by methods of Data-mining make a comprehensive data preparation and assessment possible which also applies to the reconstruction of pedigrees of single plants.

**Ergebnisse:**

Im Ergebnis der Projektentwicklung entstanden ein umfassendes Datenmodell sowie eine Client-Server-Softwarelösung. Das Ziel, alle geplanten Module zur Datenbearbeitung für die beteiligten Arbeitsgruppen zu realisieren wurde erreicht. In Abweichung von der ursprünglichen Zielstellung wurde die Entwicklung umfangreicherer Auswert- und Recherchemöglichkeiten teilweise zurückgestellt. Diese Aufgaben werden in ein Folgeprojekt übertragen. Stattdessen zeigte es sich, dass eine Erweiterung der Aufgabenstellung auf beliebige Kulturarten vorgezogen werden musste.

So ist das Ergebnis der Arbeit eine Softwarelösung, die die Bearbeitung vielfältiger Pflanzen- und Versuchsdaten verschiedener Kulturarten ermöglicht. Die Abbildung 1 zeigt in einer Übersicht das Datenmodell für eine Kulturart.

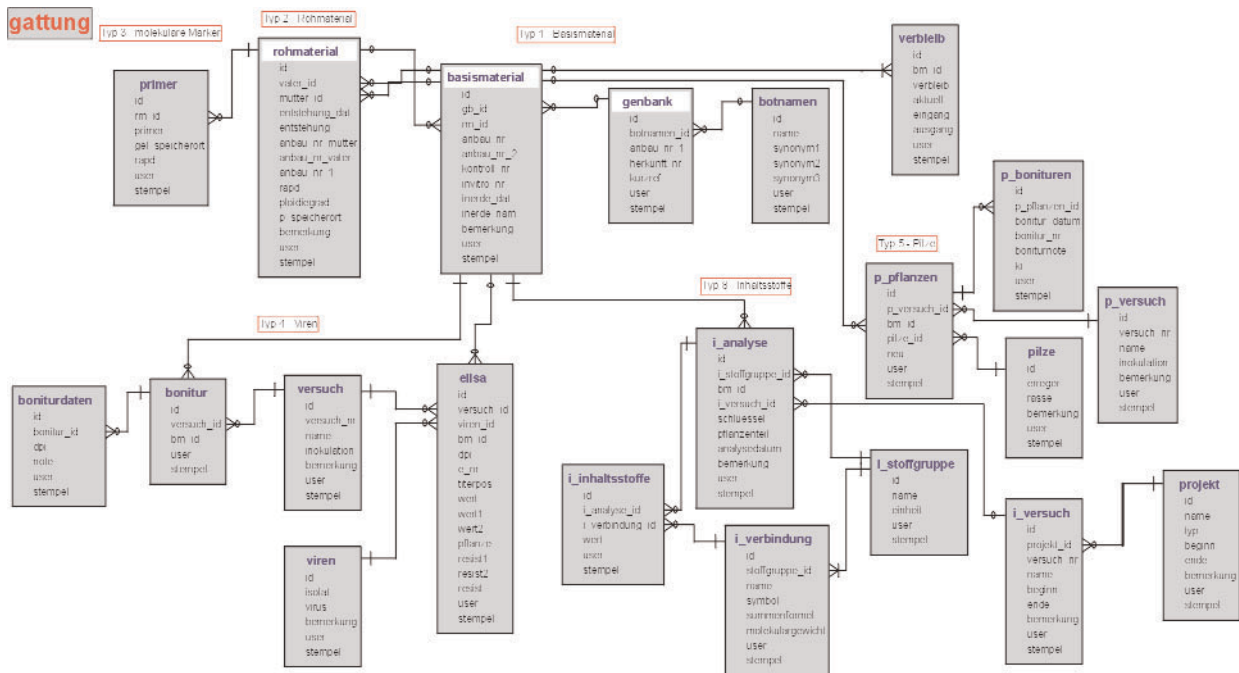


Abb. 1: Datenmodell  
Fig. 1: Datamodel

Die Software bietet folgenden Arbeitsgruppen Möglichkeiten, Daten zu Pflanzen, Inhaltsstoffen und Resistenzversuchen in der Datenbank zu speichern:

- Basismaterial (Daten zu einzelnen Pflanzen und ihren Nachkommen)
- Rohmaterial (Informationen zur Erzeugung mittel Fusion und anderer Methoden)
- molekulare Marker (Ergebnisse der RAPD-Analysen der Fusionate)
- Viren (Ergebnisse verschiedener Resistenzprüfverfahren)
- Pilze (Ergebnisse verschiedener Resistenzprüfverfahren)
- Inhaltsstoffe (Untersuchungsergebnisse zu Inhaltsstoffen der Pflanzen)

Im weiteren Ausbau der Lösung in einem Folgeprojekt wird der Schwerpunkt vor allem auf die Nutzung, Aufbereitung und Auswertung, die partielle Präsentation im Internet sowie die Realisierung von Übergängen zur Statistiksoftware SAS für die biometrische Weiterbearbeitung der Daten liegen.

Abstract:

Last year, all essential modules of the various work groups involved in the project could be realized. In further steps the project will be supplemented with analysis tools.

(BAZ 9001)

2. **Erstellung datenbankgestützter Erfassungswerkzeuge für Evaluierungsdaten zur Krankheitsresistenz genetischer Ressourcen**  
**Establishment of tools for the database input of evaluation data for the resistance of genetic resources against diseases and pests.**  
Kecke, S.; Marx, G.

Zielsetzung/Aim:

Für die in der BAZ erarbeiteten Evaluierungsdaten zur Krankheits- und Schädlingsresistenz genetischer Ressourcen, insbesondere der Gerste, wird ein Datenmodell entwickelt. Auf dieser Grundlage sind eine SQL-Datenbank zu implementieren und die erforderlichen Programme zur Datenerfassung und Datenauswertung zu programmieren.

A database model is being developed for the evaluation data for resistance of plant genetic resources to diseases and pests, especially of barley, estimated by the BAZ. On the base of this model a SQL Database will be implemented and the computer programs necessary for the data input and data processing will be programmed.

Ergebnisse:

Die Aufgabestellung beinhaltet die Zusammenfassung einer großen Menge von Evaluierungsdaten aus Versuchen unterschiedlicher Art und für verschiedene Schaderreger zur Krankheitsresistenz von genetischen Ressourcen des Getreides, insbesondere der Gerste.

Bereits existierende Datenbestände, die hauptsächlich in Form von Versuchsbüchern, Karteikarten und Excel-Tabellen vorlagen, werden in das Projekt übernommen.



<b>Getreideformen:</b>	Gerste ( <i>Hordeum</i> spp.) und Weizen ( <i>Triticum</i> spp.)		
<b>Pflanzensamen</b>	<b>Wachstum</b>	<b>Schaderreger</b>	<b>Resistenzprüfung</b>
- Genbank - Züchter - ...	- Labor - Gazezelt - Freiland	- Viren - Pilze - Netzflecken - Mehltau - Aphiden - ...	- Bonitur - serologischer Test - ELISA - ...

Abb. 1: Datenquellen  
Fig. 1: Data sources

Das Projekt realisiert die zentrale Verwaltung der Daten mit den entsprechenden Verwaltungs-, Erfassungs- und Auskunftsmodulen sowie die Regelung der Zugriffsberechtigungen für die Mitarbeiter des BAZ-Institutes für Epidemiologie und Resistenz auf diese Daten.

Die Softwarelösung „EvaSystem“ ist als netzwerkfähige Windows-Anwendung mit Zugriff auf Paradox-Datenbankdateien und einer MySQL-Datenbank realisiert. Die Passportdaten werden aus der Datenbank der Genbank des IPK Gatersleben importiert.

Die Evaluierungsdaten werden in Paradox- und MySQL-Tabellen verwaltet. Zum jetzigen Zeitpunkt besteht das

Projekt aus 5 miteinander verbundenen Anwendungsprogrammen.

Die Realisierung des Projektes erfolgt in enger Zusammenarbeit mit Herrn Dr. Schliephake, Prof. Proeseler, Frau Dr. Walther, Frau Dr. Habekuß und weiteren Mitarbeitern des Institutes für Epidemiologie und Resistenz. Zum gegenwärtigen Zeitpunkt befinden sich mehrere Module bereits in praktischer Anwendung. Weitere Module sind in Bearbeitung.

Die Evaluierungsdaten zu den Schaderregern „Bodenbürtige Gerstenviren“ und „Rostpilze“ werden exportiert und über ZADI/IGR im Internet präsentiert.

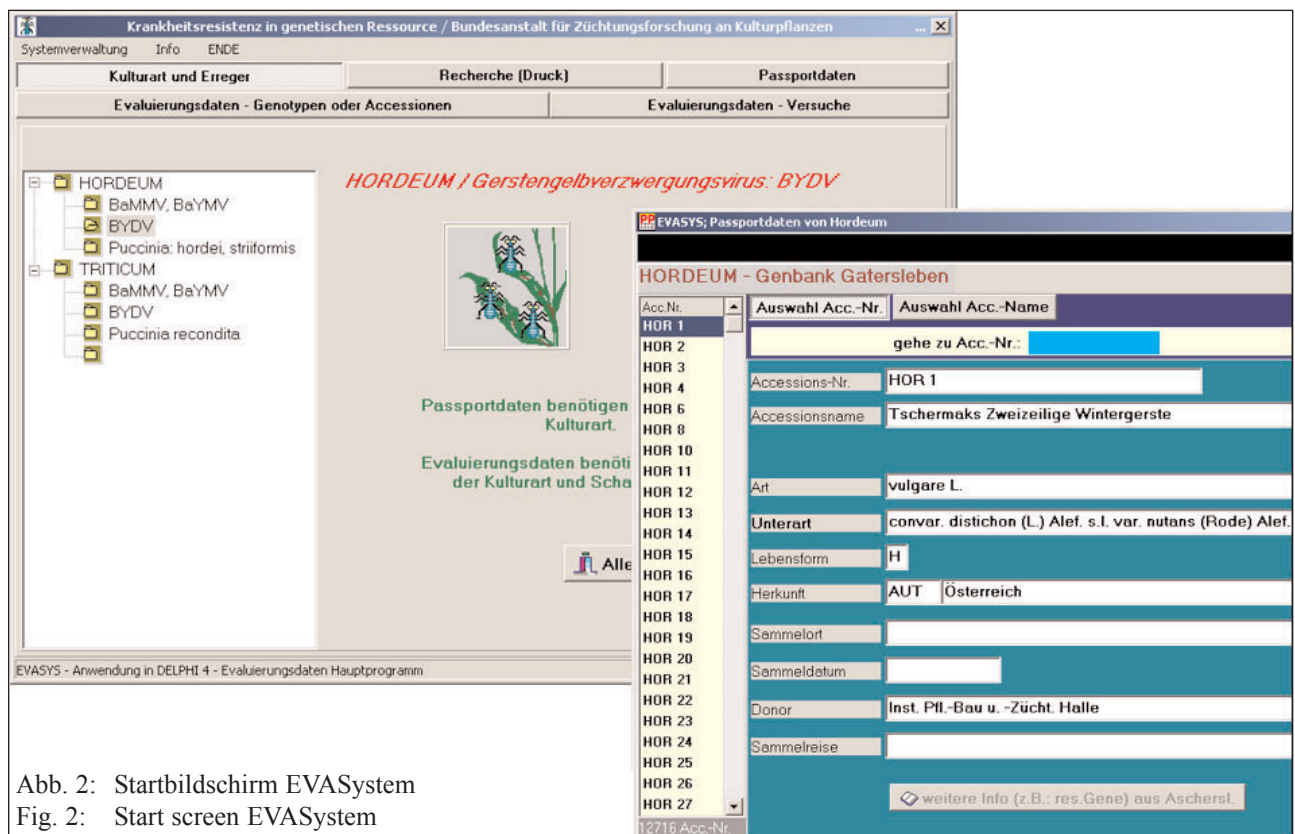


Abb. 2: Startbildschirm EVASystem  
Fig. 2: Start screen EVASystem

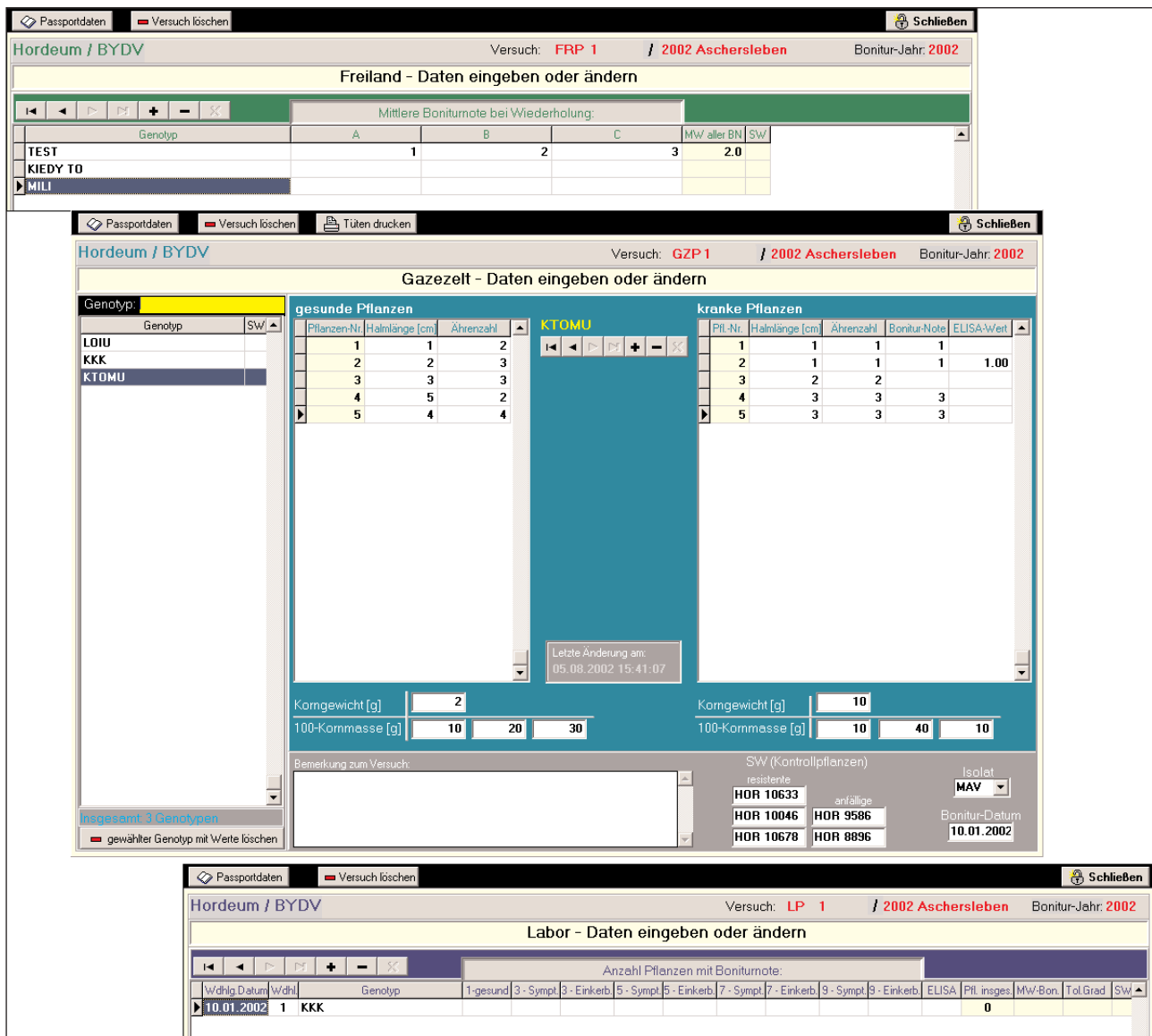


Abb. 3: Bearbeitungsbildschirm BYDV  
 Fig. 3: User interface BYDV

Abstract:

The project includes evaluation data of 2 species and several pathogens and includes the central administration of all modules. There have been realised modules for data input as well as modules for analysis. New modules are being developed.

(BAZ 9002)

# 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 für Rebenzüchtung (BFA)“ 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 sowie der „Viticulture and Enology Abstracts“ mit Zusammenfassungen der relevanten Wein- und Weinbau-Literatur.

In der Amtszeit von Prof. Alleweldt bis 1995 ist es gelungen, neue, weitgehend resistente Qualitäts-sorten 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. Heute stellt die Sorte ‘Regent’, die seit dem Jahr 2000 in allen deutschen Weinbaugebieten klassifiziert ist, mit über 900 ha die am weitesten verbreitete pilzresistente Neuzüchtung dar.



Abb. 2: ‘Regent’-Weine aus deutschen und schweizer Anbau-gebieten im Wettbewerb

Fig. 2: ‘Regent’-wines from Germany and Switzerland competing for prizes

rheinland-pfälzischen Ministerpräsidenten Kurt Beck stand, wurden aus 215 ‘Regent’-Weinen die besten in den Kategorien „Normalausbau“ und „im Barrique gereift“ ausgewählt. Die Sieger wurden anlässlich einer Feierstunde im historischen Hofbereich des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof im Beisein von Frau Landrätin Theresia Riedmaier und zahlreichen Gästen geehrt (vgl. Abb. 1 bis 4).



Abb. 1: Dr. R. Töpfer (links) und Ministerpräsident Kurt Beck (rechts) gratulieren Prof. Dr. G. Alleweldt (Mitte), dem das Regent-Forum 2002 gewidmet war

Fig. 1: Dr. R. Töpfer (left) and Prime Minister of Rheinland-Pfalz Kurt Beck (right) congratulate Prof. Dr. G. Alleweldt (middle) to whom the Regent-Forum 2002 was dedicated

Neue, pilzwiderstandsfähige Rebsorten stellen einen Meilenstein für Innovationen im Weinbau dar, doch ist ihr Bekanntheitsgrad und damit ihre Verbreitung im Vergleich zu traditionellen Sorten unzureichend. Daher wurde 2002 erstmalig ein Forum für pilzwiderstandsfähige, neue Rebsorten auf dem Geilweilerhof mit der Zielsetzung abgehalten, das Engagement der Weinbaupraxis, die die neuen Sorten testet, zu würdigen. Im „Regent-Forum 2002: Neue Rebsorten - Neue Weine“, das unter der Schirmherrschaft des



Abb. 3: Regent-Forum 2002: Die Gewinner des Wettbewerbs

Fig. 3: Regent-Forum 2002: The prize winners

## Züchtung

Nach jahrzehntelanger konsequenter Ausrichtung der Züchtung auf die Entwicklung pilzresistenter Keltertraubensorten zeigen sich die Erfolge nun mehr und mehr in der Praxis. Die erst seit 1996 zugelassene und aus dieser Zuchtrichtung stammende Rebsorte 'Regent' gehört mittlerweile zu den am meisten gepflanzten Rebsorten bei Neuanlagen. Im Berichtsjahr hat sich die Anbaufläche von 632 ha auf etwa 900 ha erhöht. Bei etwa 20 % der in diesem Jahr produzierten Pfropfreben ist 'Regent' der Edelreispartner, so dass ein deutlicher Sprung über die 1.000 ha-Grenze für 2003 zu erwarten ist.

## Züchtungsforschung

Im Jahr 2002 gelang es erstmals bei genetischen Kartierungsarbeiten der Rebe mit Hilfe der Kopplungs-/Rekombinationsanalyse molekularer Marker die Daten aus zwei unterschiedlichen Kreuzungspopulationen 'Regent' x 'Lemberger' und 'Gf.Ga-47-42' x 'Vidal blanc' soweit zusammenzuführen, dass eine erste Homologisierung der Kopplungsgruppen (Chromosomen) über alle vier Eltern möglich wurde. Resistenzfaktoren gegen den Erreger des Falschen Mehltaus, *Plasmopara viticola*, konnten in beiden Testkreuzungen lokalisiert werden. In diesem Zusammenhang ist die Frage bedeutsam, ob die Resistenzen aus gleichen oder verschiedenen genetischen Quellen stammen. Eine Klärung dieser Frage trägt dazu bei, die Basis für die künftige Kombination von Resistenzen, sog. Pyramidisierung, zur züchterischen Erzeugung breit angelegter, dauerhafter Pilzresistenz zu schaffen. Die genetische Karte 'Regent' x 'Lemberger', die mit anderen Karten abgeglichen und zur Entwicklung einer Konsensuskarte genutzt wird, dient als Grundlage für den Einstieg in die physikalische Genomkartierung ab dem Jahr 2003. Prädestiniert hierfür ist eine ca. 6 cM große Region, auf der eine Resistenz gegen Echten Mehltau, *Uncinula necator*, mit einer Markerauflösung von etwa 1 cM kartiert wurde. Mit Ablauf des Berichtsjahres steht eine BAC-Bank der Sorte 'Regent' mit 12-facher Genomabdeckung und durchschnittlich 110 kb Insertionen von Reben-DNA zur Verfügung, die für die positionsgestützte Isolierung von Resistenzgenen eingesetzt werden soll. Darüber hinaus wurden in einer Testpopulation ('Gf.Ga-47-42' x 'Vidal blanc') erstmals Hinweise auf genetische Regionen gefunden, die mit der Ausprägung von Aromastoffen in Verbindung gebracht werden können. Diese Arbeiten bieten den Einstieg in die Entwicklung zur Vorhersage von einzelnen Qualitätsaspekten auf der Basis molekularer Marker.

Mit der Etablierung und Anwendung der DNA-Array-Technologie wurde neben der genetischen und physikalischen Genomanalyse ein erster Schritt in Richtung der multiparallelen funktionalen Genomanalyse getan. Ausgehend von 1900 EST-Klonen aus verschiedenen Geweben der Rebe wurde ein erster DNA-Array-Filter hergestellt. Untersuchungen mit diesem rebspezifischen DNA-Array an trockengestressten Rebblättern ergaben eine Reihe von Kandidatengenen, die als Reaktion auf Wassermangel deutlich herauf- bzw. herunterreguliert wurden.

Im Rahmen von Untersuchungen zu den Mechanismen der Trockentoleranz wurden erstmals bei Reben zwei Teilprozesse der bei Trockenheit hochempfindlich reagierenden Photosynthese gleichzeitig gemessen. Die Befunde lassen erkennen, dass die Abnahme der Photosynthese bei Wassermangel nicht, wie bisher angenommen, ausschließlich auf einer stomatären Verminderung der CO<sub>2</sub>-Aufnahme in das Blatt, sondern parallel dazu auf einer zunehmenden Behinderung des CO<sub>2</sub>-Transfers in



Abb. 4: Regent-Forum 2002: Die Festveranstaltung im Park des Geilweilerturmes

Fig. 4: Regent-Forum 2002: The festival kept in the park of Geilweilerturm

die Chloroplasten beruht. Eine neue, kombinierte Messtechnik erlaubt nunmehr eine wesentlich präzisere und detailliertere Erfassung der photosynthetischen Leistungsfähigkeit von Rebsorten unter Stressbedingungen.

#### Genetische Ressourcen

In den letzten zwei Jahren wurden vier 80- bis 100-jährige Weinberge in der Nähe von Heidelberg entdeckt, in denen u. a. der 'Weiße Heunisch', eine alte Landsorte, gefunden wurde, die im deutschen Weinbau seit Jahrzehnten als ausgestorben galt. Diese Sensation wurde in der Fachpresse und den Medien vielfach gewürdigt. Der 'Weiße Heunisch' ist ein Elternteil vieler Rebsorten u. a. der weltweit bekannten Weißwein-Sorte 'Chardonnay'. Ausgewählte Rebstöcke aus den Heidelberger Weinbergen wurden für künftige ampelographische und molekulare Analysen gesichert.

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 of 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. Meanwhile 'Regent' is grown on more than 900 ha in Germany. 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 of 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“ and „Viticulture and Enology Abstracts“;

- 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 2002 the area planted with ‘Regent’ has doubled and now surmounts 900 ha. In 20 % of the graftings produced this year ‘Regent’ is the scion; this means a significant step forward all the more in 2003 the 1000 ha border will be reached.

#### Breeding research

In 2002 genetic mapping studies based on linkage/recombination analyses using molecular markers scored over two different segregating test populations allowed for the first time to homologize some of the resulting linkage groups over the four parental types involved. Factors mediating resistance to *Plasmopara viticola*, the causal agent of the downy mildew disease, could be localized and mapped in both test populations. It remains a future task to define the genetic origin of the resistance in different genotypes as a step towards the development of pyramiding strategies which should result in the combination of broadly based, long-lasting resistances in new varieties. *Uncinula necator* resistance was localized on a 6 cM region in the population ‘Regent’ x ‘Lemberger’ carrying a QTL for powdery mildew resistance at a resolution of about 1 cM. This region provides a starting point for physical mapping by using a BAC-library of ‘Regent’ covering 12 genome equivalents and an average insert size on of 110 kb. In addition, we succeeded for the first time in the population ‘Gf.Ga-47-42’ x ‘Vidal blanc’ to localize genetic regions involved in the formation of aroma-relevant compounds.

With the establishment and application of the DNA array technology a first step was done towards the multi parallel functional genomic analysis. Starting with 1900 EST clones for different grapevine tissues a first macroarray filter was produced. Using this grape-specific DNA array, grape leaves suffering from drought stress were analyzed. Due to the water deficit some candidate genes were found showing significant up or down regulation.

Within the frame of investigations on drought tolerance of grape for the first time two different processes of leaf photosynthesis responding in very sensitive ways to water deficiency were estimated simultaneously. Preliminary results indicate that the drought-induced decrease of photosynthesis is not, as was previously assumed, exclusively caused by stomatal limitation of CO<sub>2</sub> uptake; rather, in parallel to stomatal resistance, an increased resistance to CO<sub>2</sub> transfer into the chloroplasts was observed. A new, combined technique enables to estimate much more precisely and refined photosynthetic capacities under stress conditions.

#### The genetic resources of Vitis

In the past two years four 80-100 years old vineyards were found near Heidelberg. The ‘White Heunisch’, an old landrace supposed to have disappeared from German viticulture since decades, is a parent of the world-wide esteemed variety ‘Chardonnay’. Ampelographic and molecular characterization of certain genotypes is in progress.

# 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 or susceptible grapevine cultivars

Kortekamp, A.; Vogt, S.; Zyprian, E.

### Zielsetzung/Aim:

*Plasmopara viticola*, der Falsche Mehltaupilz, ist 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. Daher ist es das Ziel dieser Arbeit, die grundlegenden Resistenzantworten und die Sequenzen der daran beteiligten Gene aufzuklären.

*Plasmopara viticola*, the downy mildew fungus, is one of the most important pathogens in German viticulture. Breeding efforts resulted in new field-resistant grapevine varieties. However very little knowledge exists about the involved resistance mechanisms. Therefore, 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 über den Verlauf der Plasmoparainfektion haben 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 related“)-Proteine kodieren, während der Abwehrreaktion früh im Infektionsverlauf bei resistenten Sorten aktiviert werden. Dies konnte für das Gen *VR1*, 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 *VR3* verhält sich reziprok, es scheint bei Befall vermindert exprimiert zu werden. „Southern blot“-Analysen zeigten, dass *VR1* und 2 als kleine Genfamilien und *VR3* vermutlich als „Single copy gene“ im Genom vorlagen. Die von diesen Genen untersuchten Fragmente aus einem „Differential Display“-Ansatz werden nun durch „Genome Walking“-Techniken verlängert, so dass schließlich die kompletten Sequenzen zur weiteren Charakterisierung zur Verfügung stehen werden. Bis jetzt ist es gelungen, Fragmente mit Längen von etwa 1.0 und 1.8 kb in den „upstream“ und „downstream“ Bereichen der ursprünglichen Fragmente zu erhalten. Eine downstream von *VR1* liegende Sequenz wurde bereits für weitere Untersuchungen kloniert.

### Abstract:

Comparative cytological studies during the infection of *Plasmopara viticola* in resistant and susceptible grapevines showed an early and intense activation of enzymes typical for a hypersensitive reaction. In consequence, 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. Southern blot analysis indicates small gene families for *VR1* and *VR2*. *VR1* seems to be a single copy gene. The fragments of these genes originally identified in a differential display approach are now being extended by genome walking techniques to gain the complete sequences for their further characterization. Extensions of 1.0 to 1.8 kb could be obtained in the various upstream and downstream regions. A fragment positioned downstream of *VR1* has been cloned and needs to be sequenced.

(BAZ-5130)

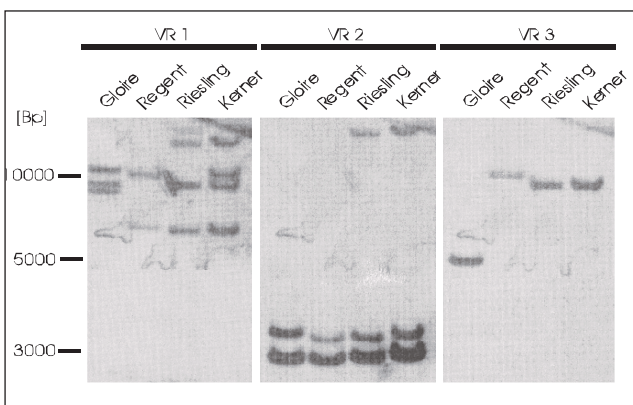


Abb. 1: Southern blot-Analyse der Gene *VR1*, *VR2* und *VR3* nach Spaltung mit *EcoRI* in unterschiedlichen Rebsorten

Fig. 1: Southern blot analysis of genes *VR1*, *VR2* and *VR3* in various cultivars



## 2. Stressphysiologie Stress physiology

### 2.1 Untersuchungen zur Trockentoleranz von Rebsorten

#### Studies on drought tolerance of grapevine varieties

Düring, H.; Köglmeier, W.; Hausmann, L.

Zielsetzung/Aim:

Wassermangel kann bei Reben zu einer Beeinträchtigung der Most- und Weinqualität führen. Zur Qualitätssicherung bei Trockenheit werden Methoden zur Charakterisierung und Selektion trockenintoleranter Sämlinge entwickelt. Die inzwischen gesetzlich erlaubte Bewässerung im Qualitätsweinssektor in Teilen des deutschen Weinbaus wirft zusätzlich methodische Fragen zur sortenspezifischen Bewässerungsbedürftigkeit auf.

Drought may 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. Recently in some parts of German viticulture irrigation has become legal for the sector of „quality wine“. This, among other things, raises methodical questions concerning the variety-specific need for water supply.

Ergebnisse:

Versuche zur Charakterisierung der Trockentoleranz von Rebsorten durch Einbeziehung der Photosyntheseleistung haben deutlich gemacht, dass bei Wassermangel neben der

Transpiration auch die  $\text{CO}_2$ -Aufnahme ins Blatt sehr rasch durch Schließung der Stomata unterbunden wird, wobei einige Sorten offenbar zu einer Optimierung der Stomataweite befähigt sind i. d. S., dass die  $\text{CO}_2$ -Aufnahme bezogen auf die Wasserabgabe maximiert wird. Simultane Messungen von Gaswechsel und Chlorophyll-Fluoreszenz haben nun erstmals bei Reben Einblicke in die in den Chloroplasten der Blätter ablaufenden Photosyntheseprozesse bei Wassermangel ermöglicht. Erste Ergebnisse zeigen, dass bei Wassermangel neben der  $\text{CO}_2$ -Aufnahme ins Blatt auch der  $\text{CO}_2$ -Transfer im Blatt zu den Chloroplasten, die sog. Mesophyll-Leitfähigkeit, abnimmt, sodass die bei Wassermangel sinkende Photosyntheserate nicht, wie bisher angenommen, rein stomatär bedingt ist (Abb. 1). Der bei Wassermangel verminderte  $\text{CO}_2$ -Transfer im Blattmesophyll dürfte unmittelbar mit der parallel erfolgenden Abnahme der Carboxilierungseffizienz in den Chloroplasten zusammenhängen. Diese Untersuchungen sollen auf ein größeres Sortenspektrum ausgedehnt werden.

Erste Hinweise auf die mit Trockenstress verbundene unterschiedliche Genregulation lieferten Profiling-Experimente unter Einsatz der DNA-Array-Technologie. Hierfür wurden Transkripte aus Blättern der Rebsorte 'Regent', die unterschiedlich lange unter Trockenstress litten (0, 7 und 11 Tage), isoliert und als Komplexsonde für die Hybridisierung eines DNA-Arrays eingesetzt. Der DNA-Array besteht aus ca. 1.900 PCR-Fragmenten von ESTs. Unter den hoch regulierten und identifizierbaren Transkripten befinden sich verschiedenste Gene, die z. B. für rd22-ähnliche oder Pathogenese-related Proteine kodieren. Teilweise stark herunter reguliert wurden z. B. die Gene von Metallothionein-ähnlichen, Auxin-bindenden/Germin-ähnlichen Proteinen oder der Rubisco (Abb. 2).

Zur Aufklärung der kausalanalytischen Zusammenhänge des „Sonnenbrandes“ bei Weinbeeren wurden zunächst Beeren hohen Temperaturen (30-50 °C) ausgesetzt; dies führte zu temperaturabhängigen Störungen der Primärprozesse der Photosynthese in der Beerenhaut. Sodann wurden während der Beerenentwicklung die Beeren von 20 Rebsorten bis zu 5 Stunden 40 °C ausgesetzt. Es zeigte sich, dass bei allen Sorten ausschließlich vor Beginn der Beerenreife Schädigungen der Beerenhaut (Braunfärbung) auftraten, wobei die Sonnenbrandempfindliche Sorte 'Bacchus', aber auch 'Riesling' und 'Müller-Thurgau' stärker geschädigt waren als etwa 'Silvaner' oder 'Morio Muskat' (Abb. 3). Daneben erstreckte sich bei den erstgenannten Sorten die empfindliche Phase bis zum Reifebeginn, während 'Morio Muskat'- und 'Silvaner'-Beeren nur kurzzeitig nach dem Beerenansatz geschädigt wurden. Aus der Beobachtung, dass Weinbeeren offenbar nur in den frühen Entwicklungsphasen empfindlich auf hohe Temperaturen reagieren, kann gefolgert werden, dass bis zum Reifebeginn eine

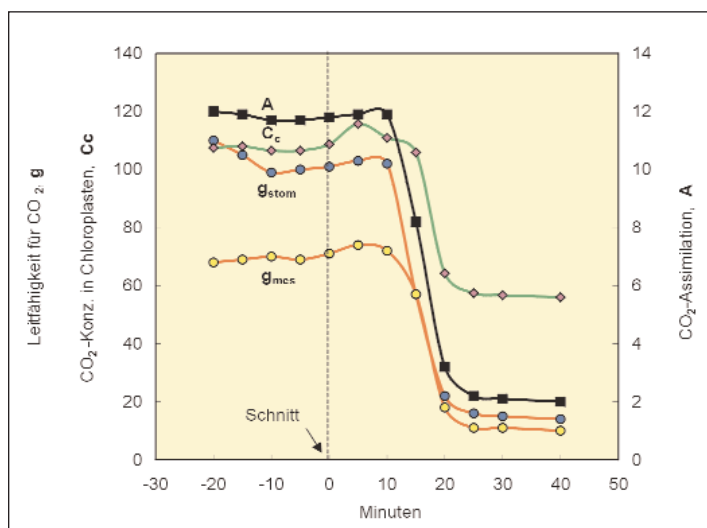


Abb. 1: Bei Wassermangel (Schnitt durch Blattstiel) schließen sich die Spaltöffnungen ( $g_{stom}$ ). Die Abnahme der  $\text{CO}_2$ -Leitfähigkeit im Mesophyll ( $g_{mes}$ ) und der  $\text{CO}_2$ -Konzentration in den Chloroplasten ( $C_c$ ) führten zur Verminderung der  $\text{CO}_2$ -Assimilationsrate (A)

Fig. 1: Water deficiency as induced by cutting a leaf's petiole leads to stomatal closure ( $g_{stom}$ ). The decline of  $\text{CO}_2$  conductance in the mesophyll ( $g_{mes}$ ) and of  $\text{CO}_2$  concentration in chloroplasts ( $C_c$ ) cause reduction of the  $\text{CO}_2$  assimilation rate (A)

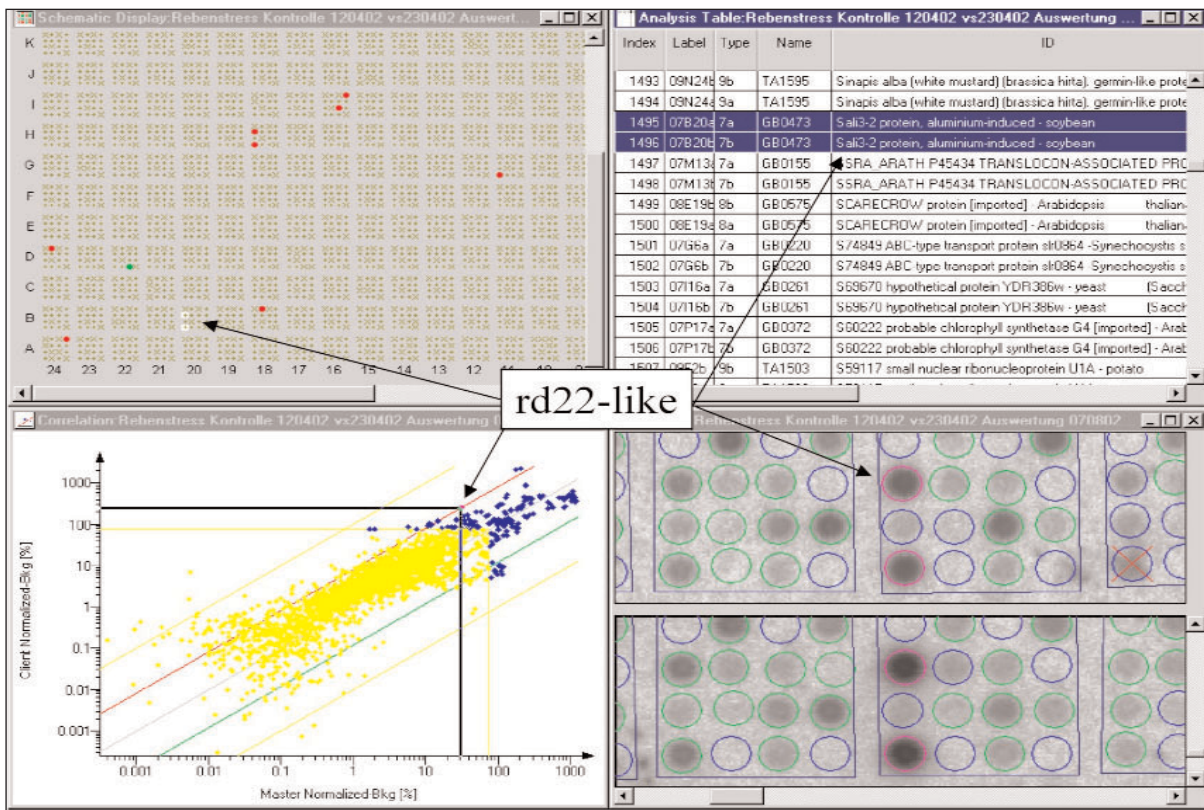


Abb. 2: AIDA Array Compare Software  
 Fig. 2: AIDA Array Compare Software

Schattierung der Trauben durch die Blätter wünschenswert ist, d. h. die Laubarbeiten sollten erst nach Reifebeginn erfolgen. Hohe Temperaturen sind ohne Zweifel wichtige, wahrscheinlich sogar auslösende Faktoren des Sonnenbrandes und für ein Sorten-Screening gut geeignet. Allerdings müssen auch andere Faktoren, etwa eine hohe Strahlung (sichtbares Licht, UV), in die Analyse der „Sonnenbrand“-Ursachen einbezogen werden.



Abb. 3: Schäden an Beeren der Sorte 'Bacchus' durch hohe Temperatur  
 Fig. 3: Berries of cv. 'Bacchus' damaged by high temperature

**Abstract:**  
 Characterization of drought tolerance of grape varieties by focussing on leaf gas exchange has evidenced effective reduction of transpiration rates and CO<sub>2</sub> uptake by stomatal closure. Some varieties obviously are able to optimize stomatal aperture by maximizing CO<sub>2</sub> uptake. For the first time simultaneous measurements of leaf gas exchange and chlorophyll fluorescence have enabled insight into photosynthetic processes occurring in chloroplasts of grape leaves under drought. Our preliminary results indicate that

water deficiency not only affects CO<sub>2</sub> uptake but in addition reduces CO<sub>2</sub> transfer to chloroplasts, i.e. under drought conditions the decline of photosynthesis can no longer be ascribed solely to stomatal action. Reductions of the mesophyll CO<sub>2</sub> transfer („mesophyll conductance“) are supposed to be linked with estimated declines of the carboxylation efficiency in chloroplasts. These first experiments will be expanded to other genotypes.

Using the DNA array technology profiling experiments provided first indications of drought stress dependant gene regulation. Transcripts, isolated from leaves of cultivar 'Regent' suffering from drought stress for 0, 7 and 11 days, were used as complex probes for hybridizing a DNA array. The DNA array consists of ca. 1,900 PCR-products of EST. Among the up-regulated transcripts are e.g. genes coding for rd22-like or pathogenesis related proteins whereas e.g. genes for metallothionein-like, auxin-binding/germin-like or rubisco were partly strong down-regulated (Fig. 2).

Experiments on causal relationships between ambient stress factors and „sunburn“ of grape berries indicated a damage of primary processes of photosynthesis of the berry skin when berries were exposed to high temperatures (30 - 50 °C). During berry development berries of 20 varieties were exposed to 40 °C for up to 5 hours. Berries of all varieties were damaged (brown colour) but only before the onset of ripening. Varieties known to be susceptible to „sunburn“, e.g. 'Bacchus', but also 'Riesling' and 'Müller-Thurgau' were more damaged than 'Silvaner' or 'Morio

Muskat'. Moreover, sensitivity of the first-mentioned varieties lasted until the onset of ripening while the latter varieties were damaged only briefly after berry set. This demonstrates that major damage of grape berries occurs in an early stage of development and that „sunburn“ can be avoided by a delay of summer pruning into the period after the onset of ripening. No doubt, high temperatures are decisive if not inducing factors of „sunburn“ and suitable for screening genotypes. Other factors, however, e. g. high radiation (visible light, UV), may also be involved in this disorder.

In Zusammenarbeit mit: CSIRO, Division of Plant Industry; Waite Univ. Adelaide, Australien, Loveys, B.R.; Dry, P.R.

(BAZ-5108)

### 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, mapping and genome analysis

Fischer, B.; Salakhutdinov, I.; Akkurt, M.; Eibach, R.; Töpfer, R.; Zyprian, E.

Zielsetzung/Aim:

Unter den wirtschaftlich bedeutenden Risikofaktoren im Weinbau sind Pilzinfektionen nach wie vor an erster Stelle zu nennen (Abb. 1). Der damit erforderliche regelmäßige Einsatz von Fungiziden belastet jedoch die Umwelt. Deshalb ist es ein wichtiges Ziel der Rebenzüchtung, neue resistente Qualitätssorten zu erzeugen. Molekulare Marker, welche mit züchterisch relevanten Eigenschaften wie der Resistenz korrelieren, erlauben eine frühe zielgerichtete Auswahl geeigneter Pflanzen im Zuchtgang durch molekulare Vorhersage des Phänotyps. Diese „Marker-gestützte Selektion“ kann die Arbeit des Züchters künftig effizienter gestalten. Zugleich bieten solche Marker die Möglichkeit, über positionsgestütztes Klonieren zu den entsprechenden Genen zu kommen, um diese in ihrem Wirkmechanismus zu verstehen und mit Hilfe biotechnologischer Verfahren in klassische, anfällige Rebsorten einführen zu können.

Fungal infections still represent the major economic risk factors in viticulture (Fig. 1). Regular protective treatments are indispensable for most classical cultivars but cause environmental problems. Thus the production of new resistant high quality varieties represents the most important objective of grapevine breeding. Molecular markers correlating with traits such as resistance allow early evaluation of the breeding material by molecular prediction of the desired phenotypes (marker-assisted selection). In addition, such molecular markers provide experimental

access to analyze the corresponding genes by positional cloning, a prerequisite for elucidation of their functions and their further use in biotechnological applications to improve traditional grapevine cultivars.

Ergebnisse:

Die Entwicklung und Kartierung molekularer Marker erfolgt schwerpunktmäßig an einer Testpopulation aus der Kreuzung von 'Regent' x 'Lemberger'. Hierbei handelt es sich um die Kreuzungsnachkommenschaft der im Feld mehrfach pilzresistenten Sorte 'Regent' mit dem anfälligen Parentaltyp 'Lemberger' (syn. 'Blaufränkisch'). Insbesondere die Resistenzen gegen den Erreger des Falschen Mehltaus, *Plasmopara viticola*, sowie gegen den Echten Mehltau, *Uncinula necator*, spalten in der Nachkommenschaft aus 153 Einzelindividuen deutlich als quantitative Merkmale auf. Darüber hinaus liegen Feldboniturdaten aus vier Beobachtungsjahren zu phänotypisch variierenden Merkmalen von agronomischer Bedeutung vor.

Die molekulare Kartierung an der Population 'Regent' x 'Lemberger' wurde fortgeführt. Nach neuer Verrechnung der insgesamt über 800 erfassten dominanten und codominanten Marker nach dem Prinzip der Kopplungs-/Rekombinationsanalyse im Modell der Doppel-Pseudotestkreuzung mit hoher statistischer Stringenz wurden detaillierte Karten für die beiden Parentaltypen erarbeitet. Die molekulare Karte von 'Regent' erstreckt sich mit 268 kartierten Markern nach derzeitigem Stand über 1273 cM und 19 Kopplungsgruppen mit einem mittleren Markerabstand von 4.5 cM. Die Karte von 'Lemberger' enthält 183 kartierte Loci mit einem durchschnittlichen Markerabstand von 6.3 cM über eine genetische Gesamtdistanz von 1154 cM in derzeit 25 Kopplungsgruppen. Auf der Basis codominanter Mikrosatelliten-Marker und doppelt-heterozygot vorliegender, dominanter Marker konnten 16 der 19 Kopplungsgruppen von 'Regent' mit solchen aus 'Lemberger' homologisiert werden. Die Analyse auf QTL (Quantitative trait loci) ergab für die Resistenz gegen *Uncinula necator* (Echter Mehltau, imperfekte Form *Oidium tuckeri*) eine korrelierende Region auf Kopplungsgruppe 16 (=R15 IGGP\*), vgl. Abb. 1a und 1b) von 'Regent'. Für die Resistenz gegen *Plasmopara viticola* (Falscher Mehltau) wurden zwei Regionen definiert, welche Faktoren für die Ausprägung der Resistenz enthalten: Ein „major“ QTL liegt auf Kopplungsgruppe 9 von 'Regent', ein zweiter „minor“ QTL im terminalen Bereich von Kopplungsgruppe 10 (= R5 IGGP\*), vgl. Abb. 2.) Darüber hinaus konnten für weitere, agronomisch wichtige Merkmale QTL-Korrelationen festgestellt werden: Faktoren für das Ausmaß der Axillartriebbildung (Kopplungsgruppe 3 von 'Regent'), die Beerengröße (Kopplungsgruppen 3 und 10 von 'Regent') sowie den Beginn der Beerenreife (auf den Kopp-

\*) Im Rahmen des „International Grape Genome Program“ (IGGP) wurde eine einheitliche Nomenklatur der Kopplungsgruppen in *Vitis* festgelegt. Bezeichnungen von Kopplungsgruppen in Klammern und mit dem Zusatz IGGP geben bereits den Hinweis auf die künftige Nomenklatur.

Discussion in IGGP revealed consensus for numbering of linkage groups in *Vitis*. Numbering in parenthesis with the addition „IGGP“ point to the nomenclature in future.

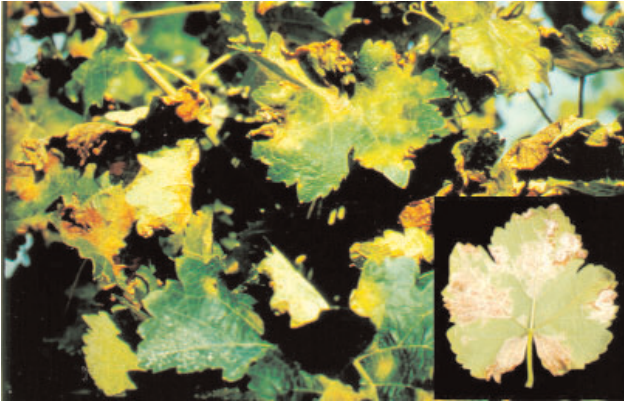


Abb. 1a: Falscher Mehltaubbefall an Blättern von Weinreben  
 Fig. 1a: Downy mildew *Plasmopara viticola* on grapevine leaves

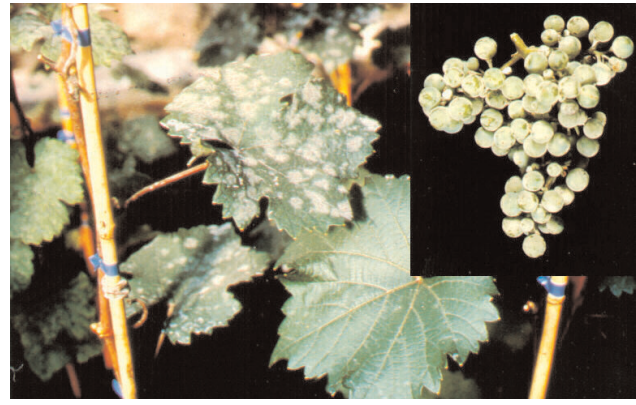


Abb. 1b: Echter Mehltaubbefall an Blättern und Traube von Weinreben  
 Fig. 1b: Powdery mildew *Uncinula necator* on leaves and cluster of grapevines

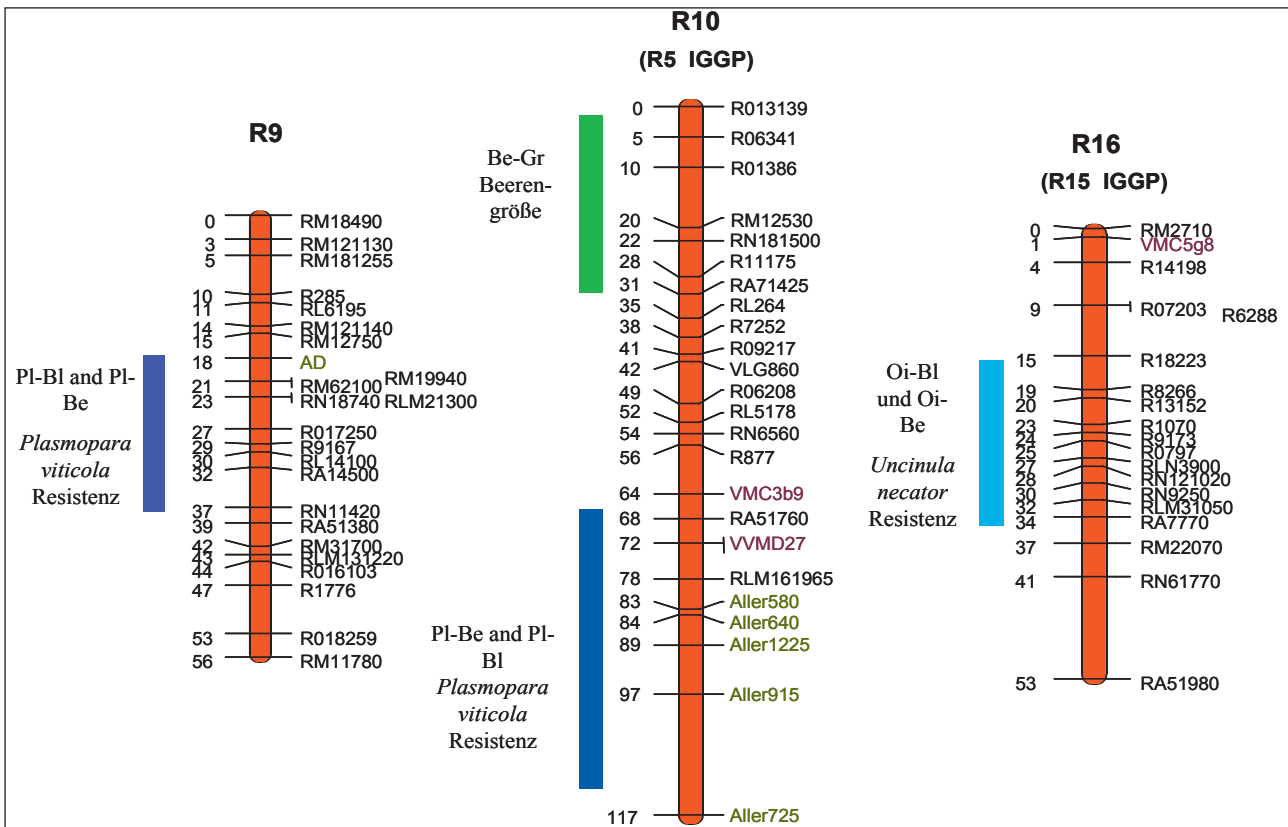


Abb. 2: Kopplungsgruppen von 'Regent' mit verschiedenen QTL insbesondere für Resistenzen. Die künftig international anzuwendende Nomenklatur gemäß IGGP\*) ist in Klammern wiedergegeben

Fig. 2: Linkage groups of 'Regent' carrying QTL for mildew resistances. Linkage group numbering in parenthesis according to IGG

lungsguppen 1, 6 und 11 von 'Regent') wurden nach Verrechnung von Boniturdaten aus vier Jahren reproduzierbar lokalisiert.

AFLP (Amplified fragment length polymorphisms)- und RAPD (Random amplified polymorphic DNA) Marker aus den Regionen mit QTL für die Pilzresistenzen sind derzeit in weiterer Untersuchung. Einige AFLP- und RAPD-Fragmente wurden bereits ansequenziert und bioinformatisch bearbeitet, andere werden derzeit kloniert oder durch "Ge-

nome Walking"-Techniken verlängert. Diese weiterführenden Arbeiten dienen dazu, längere, spezifische Primer zu entwickeln, um die experimentelle Sicherheit und die Übertragbarkeit dieser Merkmals-korrelierenden Marker auf anderes Zuchtmaterial zu prüfen. In diesem Zusammenhang wurde auch eine reziproke Kreuzung 'Lemberger' x 'Regent' (insgesamt 138 Individuen) zur DNA-Extraktion herangezogen, um nach der Erfassung der spalten-den Pilzresistenzen in dieser Population die Marker zu verifizieren.

Um die Kartierung von "anonymen" molekularen Markern auf funktionelle Gene hin auszuweiten, wurden weitere ESTs (Expressed sequence tags) aus cDNA-Bibliotheken der Weinrebe gewonnen. In der AG liegen drei verschiedene cDNA-Banken der Weinrebe vor. Davon wurden 1035 Klone neu der Sequenzanalyse unterzogen (960 Klone davon in Kooperation mit R. Velasco, ISMAA San Michele, Italien). Die erhaltenen Sequenzen wurden in Datenbankrecherchen abgeglichen, um den ESTs mögliche Funktionen zuzuordnen. Diese Daten können sowohl für die Kartierungsarbeiten als auch für Expressionsstudien eingesetzt werden. Derzeit sind insgesamt 2037 Sequenzen in einer lokalen Datenbank erfasst.

ESTs lassen sich mit Hilfe verschiedener Techniken zur Darstellung segregierender Polymorphismen wie z. B. SSCP (Single strand conformational polymorphism) und CAPS (Cleaved amplified polymorphic sequence) in Kopplungs-/Rekombinationsanalysen kartieren.

Für die Kartierungsarbeit wurden bisher 46 Sequenzen benutzt. 21 Sequenzen aus der NCBI Datenbank am National Institute of Health in USA enthalten kodierende Regionen von verschiedenen Genen der Weinrebe. 25 Sequenzen aus EST-Analysen am IRZ Geilweilerhof besitzen Regionen von Genen, die potentiell eine Rolle in der Resistenz für verschiedene abiotische und biotische Faktoren oder wichtige Entwicklungsprozesse der Weinrebe spielen. Auf Basis dieser Sequenzen wurden 46 Primerpaare zur spezifischen Amplifikation entwickelt.

Die Testpopulation wurde zunächst mit Hilfe der CAPS-Technik und den 46 Primerpaaren untersucht. Insgesamt wurden 18 dominant erfasste und ein codominanter CAPS-Marker für 10 funktionelle Gene identifiziert. Sieben davon wurden kartiert und sind integraler Bestandteil der oben beschriebenen molekularen Karte.

Die CAPS-Technik hat jedoch den Nachteil, nur dann spaltende Polymorphismen aufzuzeigen, wenn diese in der Schnittstelle eines Restriktionsenzym auftreten. Die Möglichkeit zum Nachweis von Nukleotidaustauschen innerhalb der PCR (Polymerase chain reaction)-amplifizierten Genfragmente ist daher eingeschränkt. Um eine effizientere Detektion spaltender Polymorphismen zu erreichen, wurde die SSCP (Single strand conformational polymorphisms) Technik etabliert. Diese Methode erlaubt es, den Austausch einzelner Nukleotide als SNPs (Single nucleotide polymorphisms) auf Spezialgelen nachzuweisen, wodurch die Wahrscheinlichkeit der Identifikation spaltender Polymorphismen stark erhöht wird. In diesem Zusammenhang wurden 50 weitere Gen-spezifische Primerpaare aus den EST-Sequenzen entwickelt und 44 davon auf spaltende Polymorphismen getestet (in Kooperation mit R. Velasco, ISMAA San Michele, Italien). Eine Re-sequenzierung der parentalen Varianten erlaubte zudem die klare molekulare Beschreibung der entsprechenden Haplotypen. 35 der 44 untersuchten Genfragmente (davon 21 durch Sequenzierung detailliert studiert) zeigten Nu-

kleotidaustausche oder Polymorphismen. Diese werden derzeit in der Kartierung als SSCP-Marker über die Gesamtpopulation eingesetzt.

Darüber hinaus wird derzeit auf internationaler Ebene eine Vereinheitlichung der Nomenklatur der Kopplungsgruppen der Weinrebe angestrebt\*). Andere Kartierungsarbeiten im Ausland haben die Analyse ähnlicher oder auch verschiedener Merkmale zum Schwerpunkt und berücksichtigen lokale Varietäten. Aus diesem Grund sind die Parentaltypen der verwendeten spaltenden Populationen unterschiedlich und erfordern einen nomenklatorischen Abgleich, um Resultate vergleichen zu können. Besonders SSR Marker sind auf Grund ihrer problemlosen Übertragbarkeit hierzu geeignet. Die Abstimmung erfolgt derzeit nach den Maßgaben des IGGP (International Grape Genome Program) auf der Basis einer Mikrosatellitenkarte (vgl. Abb. 2 und 3).

Zusätzlich zu den Studien an der Kreuzungspopulation 'Regent' x 'Lemberger' wird die Kreuzungsnachkommenschaft von 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' untersucht. Diese Population mit ebenfalls 153 Einzelindividuen spaltet phänotypisch für Pilzresistenzen, welche hier von beiden Parentaltypen vererbt werden, und Aromakomponenten sowie weitere agronomische Merkmale auf. Boniturdaten liegen aus mehreren Versuchsjahren der Feldbeobachtungen vor. Als molekulare Marker wurden AFLP-, RAPD- und Mikrosatelliten-Marker zur Untersuchung spaltender Polymorphismen eingesetzt. Nach Analyse mit statistisch hoher Stringenz sind derzeit 367 cM der Sorte 'Gf.Ga-47-42' mit 67 Loci und einem mittleren Markerabstand von 5.5 cM in 10 Kopplungsgruppen dargestellt; für 'Villard blanc' sind 81 loci in 12 Kopplungsgruppen mit einem durchschnittlichen Markerabstand von 5 cM über insgesamt 407 cM erfasst. Von den bisher beschriebenen Kopplungsgruppen der beiden Parentaltypen sind sechs miteinander homologisierbar (Abb. 3). Drei der homologen Paare sowie je eine zusätzliche Kopplungsgruppe von 'Gf.Ga-47-42' und von 'Villard blanc' können mit den Kopplungsgruppen von 'Regent' und/oder 'Lemberger' homologisiert werden.

Die Intervallkartierung von QTL ergab erste Hinweise auf die Position von Faktoren, welche die Zahl der Trauben pro Trieb, die Traubendichte, die Beerenzahl, Beerengröße sowie das Ausmaß der Axillartrieb Bildung beeinflussen. Interessanterweise wurde die Resistenz gegen *Plasmopara viticola*, dem Erreger des Falschen Mehltaus, hier vorläufig auf einer Kopplungsgruppe von 'Villard blanc' lokalisiert, die einer der Kopplungsgruppen zu entsprechen scheint, welche in der 'Regent'-Karte die Resistenz gegen dieses Pathogen als QTL trägt. Es bleibt daher die Frage, ob die in der Selektion dieser Sorte penetrierten Genquellen für die Resistenz die gleichen sind, die in 'Regent' vorkommen. Diese Frage ist im Hinblick auf eine angestrebte Pyramidisierung unterschiedlicher Resistenzquellen und -mechanismen zum Erreichen einer breit angelegten, dauerhaften Pilzresistenz bedeutsam.

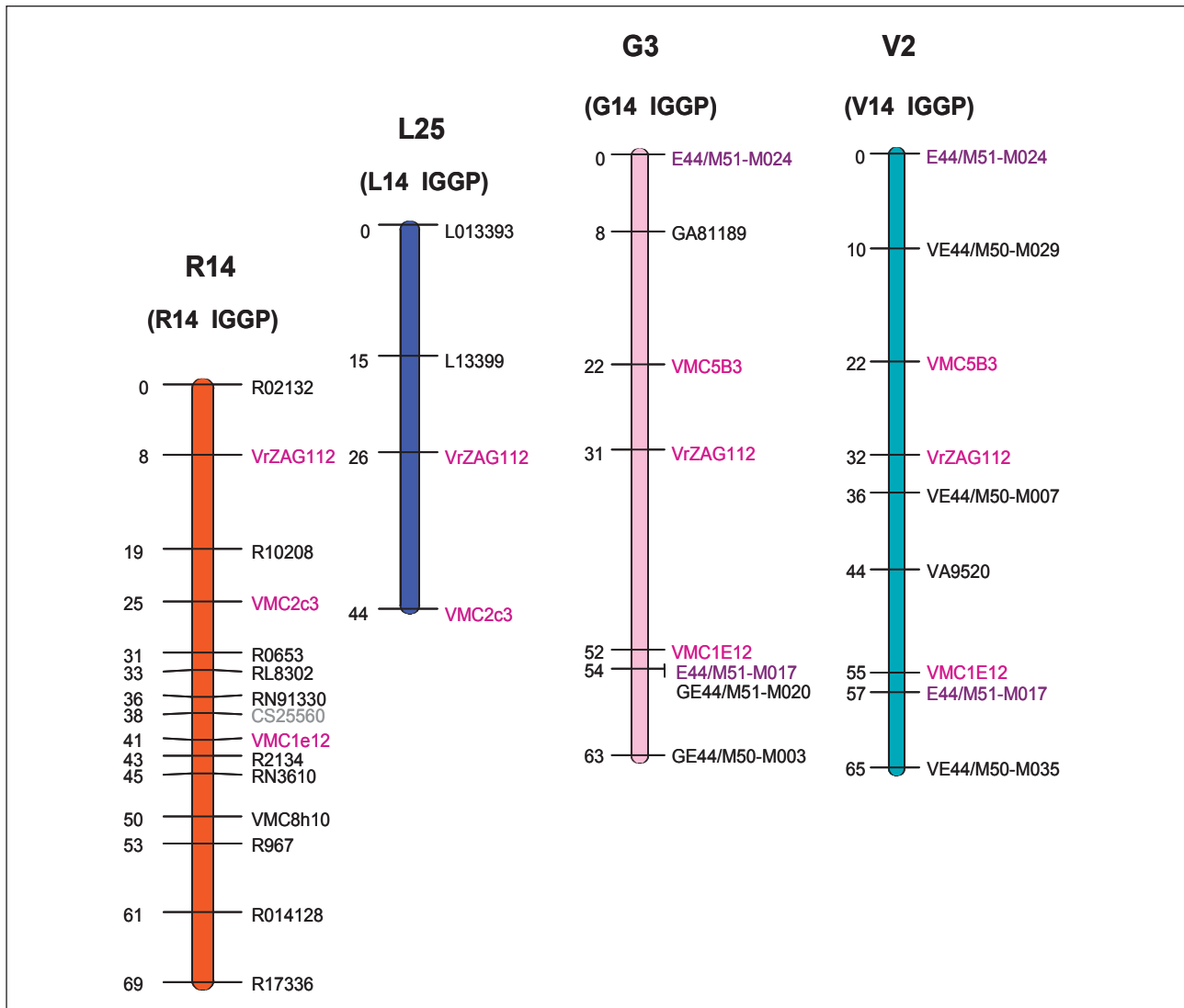


Abb. 3: Konsensus Genkarte der Kopplungsgruppe 14 (IGGP\*)-Nomenklatur von 'Regent' (R), 'Lemberger' (L), 'Gf.Ga-47-42' (G) und 'Villard blanc' (V). Für die Homologisierung wichtige SSR-Marker, z. B. VrZAG112, sind in rot eingetragen

Fig. 3: Consensus map of linkage group 14 (IGGP\*) numbering) of 'Regent' (R), 'Lemberger' (L), 'Gf.Ga-47-42' (G) and 'Villard blanc' (V). Important SSR-markers for homologization are indicated in red

Erstmals wurde auch eine umfangreiche Analyse spaltender Aromakomponenten in dieser Population unternommen und erste QTL für die Synthese von Terpenen konnten vorläufig auf drei Kopplungsgruppen von 'Gf.Ga-47-42' lokalisiert werden.

Projektförderung: Deutsche Forschungsgemeinschaft (Projekt ZY11-4) und Universität Ankara (Stipendium für M. Akkurt); Forschungsring des deutschen Weinbaus (I. Salakhutdinov)

Abstract:

The development of molecular markers is performed with special focus on the test population derived from the crossing of 'Regent' x 'Lemberger'. The population represents the progeny of a multiple fungal-resistant variety 'Regent' with the susceptible cultivar 'Lemberger' (syn. 'Blaufränkisch'). Resistances to the pathogens causing

downy mildew, *Plasmopara viticola*, and powdery mildew, *Uncinula necator*, segregate as quantitative traits in the F1 population comprising 153 individual plants. Field scoring has also been performed for several segregating other agronomic traits for up to four years. A reciprocal cross 'Lemberger' x 'Regent' yielded 138 individual progenitors.

Molecular mapping in this population was continued. Repeated analysis of the more than 800 scored dominant and codominant markers in linkage/recombination analysis following the model of a double pseudotestcross with high statistic stringency yielded detailed maps for both parental types. The map deduced for 'Regent' contains 268 markers extending over 1273 cM organized in 19 linkage groups with an average marker distance of 4.5 cM. The 'Lemberger' map has been established with 183 mapped loci exhibiting an average marker distance of 6.3 cM covering 1154 cM in

total distributed into currently 25 linkage groups. Based on codominant microsatellite markers and doubly-heterozygous dominant markers, 16 out of the 19 linkage groups from 'Regent' could be homologized to linkage groups from 'Lemberger'. Analysis of QTL (quantitative trait loci) indicated a region on linkage group 16 of 'Regent' correlating with resistance to *Uncinula necator* (Powdery mildew, imperfect fungus form called *Oidium tuckeri*, see Fig. 1a and b). Resistance to *Plasmopara viticola* (Downy mildew) was localized in two regions containing factors mediating this resistance: A major QTL was identified on linkage group nine of 'Regent', a second minor QTL in the terminal region of linkage group 10 (see Fig. 2). In addition, QTL correlations were identified for several agronomic traits: Factors influencing the amount of axillary shooting (linkage group three of 'Regent'), berry size (linkage groups three and 10 of 'Regent'), the beginning of berry ripening (linkage groups 1, 6 and 11 from 'Regent') could be reproducibly localized computing the data from four years of field evaluation.

AFLP (amplified fragment length polymorphisms)- and RAPD (random amplified polymorphic DNA)- markers from the regions with QTL for the fungal resistances are currently under further investigation. Some of the markers have been sequenced and analysed with bioinformatics, others are currently being cloned and extended by "genome walking" techniques. These efforts serve to develop longer specific primers to enhance their experimental stability and to check their transferrability to genetically different breeding material. In this context, a reciprocal cross 'Lemberger' x 'Regent' was used for DNA preparations from the individuals in order to verify the correlating markers after phenotypic evaluation of this population.

The molecular mapping has now to be extended from the anonymous markers to functional genes. New ESTs (expressed sequence tags) have been obtained from various cDNA libraries produced from 'Regent' (three different cDNA libraries are available in the group). 1035 cDNA clones were sequenced (960 clones in cooperation with Riccardo Velasco, ISMAA San Michele, Italy). The sequences were matched with data bases to align putative functions to the cloned fragments. These informations and materials can be used for mapping studies as well as expression analysis. Currently 2037 sequences have been collected in a local data base.

ESTs can be analysed with various techniques to detect segregating polymorphisms like e.g. SSCP (single strand conformational polymorphisms) and CAPS (cleaved amplified polymorphic sequences) that may be mapped in linkage/recombination analysis.

So far, 46 of the sequences have been employed for mapping. 21 sequences originating from the data collection at the NCBI (National Institute of Health, USA) cover coding regions of various genes from grapevine. 25 sequences originating from the EST analyses at IRZ Geilweilerhof cover fragments of genes potentially involved in resistance to different biotic and abiotic factors or important de-

velopmental steps of the plants. Based on this sequence information, 46 primer pairs were designed for specific amplification.

The crossing population was studied at first using the CAPS technology and 46 primer pairs. A total of 18 dominant and codominant CAPS markers could be identified from 10 functional genes. Seven thereof could be mapped and are integrated in the current molecular map.

The CAPS technique has an important drawback as it can only resolve segregating polymorphisms if these are present in the recognition sequence of a restriction enzyme. The possibility to detect nucleotide exchanges within PCR (polymerase chain reaction)-amplified genetic fragments is therefore limited. To achieve a more efficient detection of segregating polymorphisms, we established SSCP (single strand conformational polymorphisms) analysis. This method allows to detect exchanges of single nucleotides as SNPs (single nucleotide polymorphisms) in special gels strongly increasing the chance to identify segregating polymorphisms. For this purpose, 50 additional gene-specific primer pairs were designed from EST sequences and 44 thereof were studied for segregating polymorphisms (in cooperation with Riccardo Velasco, ISMAA San Michele, Italy). Re-sequencing of the parental variants allowed to describe the haplotypes on a molecular basis. 35 of the 44 sequences (21 studied in detail by resequencing) showed nucleotide exchanges or polymorphisms. These are currently being used in mapping as SSCP over the complete test population.

On an international scale there are efforts currently being established aiming at the harmonisation of linkage group nomenclature. Mapping studies performed by colleagues in other countries focus on similar or different traits and involve locally important varieties. For these reasons, the parental types used in the mapping populations are different and the data obtained require a unification of nomenclature in order to be able to compare results. Especially SSR markers are well suited for that purpose due to their good transferrability. An agreement has been achieved within the IGGP (International Grape Genome Program) to harmonise nomenclature based on a microsatellite map (see Figs. 2 and 3).

In addition to the population 'Regent' x 'Lemberger' we also study the progeny derived from the crossing of 'Gf.Ga-47-42' (a breeding line from the Institute) x 'Villard blanc'. This population comprising also 153 individuals segregates for fungal disease resistances (inherited from both parents in this case), aroma compounds and agronomic traits. Field evaluation data from several years are available. Molecular markers mapped in this population are AFLP-, RAPD and SSR markers yielding segregating polymorphisms. After analysis with high statistical stringency we currently have a coverage of 367 cM in 'Gf.Ga-47-42' with 67 loci and an average marker distance of 5.5 cM in 10 linkage groups; for 'Villard blanc' 81 loci organized into 12 linkage groups with an average marker distance of 5 cM and a total of 407 cM are mapped. Out of

the described linkage groups of both parental types, six could be homologized to each other (see Fig. 3). Three of these homologized linkage groups as well as one additional group from either parent can be aligned with the linkage groups of 'Regent' and/or 'Lemberger'.

QTL interval mapping resulted in first hints for the localization of factors that influence the number of bunches per shoot, bunch density, berry number, berry size and the amount of axillary shooting. Interestingly, resistance to *Plasmopara viticola* has been preliminarily localized to a linkage group from 'Villard blanc' that finds its homologue in 'Regent'. It is an open question whether the genetic resource of resistance penetrating during the selection of the cultivar 'Villard blanc' is of the same nature as that detected within the variety 'Regent'. In the context of pyramidizing strategies, however, it is of high importance to differentiate various resistances aiming at their combination and the development of a broad-level durable resistance.

For the first time a detailed analysis of segregating aroma compounds has also been performed in this population 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' and first QTL analyses for such components yielded in the placement of QTL involved in the synthesis of terpenes on three linkage groups of 'Gf.Ga-47-42'.

Grants: Deutsche Forschungsgemeinschaft (Project ZY11-4) and the University of Ankara (fellowship for M. Akkurt); Forschungsring des deutschen Weinbaus (I. Salakhutdinov).

In Zusammenarbeit mit: ISMAA, San Michele all'Adige, Italien, Velasco, R.

(BAZ-5115)

### 3.2 Physikalische Kartierung des Rebgenoms Physical mapping of the grapevine genome

Zyprian, E.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Die Weinrebe ist züchterisch auf Grund ihrer langen Generationszeit und starken Inzuchtdepression sowie molekulargenetisch als Gehölzpflanze ein schwierig zu bearbeitendes Objekt. Mit den Möglichkeiten der Genomanalyse ergeben sich jedoch neue Perspektiven, Gene für züchterisch relevante Eigenschaften zu lokalisieren und einer weiteren Analyse zuzuführen. Erste genetische Karten der wirtschaftlich bedeutenden Rebsorten werden in Kürze zur Verfügung stehen. Mit Hilfe von Genbanken, z. B. BAC-Banken, eröffnet sich der Weg zur physikalischen Kartierung einzelner Genombereiche. Im Vordergrund stehen die Kartierung und Identifikation von funktionellen Resistenzgenen sowie von Genen, die andere weinbaulich wichtige Eigenschaften beeinflussen.

Progress in breeding work on grapevine suffers from long generation cycle and high inbreeding depression and molecular work is difficult due to the woody nature of grapevine. Nevertheless, new genome based approaches

provide the perspective for an identification and analysis of genes relevant for the expression of viticulturally important traits. Genetic maps of economic grapevines will be available in the near future. BAC libraries open the field for physical mapping. The work is focused on the mapping and identification of functional resistance genes and genes for other relevant traits.

Ergebnisse:

In Fortsetzung der 1996 begonnenen Arbeiten wurde im Berichtsjahr eine BAC-Bank der Rebsorte 'Regent' erstellt, die das Genom etwa 12-fach abdeckt. Die duale BAC-Bank aus rund 47000 BAC-Klonen untergliedert sich je zur Hälfte in eine Bank, die mit dem Restriktionsenzym HindIII bzw. mit BamHI erstellt wurde. Die durchschnittliche Insertionsgröße der Reben-DNA beträgt rund 100 kb.

Abstract:

In 2002, a BAC library of cv. 'Regent' was obtained subsequent to restriction of either HindIII or BamHI, showing approximately 12 times genome coverage. Average insert size of the 47000 clones is about 110 kb providing an excellent source for physical mapping of resistance and other gene loci.

BAZ-5133

### 3.3 Entwicklung experimentell stabiler Marker zur Differenzierung von Unterlagssorten der Weinrebe Development of experimentally stable molecular markers for the differentiation of rootstock varieties

Zyprian, E.; Dettweiler, 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 or after planting in the vineyard, these rootstocks merely possess morphological characteristics allowing their identification. For this reason, stable and easily applicable molecular markers are required.



Ergebnisse:

Für 43 Unterlagssorten des europäischen Weinbaus einschließlich aller in Deutschland zugelassenen Unterlagssorten sind die Genotypen an 16 Mikrosatelliten (SSR, simple sequence repeats)-Loci bestimmt 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 im Jahr 2002 ampelographisch-morphologisch bearbeitet, um die Zuordnung der molekularen Genotypisierung zur ampelographisch bestätigten Unterlagssorte abzusichern.

Im Falle der beiden Sorten 'Selektion Oppenheim 4' und 'Binova' war bisher keine molekulare Differenzierung auf Basis der SSR Marker möglich. Derzeit wird mit Hilfe der AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)-Methode geprüft, ob eine Unterscheidung dieser beiden, sehr eng verwandten Sorten erreicht werden kann.

Abstract:

A collection of 43 rootstock varieties at the Institute have 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 of 2002 on the basis of morphological/ampelographical traits to establish a clear assignment between genotypic profiles and ampelographically confirmed 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 Polymorphism) technique can lead to a genetic resolution of these two - very closely related - varieties.

(BAZ-5135)

### **3.4 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 und ist, verbunden mit einer hohen Induktionsrate und langanhaltenden embryogenen Kompetenz der Explantate, daher für ein funktionsfähiges Regenerationssystem eine wichtige Voraussetzung. Über Blattscheibenexplantate ist bislang keine oder 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 dabei die saisonal unabhängige Verfügbarkeit von Gescheinen, um die witterungsbedingte und daher zeitlich begrenzte Periode der Entnahmezeit von Antheren im geeigneten Entwicklungsstadium zu verlängern.

For many biotechnological examinations embryogenic tissue is a well suited 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 is found whereas many genotypes can be regenerated by anther culture. For successful genetransfer studies of viticulturally important grapevines large amounts of embryogenic starting material are necessary. A method for a seasonable independent availability of inflorescences for anther excision would be a great benefit to obtain large amounts of embryogenic material throughout the year.

Ergebnisse:

Entsprechend den Versuchen der Vorjahre wurden von der Rebsorte 'Riesling' ab Jahresbeginn in monatlichen Intervallen Vieraugenstecklinge im Gewächshaus bei einer täglichen Zusatzbeleuchtung von 14 Stunden angezogen, um Gescheine für das Anlegen von Antherenkulturen saisonal unabhängig zu induzieren. Das Holz für die Vieraugenstecklinge wurde im Winter geschnitten und in zwei Lagerungsvarianten (+5 °C und -5 °C) bis zum jeweiligen Anzuchttermin aufbewahrt. Von beiden Lagerungsvarianten wurden jeweils 500 Antheren aus den Infloreszenzen der induzierten Gescheine präpariert und auf vollkonzentriertes MS-Medium mit 1mg/L BAP und 1 mg/L 2,4-D für die 4-wöchige Induktionsphase aufgelegt. In den beiden nachfolgenden Subkulturschritten wurde die Hormonapplikation reduziert (0,1mg/L BAP + 0,1 mg/L 2,4-D). Nach dieser Hormonbehandlung wurden die Explantate auf hormonfreiem Basalmedium, das in vierwöchigen Intervallen gewechselt wurde, weiterkultiviert. In den bislang ermittelten Daten der Chargen von Januar bis Oktober ergaben sich keine wesentlichen Unterschiede bei der Induktion somatischer Embryonen 12 Wochen nach Auflegen der Antheren: bei einer Holzlagerung im Plustemperaturenbereich wurde eine Induktionsrate von 31 %, bei der Lagerungsvariante bei Minustemperaturen von 29 % ermittelt. Hingegen musste mit zunehmender Lagerdauer des Holzes in der -5 °C-Lagerungsvariante mit einer Verzögerung der Gescheinsinduktion und somit des Entnahmeterrmins von bis zu einer Woche gerechnet werden.

Im Verlauf der letzten beiden Jahre wurden versucht, von jeweils 2 Klonen von 3 neuen Genotypen eine Antherenkultur zu etablieren. 900 Antheren pro Jahr und Klon wurden von Freilandreben entnommen und gemäß dem Standardprotokoll kultiviert. Von den weißen Neuzüchtungen

‘Gf. 84-27-285’ und ‘Gf. 84-21-9’ aus einer Kreuzung von ‘Sirius’ x ‘Villard blanc zeigte ‘Gf. 84-21-9’ im Durchschnitt beider Klone auch im zweiten Präparationsjahr keine nennenswerten Regenerationsansätze, wohingegen ‘Gf. 84-27-285’ eine Steigerung von über 5 % im Vergleich zum Vorjahr (3,0 %) im Klonendurchschnitt zeigte. Ähnliche Steigerungsraten wurden mit der roten Neuzüchtung ‘Gf. 86-2-60’ (‘Regent’ x ‘Lemberger’-Kreuzung) festgestellt. Im Jahr 2001 betrug die Induktionsrate 3, im Jahr 2002 5,1 %. Bei allen untersuchten Genotypen waren Unterschiede in der Regenerationsfähigkeit zwischen den Klonen festzustellen.

Untersuchungen zur Verbesserung der Konversionsrate von *In-vitro*-Keimlingen zu bewurzelten Einzelpflanzen wurden fortgesetzt, jedoch konnten im Zeitraum der Berichterstattung noch keine vollständigen Auswertungen vorgenommen werden.

Abstract:

For a seasonable independent initiation of anther culture woody four-node-cuttings of grapevine cv. ‘Riesling’ were cultivated in the greenhouse with an additional illumination for 14 hours in four week-intervals. Before cultivation the cuttings were stored under two different temperatures (+5 °C and -5 °C). Anthers were excised from inflorescences which have been induced on the cuttings. In dependence of the storage temperature the induction rate of somatic embryos on anther explants was determined 12 weeks after start of anther culture. The storage temperature of the woody cuttings did not influence obviously the induction of somatic embryos but the induction period of inflorescences was increased by a storage at minus degrees.

During the last two years anther cultures of 6 clones of 3 new grapevine varieties were started. Two out of the 3 varieties could be regenerated following the standard protocol for anther culture. An obvious increase of induction of somatic embryos in the second year of anther culture could be determined. Differences in regeneration potential between the two clones of each grapevine cultivar could be observed.

(BAZ 5116)

### 3.5 Erweiterung der genetischen Basis von Sorten- und Zuchtmaterial durch Gentransfer *Agrobacterium tumefaciens*-mediated genetic transformation of grapevine

Bornhoff, B.-A.; Harst, M.; Zyprian, E.; 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 interessan-

te Rebsorten einzuschleusen. Das Ziel ist, eine Methode zur Übertragung von Genen in Explantate verschiedener Rebsorten 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:

Es wurden die im Vorjahr bei den Rebsorten ‘Riesling’, ‘Müller-Thurgau’ und ‘Dornfelder’ durchgeführten Versuche mit einem Genkonstrukt, das die Gene für GFP (green fluorescent protein) und eine Kanamycinresistenz trägt, fortgesetzt. Ziel der Untersuchungen ist die Überprüfung der Eignung von GFP im Vergleich zu Kanamycin als Selektionsmarker. Die Untersuchungen zeigten, dass die Transformation grundsätzlich erfolgreich war. Auf kanamycinhaltigem Nährmedium (50 mg/l) konnte eine Selektion transformierten Gewebes 4 Wochen nach Transformation festgestellt werden, da nicht transgenes Gewebe auf diesem Medium stark verbräunte und anschließend abstarb. Mit einem speziellen Fluoreszenzmikroskop konnten grün fluoreszierende Kalli detektiert werden (Abb. 1 und 2). Jedoch kommt es bei transgenen Kalli zu einer verzögerten Entwicklung gegenüber den nichttransgenen Kalli, was sich auf kanamycinfreiem Nährmedium verstärkt bemerkbar machte. Eine frühzeitige visuelle Bonitur auf grün fluoreszierendem Gewebe ist somit zwingend notwendig, um eine Überwucherung von transgenem Gewebe zu vermeiden. So kann bei jeder Umsetzung gezielt fluoreszierendes Gewebe und somit transgenes Gewebe weiterkultiviert werden. Nachteil dieser Selektionsmethode ist der große Zeitaufwand für die Bonitur.

Zur Überprüfung der Regenerationsfähigkeit von Antheren aus transgenen Gewächshausreben (Auspflanzung 1999) wurden die im Vorjahr begonnenen Untersuchungen zur Etablierung von Antherenkulturen fortgesetzt. Die Untersuchungen konzentrierten sich in diesem Jahr auf 10 von 11 transgenen ‘Riesling’-Linien, die mit dem Genkonstrukt Chitinase/Glucanase transformiert worden waren. Von jeder der 10 unabhängigen Linien wurden jeweils 190 Antheren und von nicht-transgenen ‘Riesling’-Gewächshausreben 180 Antheren nach dem Standardprotokoll kultiviert. Eine Bonitur 12 Wochen nach Anlegen der Antherenkultur ergab zwar teilweise deutliche Unterschiede in der Regenerationsfähigkeit zwischen den einzelnen transgenen Linien, hingegen wurden keine eindeutigen Unterschiede im Durchschnitt der transgenen Linien (30,7 %) zu den Kontrollen (31,3 %) festgestellt.

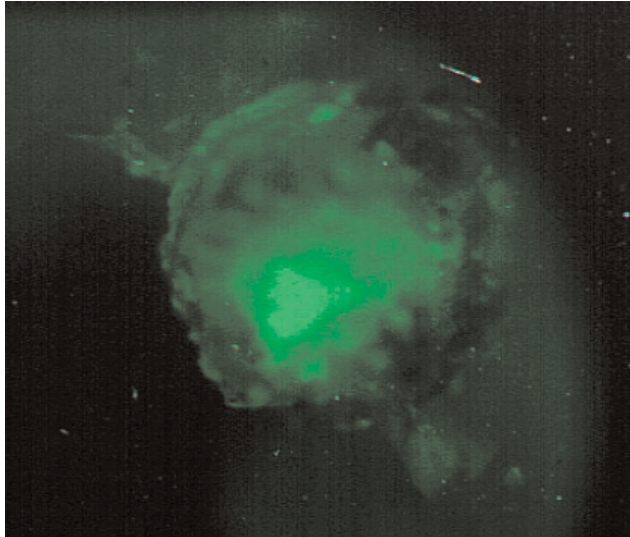


Abb. 1: Mit GFP transformiertes Kallusgewebe der Rebsorte 'Riesling'

Fig. 1: GFP transformed callus of cv. 'Riesling'

**Abstract:**

Transformation experiments with the grapevine cvs 'Riesling', 'Müller-Thurgau' and 'Dornfelder' with gene constructs harbouring gene combinations with GFP and kanamycin were continued to substitute the selection with antibiotics. Non transgenic tissue turned brown and died under selective conditions with kanamycin as selectable marker. Tissue with green fluorescence could be detected with a specific fluorescence microscope. In comparison to non transgenic tissue the transgenic calli developed much slower. To avoid proliferation of non-transgenic tissue the detection of GFP has to be carried out after transformation.

Investigations with anthers from transgenic and non-transgenic greenhouse grown grapevines were continued to determine induction of somatic embryogenesis. The experiments were focused on 10 out of 11 transgenic 'Riesling'-lines harbouring the genes for chitinase and glucanase. Differences of induction rate of somatic embryogenesis between the transgenic lines could be observed whereas the averages of induction rates of transgenic in comparison to non-transgenic anther tissue showed no differences.

(BAZ 5136)

**3.6 Bestimmung des vertikalen Gentransfers 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

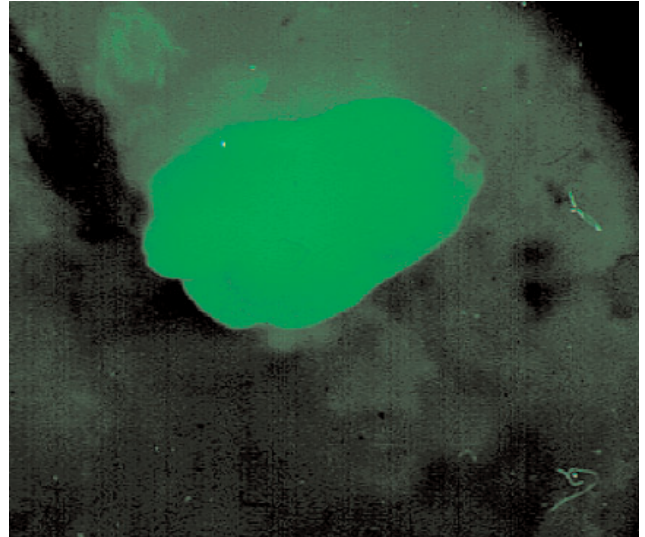


Abb. 2: Mit GFP transformierter Embryo der Rebsorte 'Dornfelder'

Fig. 2: GFP transformed embryo of cv. 'Dornfelder'

bisher nicht vor, da dies bei einer vegetativ vermehrten Pflanze von geringer Bedeutung war. Durch den Anbau gentechnisch veränderter Reben ergeben sich Fragen hinsichtlich möglicher Sicherheitsrisiken durch Auskreuzung. Ziel dieses Projektes ist es, das Ausmaß eines vertikalen Gentransfers zu bestimmen.

Biosafety of transgenic plants is still a matter of public debate. For grapevine, the question of outcrossing 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:**

Gentechnisch veränderte Pflanzen im Freiland konnten in diesem Jahr aufgrund der synchron blühenden Mantelpflanzung zum ersten Mal frei abblühen. Die Ausbreitung von Pollen transgener 'Dornfelder'-Pflanzen, die mit einem  $\beta$ -Glucuronidase-Gen transformiert sind, wurde durch radial angebrachte Pollenfallen mit den Distanzen 5 m, 10 m, 20 m und 50 m unter der Berücksichtigung der Hauptwindrichtung bestimmt. Als Pollenfallen wurden Objektträger mit Vaseline-beschichteter Folie verwendet. Es wurden an 49 Standorten Pollenfallen in 1,0 m und 1,8 m Höhe angebracht und täglich gewechselt. Anschließend wurden die auf der Folie gesammelten Pollen einem histochemischen GUS-assay unterzogen und mittels einer Safranin-Glyceringelatine angefärbt und eingebettet. Transgene 'Dornfelder'-Pollen können durch ihre blaue Färbung nach einem GUS-assay von anderen Rebpollen unter dem Lichtmikroskop unterschieden werden.

Um eine mögliche Auskreuzung zu bestimmen, wurden alle Rebstöcke im 5 m und 10 m Radius beerntet und die Samen ausgewaschen. Auch Samen, die aus einer Befruchtung mit transgenem 'Dornfelder'-Pollen hervorgegangen

sind, können mittels dem GUS-assay anhand ihrer Blaufärbung detektiert werden. Die Auswertung zur Ausbreitung des Pollen und der Auskreuzung sind noch nicht abgeschlossen.

Abstract:

In order to monitor the rate of outcrossing, pollen of transgenic grapevine plants cv. 'Dornfelder' transformed with a  $\beta$ -glucuronidase-gene were collected by pollen traps placed in radial distances of 5, 10, 20 and 50 m to the transgenic 'Dornfelder'-grapevines. 49 traps were located at 1,8 m and 1,0 m above ground. The collected pollen on folio were embedded in safranin-gelatine after GUS-assay. The transgenic pollen could 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 will be checked by GUS-monitoring.

(BAZ 5143)

### 3.7 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 von transgenen 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 mitübertragen, 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 zunächst daher, geeignete Kotransformationsvektoren sowie binäre Vektoren mit einer präziser terminierenden linken Border für die *Agrobacterium*-vermittelte Transformation zu entwickeln.

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 to-

gether 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 Kotransformation should be used. Therefore, the first aim is to develop vectors for Kotransformation and binary vectors with a more precise terminating left border for the *Agrobacterium* mediated transformation.

Ergebnisse:

Für die Herstellung von Kotransformationsvektoren vom Typ Super-Binary-Vektor, d. h. ein Vektor mit zwei T-DNAs, sollte der natürliche Abstand zwischen den T-DNAs wie er auf dem Ti-Plasmid des Octopin-Typs vorkommt, eingehalten werden. Daher wurde mittels PCR ein 2,1 kb langes Fragment, das neben dem 1,8 kb langen Spacer auch noch eine rechte und eine linke Bordersequenz enthält, aus dem *A. tumefaciens*-Wildtypstamm B6 amplifiziert und in den binären Grundvektor pLHAB kloniert. In diesen können nun verschiedene Selektionsmarker- und Nutzgene inseriert werden. Um die Übertragung von Sequenzabschnitten jenseits der linken Border zu reduzieren, sollen anstelle einer singulären linken Bordersequenz mehrere linke Bordersequenzen die T-DNA begrenzen. Hierfür wurde ein ca. 400 bp großes Fragment mit der linken Border in der Mitte über PCR von dem *Agrobacterium*-Wildstamm C58 (Nopalin-Typ) amplifiziert und in den binären Kanamycinvektor pLH9000 kloniert, so dass Vektoren mit zwei und vier hintereinander liegenden linken Borden entstanden. Für die Verkleinerung der nach wie vor recht großen Vektoren wurden zunächst durch Sequenzauswertung die für die Funktion nicht unmittelbar notwendigen Sequenzabschnitte bestimmt, darunter die *bom*-Region des *ColE1*-Ursprungs sowie das 3'-Ende des Ornithin-Cyclodesaminasegens außerhalb der rechten Bordersequenz. Diese Bereiche wurden anschließend mit Hilfe von PCR und Deletion von Restriktionsfragmenten entfernt. Die neuen Vektortypen werden in der Modellpflanze *Arabidopsis* getestet.

Projektförderung: Bundesministerium für Bildung und Forschung.

Abstract:

For the development of new co-transformation binary vectors with two T-DNAs on one vector the original distance between the two T-DNAs of the octopine-type Ti plasmid was maintained by cloning the 2,1 kb spacer from an *Agrobacterium* wildtype strain together with right and left border sequences into the binary vector pLHAB. To precise the T-DNA termination at the left border two vectors were constructed based on the binary vector pLH9000 harboring two and four left border sequences as tandem array, respectively. Since the binary vectors are still large in size unnecessary sequences of the vectors like the *bom* region and the 3' end of the ornithine cyclodeaminase gene were removed.

Funding: 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)

### **3.8 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 an vorhandenen transgenen Rapspflanzen und klassischen Mutanten mit Hilfe der DNA-Array-Technologie die genetischen Ursachen von Stoffwechsellengpässen des 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 cooperation, the genetic bottle-necks of the lipid metabolism should be analyzed using the DNA array technology and already existing transgenic and classical mutant rapeseed plants.

Ergebnisse:

Voraussetzung für die Aufgabenstellung ist zunächst ein DNA-Array, eine Membran mit möglichst vielen unterschiedlichen, idealerweise von ihrer Sequenz her bekannten DNAs in gerasteter Form. Hierzu wurde die 5'-Sequenzierung von cDNAs aus reifenden Rapsamen der Sorte 'Express' fortgeführt, um die EST-Kollektion zu erweitern.

Neben der bisher genutzten cDNA-Bank (Samen ca. sechs Wochen nach Anthesis), wurden cDNAs einer zweiten cDNA-Bank genutzt, die aus ca. drei Wochen altem Samenmaterial entstanden ist. Die Verwendung der zweiten, ein jüngeres Samenstadium repräsentierende, cDNA-Bank führte zu einer Vielzahl weiterer EST-Klone, darunter vielen aus dem Lipidbiosyntheseweg. Aus den bereits ausgewerteten Sequenzdaten resultierten etwa 2.200 verschiedene cDNA-Klone (unigene set). Erwartet werden dazu ca. 850 weitere unique Klone aus den laufenden, noch nicht ausgewerteten Datensätzen, so dass derzeit insgesamt etwas mehr als 3.000 verschiedene cDNA-Klone für einen Unigene-DNA-Array (Filter) bereitstehen. Die in einer MS-Access-Datenbank archivierten ESTs wurden zur Klassifizierung in funktionale Kategorien, entsprechend dem bei der *Arabidopsis*-Sequenzierung benutzten System von MIPS, eingeteilt.

Mit dem ersten Test-Filter, der aus etwa 2.000, teils noch redundanten, Klonen besteht (einschließlich Kontrollklonen), wurden erste Hybridisierungen durchgeführt, um die Expressions-Profiling-Technik zu etablieren. Als komplexe Sonden wurden <sup>33</sup>P-markierte cDNAs eingesetzt, die aus mRNA von unreifen Rapsamen durch RT-PCR synthetisiert wurden. Die Auswertung erfolgte mit der "AIDA-Array-Compare"-Software. Die Etablierung der DNA-Array-Technik ist mit den Arbeiten im Berichtsjahr als abgeschlossen zu betrachten.

Projektförderung: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe.

Abstract:

The generation of a unigene DNA array requires a collection of unique ESTs. Therefore, 5' sequencing was performed on cDNAs of two libraries from immature seeds (ca. three and six weeks after pollination). Bioinformatic analysis of three quarters of the sequences revealed about 3.000 unique EST clones. Among those sequences a lot of cDNAs represent genes encoding proteins involved in the lipid biosynthesis pathway. The clones have been classified in functional categories according to the system used for the *Arabidopsis* sequencing project by MIPS and are now available for a unigene DNA array.

To establish the expression profiling technique a test filter consisting of ca. 2.000 partly redundant clones has been used for first hybridizations. <sup>33</sup>P labelled cDNAs synthesized from mRNA of immature seeds by RT-PCR were used as complex probes and the exposed filters were analyzed with the 'AIDA-Array-Compare' software.

Funding: 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)

### 3.9 Isolierung und Charakterisierung von Genen der Wachsesterbiosynthese

#### Isolation and characterization of genes of the biosynthesis of wax esters

Diefenbach, J.; Hausmann, L.; 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:

Die Biosynthese der Oberflächenwachse erfolgt ausgehend von Fettsäuren in drei Reaktionsschritten. Die an CoA gebundene Fettsäure wird zunächst in einen Fettaldehyd und danach zum Fettalkohol reduziert, bevor dieser mit einer weiteren Fettsäure durch die Wachssynthase (WS) zum Wachsester verestert wird. Die Reduktion der Fettsäure zum Fettalkohol wird dagegen in Jojoba (Sc) von einem einzigen Enzym, der Acyl-CoA-Reduktase (ACR), in einem Schritt durchgeführt. Für die Etablierung von wachsesterproduzierenden Pflanzen wurden zunächst die bekannten Gene aus Jojoba 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 (K. Sonntag, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz) und *Arabidopsis* transformiert. Bei den reinen ScWS-Rapslinien konnte nach Halbkornanalyse keine Veränderung der Ölzusammensetzung festgestellt werden. Die ScACR- und ScACR-ScWS-Raps- und *Arabidopsis*-Pflanzen befinden sich derzeit im Blüh- bzw. Abreifstadium.

Parallel wurden aus *Vitis vinifera* cv. 'Regent' drei homologe WS-Gene (VvWS-1, VvWS-2, VvWS-3) kloniert, die eine hohe Ähnlichkeit zum ScWS-Gen aufweisen. VvWS-1- und VvWS-2-Transkripte, deren Sequenzen wesentlich ähnlicher zueinander als zu VvWS-3 sind, konnten über

RT-PCR in Beerenhaut nachgewiesen werden. Durch „Genome-Walking“ konnte ermittelt werden, dass die VvWS-2- und VvWS-3-Gene im Abstand von ca. 1,9 kBp in Tandem-Anordnung auf demselben Chromosomenabschnitt liegen. Ein ca. 10 kBp ACR-homologes genomisches Teilfragment wurde über PCR unter Verwendung degenerativer Oligonukleotide und mehrerer sich anschließender „Genome-Walking“-PCRs aus der Rebe amplifiziert. Mittels RT-PCR gefolgt von 5'- und 3'-RACE-PCR konnte außerdem eine ca. 1,5 kBp lange cDNA aus Blütenständen-mRNA der Rebe isoliert werden. Obwohl beide Klone noch unvollständig sind, weisen ihre Sequenzen deutliche Unterschiede auf. Folglich werden bei der Rebe nicht nur die WS-, sondern auch die ACR-Homologen durch eine Genfamilie codiert.

Projektförderung: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe

##### Abstract:

The biosynthesis of surface wax esters is catalyzed in three steps starting from fatty acid via fatty aldehyde to fatty alcohol. The latter is then esterified with an additional fatty acid by a wax synthase (WS) to result in wax ester. In jojoba the two reductions are performed by a single enzyme called acyl-CoA reductase (ACR). To generate a first transgenic line producing wax esters the two genes from jojoba were cloned under a seed-specific promoter and subsequently transformed into rapeseed and *Arabidopsis*. The transgenic plants are now flowering. In parallel, three complete WS genes, a truncated ACR homologous gene and a partial ACR homologous cDNA have been isolated from grapevine cv. 'Regent'. Both, the WS and ACR sequences differ significantly. Therefore, the isolated genes are different members of a gene family. Using a genome walking protocol a tandem array structure could be shown for two WS genes.

Funding: 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 Bee-

renreife 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 2002 wurde der Blühzeitpunkt (Vollblüte) bei 11 untersuchten Sorten zwischen dem 14. und 18. Juni festgestellt, er lag damit um einige Tage früher als im Vorjahr. Der Zeitraum Blüte - Reifebeginn (25° Oechsle) lag bei den meisten pilzresistenten Neuzuchten zwischen 43 und 53 d ('Riesling': 64 d, Vorjahr: 61 d). Die Dauer der Zuckereinlagerung (25-65 °Oechsle) wurde von allen untersuchten Sorten in einem Zeitraum von 25 d ('Gf. 84-58-988') bis 35 d durchlaufen ('Gf. 84-27-285' und 'Müller-Thurgau') während 'Riesling' nur 23 d benötigte.

Die Dauer der Säureabnahme (Säuremaximum minus 20 ‰) differierte im Berichtsjahr wiederum sehr stark zwischen 14 d ('Gf. 86-7-188') und 45 d ('Gf. 84-27-285'); 'Riesling' benötigte sogar 54 d, im Vorjahr nur 35 d.

Die laufenden Untersuchungen zur Stiellähmeempfindlichkeit an 25 Neuzüchtungen und Kontrollsorten waren am Jahresende 2002 noch nicht abgeschlossen.

Abstract:

In 2002 the date of full bloom of 11 newbreeds and reference varieties was between June, 14 and 18, i.e. a few days earlier than last year. The duration bloom - onset of ripening (25 °Oechsle) was between 43 and 53 d ('Riesling': 64 d, in 2001: 61 d). The duration of sugar accumulation (25-65 °Oechsle) occurred between 25 d ('Gf. 84-58-988') and 35 d ('Gf. 84-27-285' and 'Müller-Thurgau'), ('Riesling': 23 d). The duration of acidity to decline by 20 ‰ starting from the maximum differed again significantly and was between 14 d ('Gf. 86-7-188') and 45 d ('Gf. 84-27-285'); 'Riesling': 54 d, in 2001 only 35 d.

Work is in hand to estimate the susceptibility to bunch stem necrosis („Stiellähme“) of 25 newbreeds and reference varieties.

(BAZ-5109)

#### **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.

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).

Ergebnisse:

Die Untersuchungen zur Ermittlung des Aromaprofils in der Kreuzungsnachkommenschaft von 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' wurden fortgesetzt. Die gaschromatographischen Untersuchungen ermöglichten eine Trennung von insgesamt etwa 200 Komponenten in der gesamten Nachkommenschaft einschließlich der Elternsorten. Etwa 50 Komponenten sind hinsichtlich der Segregation in der Nachkommenschaft von besonderem Interesse. Einer eingehenderen Auswertung wurden bisher die besonders geschmacks- und geruchsprägenden Aromakomponenten aus der Gruppe der Monoterpene unterzogen. Neun Monoterpene-Komponenten waren in der bukettierten Muttersorte 'Gf.Ga-47-42' nachweisbar (Abb. 1), nicht jedoch in der Vatersorte 'Villard blanc'. In der Nachkommenschaft konnten die einzelnen Komponenten in einem Bereich zwischen 14 % und 74 % der Genotypen nachgewiesen werden (Abb. 2), was auf eine unterschiedliche Vererbung der untersuchten Monoterpene schließen lässt. In der parallel entwickelten genetischen Karte dieser Population (s. BAZ 5115) ergaben sich für die Monoterpene Hotrienol, Terpendiol II und Trans-p-Linalooloxid über alle Untersuchungsjahre gesicherte QTLs.

Die Identifizierung der in den meisten Fällen noch unbekannt Komponenten mittels GCMS ist in Zusammenarbeit mit dem BAZ-Institut für Pflanzenanalytik in Quedlinburg eingeleitet.

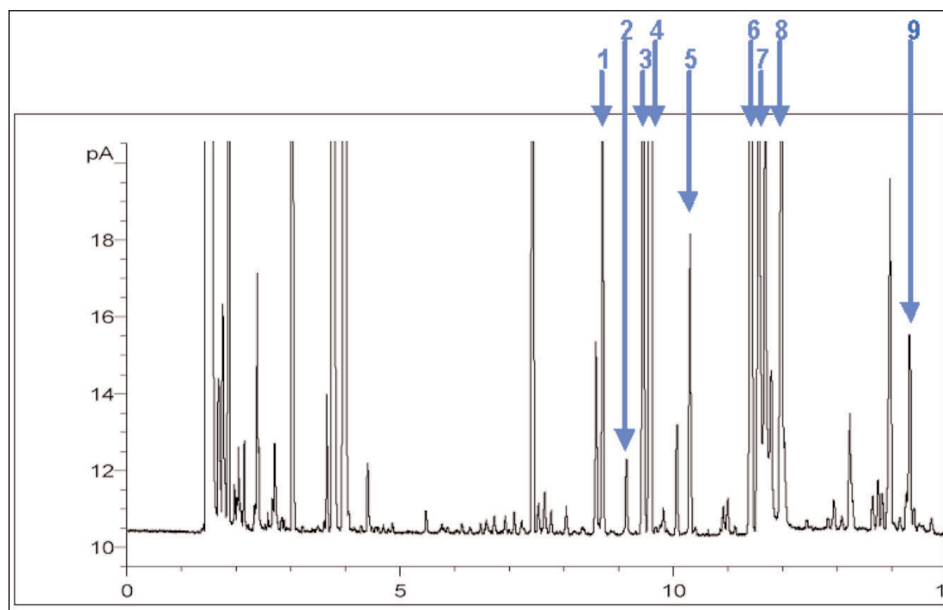


Abb. 1: Identifizierbare Monoterpene in der Rebsorte 'Gf.Ga-47-42': 1 = Trans-f-Linalooloxid, 2 = Cis-f-Linalooloxid, 3 = Linalool, 4 = Hotrienol, 5 = Cis-Rosenoxid, 6 = Trans-p-Linalooloxid, 7 = Cis-p-Linalooloxid, 8 = Terpendiol, 1 + alpha-Terpineol, 9 = Terpendiol II

Fig. 1: Identified monoterpenes in the variety 'Gf.Ga-47-42': 1 = Trans-f-Linalooloxide, 2 = Cis-f-Linalooloxide, 3 = Linalool, 4 = Hotrienol, 5 = Cis-Rosenoxide, 6 = Trans-p-Linalooloxide, 7 = Cis-p-Linalooloxide, 8 = Terpendiol, 1 + alpha-Terpineol, 9 = Terpendiol II

monoterpenes are of special interest. Nine compounds of this group were identified in the muscat flavoured female parent 'Gf.Ga-47-42' (Fig. 1) and none of them in the male parent 'Villard blanc'. The percentage of these compounds ranged in the offspring between 14 % and 74 % (Fig. 2), indicating a different inheritance of the individual compounds. Within the established genetic map (cf. BAZ 5115) QTLs could be identified for the monoterpenes Hotrienol, Terpendiol II and Trans-p-Linalooloxide.

In Zusammenarbeit mit:  
BAZ-Institut für Pflanzenanalytik in Quedlinburg.

BAZ-5123

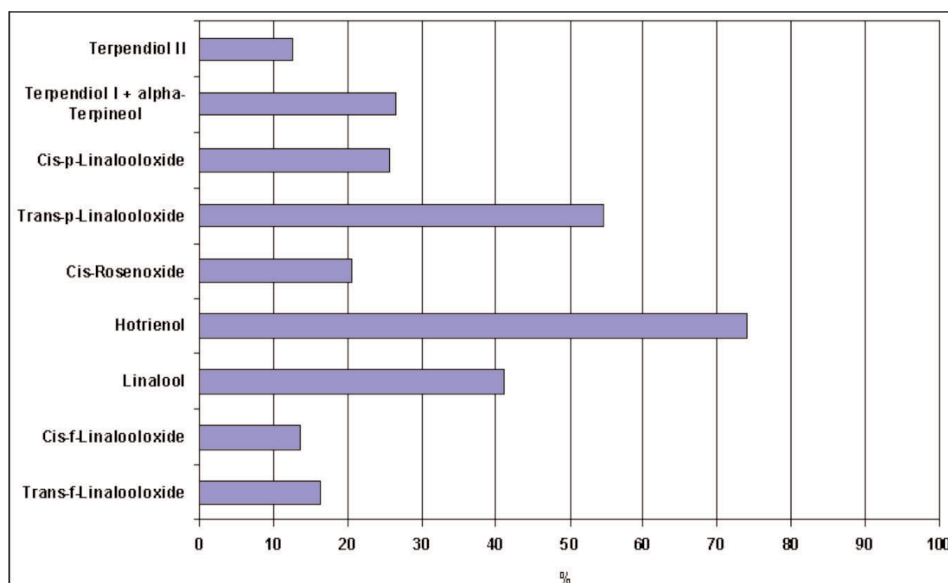


Abb. 2: Anteil der Individuen in der Nachkommenschaft mit verschiedenen Monoterpenen

Fig. 2: Percentage of individuals in the offspring with different monoterpenes

#### Abstract:

By gaschromatographical analysis in a progeny of the cross 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' about 200 aroma compounds could be separated. About 50 compounds are of special interest concerning the segregation in the progeny. Because of their pronounced influence on wine flavour the compounds belonging to the group of the



## 5. Züchtung Breeding

### 5.1 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**  
Eibach, R.

Zielsetzung/Aim:

Die Entwicklung neuer Rebsorten mit vollständiger oder weitgehender Resistenz, vor allem gegenüber den weinbaulich wichtigsten Mehltaukrankheiten und dem Grauschimmel, führt zu einer wesentlichen Verminderung des Pflanzenschutzmittelaufwandes und eröffnet die Möglichkeit eines umweltschonenden Weinbaues. 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, the 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 the practical viticulture for their suitability.

Ergebnisse:

Im Berichtsjahr wurden insgesamt 91 Kreuzungskombinationen durchgeführt, wovon 85 zu einem Samenansatz und einer Ernte von ca. 107.000 Samen führten. Erfreulicherweise wurde damit das Kreuzungsergebnis der vergangenen Jahre deutlich übertroffen und somit eine gute Basis für die weiteren Zucharbeiten geschaffen.

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, 5106).

Die im Berichtsjahr angezogenen Sämlinge wurden unter entsprechenden Infektionsbedingungen auf ihre Mehltau-Resistenzigenschaften selektiert. Etwa 1.950 Sämlinge zeigten keinen bzw. geringen Befall und werden im Folgejahr zur weiteren Prüfung im Freiland aufgefplant.

Aus den Kreuzungen der Vorjahre wurden nach entsprechender Vorselektion auf *Oidium*- bzw. *Plasmopara*-Resistenz ca. 500 Sämlinge auf dem Geilweilerhof ausgepplant. Aus den vorhandenen Sämlingsquartieren, in denen im Berichtsjahr keine Pflanzenschutzmaßnahmen durchgeführt wurden, erfolgte eine Auslese von 59 Rebstöcken mit guter Mehltauresistenz und positiven wein-

baulichen Eigenschaften für Prüfungen in der nächsten Zuchtstufe. Unter Berücksichtigung der Resistenzeigenschaften, der Leistungsdaten und weiterer wertbestimmender Eigenschaften wurden 11 neue Zuchtstämme in die Vorprüfung übernommen. Gleiches gilt für vier Zuchtstämme aus der Vorprüfung, die nach entsprechender Vermehrung in die Zwischenprüfung überführt wurden. Für drei beim Bundessortenamt angemeldete Zuchtstämme (1 x rot, 2 x weiß) wurde die eingeleitete Anbaueignungsprüfung in Zusammenarbeit mit der weinbaulichen Praxis fortgeführt. Erste Ergebnisse zur Prüfung der Frostresistenz an besonders aussichtsreichem Zuchtmaterial wurden im Rahmen der bilateralen Kooperation mit der Bayerischen Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau (LWG) an einem Standort der LWG gewonnen. Die extremen Frosttemperaturen an diesem Standort im Winter 2001/2002 führten jedoch bei allen Zuchtstämmen zu starken Schäden und erlaubten nur graduelle Differenzierungen.

Für die Entwicklung molekularer Marker wurden bereits vorhandene Kreuzungskombinationen wiederholt, um Testpopulationen mit breiter genetischer Aufspaltung in ausreichender Größe für entsprechende Untersuchungen zur Verfügung zu haben.

In einem gemeinsamen Projekt mit der LWG sollen molekulare Marker zur Diagnose der Pilzkrankheit Roter Brenner (*Pseudopeziza tracheiphila*) entwickelt werden. Der Aufbau einer entsprechenden Sämlingspopulation aus der Kreuzung 'CsFT 194' (resistent) x 'Seibel 5450' (anfällig), die eine genetische Aufspaltung der Resistenz gegenüber Roter Brenner erwarten lässt, wurde auf einer Versuchsfläche der LWG mit natürlichen Befallsbedingungen im Berichtsjahr fortgesetzt. Erste Evaluierungen können jedoch frühestens in der Vegetationsperiode 2004 erfolgen.

Die Überprüfung der Reblausresistenz in der für dieses Merkmal spaltenden Sämlingspopulation aus der Kreuzung 'GF.V3125' (anfällig) x 'Börner' (resistent) wurde mittels der in den Vorjahren in Zusammenarbeit mit der LWG und der Universität Hohenheim entwickelten Gewächshausmethode fortgesetzt. Die bisher über drei Jahre durchgeführten Tests erwiesen sich als relativ einfache, effektive und gut reproduzierbare Methode zur Erfassung des Reblausverhaltens an der Wurzel (Abb. 1). Parallel zu diesem Resistenzscreening wurde die Erstellung einer genetischen Karte für diese Kreuzungspopulation eingeleitet. Zielsetzung ist dabei die Entwicklung geeigneter Resistenzmarker.

Die Vorbereitungen für den unter der Obhut des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus (FDW) organisierten IV. Ringversuch mit pilzwiderstandsfähigen Neuzuchten wurden weitgehend abgeschlossen, so dass die Versuchspflanzung planmäßig im Jahr 2003 bei den beteiligten staatlichen Weinbaueinrichtungen erfolgen kann.

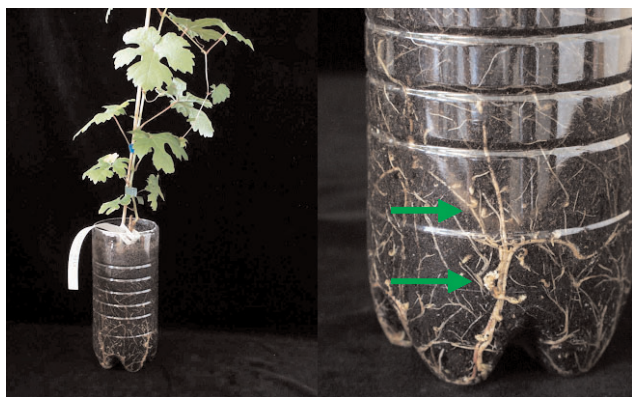


Abb. 1: Gewächshausmethode zur Prüfung der Reblausresistenz an der Wurzel; links: Anzucht der Rebe in Kunststoff-Containern; rechts: Nodositäten (Reblausgallen) an der Wurzel ca. 4 Wochen nach Beimpfung.

Fig. 1: Greenhouse evaluation method for phylloxera resistance on roots; left: growing of the grape to be tested in plastic tubes; right: phylloxera galls on roots about 4 weeks after inoculation

#### 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 reliability and to contribute to environmentally friendly viticulture.

About 107,000 seeds could be harvested from the crossing combinations carried out. 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 of genetic material for breeding purposes. The existing seedlings were screened for their mildew resistance and about 1,950 proved to have sufficient resistance. Based on the mildew screening results of the previous year about 500 seedlings were planted in outdoor field trials. From the seedling blocks which were kept unsprayed, 59 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 during several years, 11 breeding lines were propagated and subsequently planted for further tests. A segregating progeny for phylloxera resistance on roots was evaluated by appropriate greenhouse tests. In parallel, for this population the establishing of a genetic map was started in order to identify molecular markers for phylloxera resistance.

For three breeding strains (one red strain, two white strains) for which varietal protection was applied first suitability trials were established in co-operation with private viticulturists.

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:

Ausgewählte Einzelstöcke von Klonen pilzresistenter Neuzüchtungen werden phytosanitären Tests gegenüber Virus- und Bakterienkrankheiten unterworfen. Pflanzen, die sich als frei von Pathogenen erweisen, werden *in vitro* überführt. Damit ist eine Reinfektion ausgeschlossen und im Bedarfsfall eine rasche Vermehrung gesunden Pflanzguts möglich. Schwerpunktmäßig werden derzeit pathogenfreie Pflanzen der Neuzüchtung 'Regent' sowie weitere neue aussichtsreich erscheinende Zuchtsorten *in vitro* überführt und vermehrt. Das Material dient dem Aufbau von Vermehrungsanlagen.

Selected individual clones of fungus-resistant new varieties are subjected to phytosanitary tests for virus and bacterial diseases. Plants which prove to be pathogen-free, are transferred *in vitro*. This excludes a reinfection and enables a rapid propagation of healthy plant material. *In vitro* propagation is focused on multiplication of pathogen-free plants of the new bred variety 'Regent' as well as other promising new breeding strains. The material will be used for establishing propagation plots.

#### 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 erhöhte sich im Berichtsjahr um nahezu 50 % und liegt derzeit bei ca. 900 ha. Mit ca. 3 Mio. eingeschulten Pfropfreben geht etwa 20 % der gesamten deutschen Pfropfrebenproduktion auf 'Regent' zurück. Trotz dieses enormen Produktionsumfangs kann die Nachfrage der Winzer nicht vollständig befriedigt werden.

Züchterisch selektioniert und von den entsprechenden Anerkennungsstellen der Länder anerkannt wurden 'Regent'-Vermehrungsflächen von insgesamt ca. 20 ha. Der Aufbau von virusgetesteten Vermehrungsanlagen wurde mit großem Nachdruck weiter verfolgt und im Berichtsjahr wurden ca. ein ha Basisvermehrungsanlagen, die auf virusgetestete Mutterstöcke zurückgehen, neu gepflanzt. In Zusammenarbeit mit privaten Rebveredlern wurde erneut virusgetestetes Basispflanzgut für die Erstellung einer weiteren 1 ha-Vermehrungsfläche erzeugt.

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 über Grünstecklinge *in vitro* überführt. Damit soll einerseits das Material unter pathogenfreien Bedingungen erhalten und zum anderen eine im Bedarfsfall rasche *in vitro*-Vermehrung für den Aufbau von Vermehrungsanlagen ermöglicht werden.

Abstract:

Currently 'Regent', which is derived from the resistance breeding program at Geilweilerhof, is one of the most frequently planted cultivars in Germany. In 2002 the acreage of Regent-plantings increased by about 50 % and reached around 900 ha. In spite of the high production of 'Regent' graftings (about 3 Mio.) the demand of the vinegrowers cannot be satisfied completely. Emphasis on establishing new propagation plots with virus tested plants was continued and new plantings of about one ha could be managed. Other new fungus resistant varieties of our maintenance breeding program are subjected to tests concerning health and performance. Phytosanitary tested single plants of interesting 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.; Dettweiler, 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 IPGRI-Passport-Daten von 19.100 Rebarten und -sorten 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 Genetische Ressourcen (ZADI/IGR) als „*Vitis* International Variety Catalogue“ über das Internet zugänglich gemacht (<http://www.genres.de/idb/vitis>). Wertvolle Sorten bzw. Zuchtstämme werden ergänzend als *in-vitro*-Kultur erhalten. Der weitere Ausbau des Rebsortiments berücksichtigt vor allem Genotypen mit züchterisch wertvollen Eigenschaften. Drei 80 bis 200-jährige Weinberge im Heidelberger Raum mit über 50 verschiedenen alten Rebsorten wurden weiter untersucht. Die im Berichtsjahr neu gefundene vierte Anlage bot einen sensationellen Fund, nämlich den 'Weißen Heunisch', eine aus dem Anbau verschwundene Sorte und Elternteil der berühmten Weißweinsorte 'Chardonnay'. Mit methodischen Vorarbeiten zum Einsatz der AFLP-Analyse zum genetischen Vergleich der 'Riesling'-Klone der alten Heidelberger Weinberge und den z. Z. angebauten 'Riesling'-Klonen wurde begonnen.

Compilation of viticultural institutes (worldwide) with grapevine collections is in progress. Furthermore, addresses, geographic sites, climatic data and composition of the grapevine collections are specified. The database for grapevines at our Institute is provided with the IPGRI-passport data of 19.100 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 Genetic Resources (ZADI / IGR) and is available on Internet (<http://www.genres.de/idb/vitis>). In parallel, important cultivars or strains are maintained *in vitro*. A further extension considers all genotypes showing important breeding characteristics. Three 80 to 200 years old vineyards, comprising more than 50 different grapevine varieties, found in the Heidelberg area have been investigated. The 'White Heunisch', a very rare old variety and one parent of 'Chardonnay' was found this year. Genetic variability of old 'Riesling'-clones found in the old vineyards will be compared with the currently cultivated 'Riesling'-clones using AFLP-analysis. Installation of the technique is underway.

Ergebnisse:

Die Datenbank der Rebe umfasst derzeit 19.100 verschiedene Rebarten und -sorten, die mit den IPGRI-Passport-Daten versehen sind. Neben den üblichen Aktualisierungen wurde mit der Eingabe detaillierter Abstammungen fortgefahren, um zukünftig Stammbäume 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 20 Akzessionen), ihre Qualität beurteilt und alte Literaturquellen aufgearbeitet.

Bei zwei 100- bis 200-jährigen Weinbergen in Handschuhsheim und einem weiteren 80-jährigen Weinberg zwischen Rohrbach und Leimen wurde mit der Beschreibung der darin stehenden Rebsorten und ihrer Identifizierung fortgefahren bzw. begonnen. In dem im Berichtsjahr gefundenen Weinberg war die Rebsorte 'Weißer Heunisch' Bestandteil des gemischten Rebsatzes, bestätigt durch genetischen Fingerabdruck. Der 'Weiße Heunisch' galt bisher als aus dem Anbau verschwunden. Er war im Mittelalter weit verbreitet und ist ein Elternteil von über 80 Rebsorten, darunter auch die bekannte Sorte 'Chardonnay'. Insgesamt beherbergen die bisher entdeckten vier kleinen Weinberge mehr als 50 verschiedene Rebsorten, darunter seltene alte Rebsorten wie 'Weißer Heunisch', 'Gelber Or-

leaus' und 'Blauer Elbling', klassische Rebsorten wie 'Grüner Silvaner', 'Riesling', 'Gutedel' und 'Spätburgunder' und südosteuropäische Rebsorten wie 'Honigler', 'Putzscheere', 'Welschriesling' und 'Primitivo'. Außer der Identitätsfeststellung mittels ampelographischer Merkmale wird der genetische Fingerabdruck (6 Mikrosatellitenprimer) eingesetzt. Diese markergestützte Bestätigung ist bei schwachwüchsigen, pilz- und virusbefallenen Pflanzen notwendig, weil sortentypische Merkmale verändert sind. Die Untersuchungen zur vollständigen Aufklärung der Sortenidentitäten sind noch im Gange.

Diese Maßnahmen verfolgen das Ziel, die genetische Basis der alten, ausschließlich in Rebsortimenten vorkommenden Sorten zu erweitern und robuste Genotypen mit hohen Qualitätseigenschaften aufzufinden.

Die genetische Verschiedenheit von Rebsortenklonen kann mit Hilfe der AFLP-Analyse aufgezeigt werden. Die in den Heidelberger Weinbergen gefundenen 100- bis 200-jährigen Rieslingstöcke sollen mit den zur Zeit im Anbau befindlichen Riesling-Klonen verglichen werden. Methodische Vorarbeiten zum Einsatz der AFLP-Analyse laufen.

Zur Ergänzung und Erweiterung der Sammlung genetischer Ressourcen wurden im Jahr 2000 verschiedene Genotypen von Sorten und Wildarten aus Nordamerika eingeführt. Entsprechend den gesetzlichen Bestimmungen wurden die Reben in einer Quarantänestation angezogen und die vorgeschriebenen Tests auf Pathogene gemäß den Quarantänebestimmungen durchgeführt bzw. eingeleitet.

Das Rebsortiment umfasst 3010 Genotypen (davon ca. 1.000 *V. vinifera*-Sorten, ca. 1.700 Sorten aus sogenannten interspezifischen Kreuzungen und verschiedene *Vitis*-Arten).

Im *in vitro*-Sortiment des IRZ werden derzeit unter normalen Wachstumsbedingungen (+ 25 °C, 14 h Licht bei 50 µmol quanta.m<sup>-2</sup>.s<sup>-1</sup>) durchschnittlich 40 Pflanzen von 4 Wildarten, 2 Unterlagssorten, 13 pilzwiderstandsfähigen Keltertraubensorten und 15 *Vitis vinifera*-Sorten erhalten.

Abstract:

In the grapevine database 19.100 cultivars and *Vitis* species are registered and provided with the IPGRI-passport data. Besides updating, mainly fungus resistant varieties were added. Passport data and cultivar-specific information (morphological and fungus resistance data) are available via Internet (<http://www.genres.de/idb/vitis>). 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. Over 50 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 underway.

(BAZ-5106)

## 6.2 Identifizierung von Rebsorten mit morphologischen Merkmalen und molekularen Markern Identification of grapevine cultivars with morphological descriptors and molecular markers Dettweiler, E.; Jung, A.; Zyprian, E.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Für die Differenzierung von Rebsorten werden neben morphologischen Merkmalen 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.

For the differentiation of cultivars morphological features and molecular markers were used. In addition, the molecular markers can contribute to the clarification of the parentages and degrees of relationships. It is aimed to elaborate an identification key, based upon morphological characteristics which can be completed by molecular markers.

Ergebnisse:

Zur Unterscheidung und Identifizierung von Rebsorten mit Hilfe morphologischer Merkmale (Trieb, Blätter, Beeren) wurde mit der Datensammlung und -bearbeitung fortgefahren. Das vom Institut eingerichtete Herbarium umfasst inzwischen 5.950 Exemplare (Blätter, Samen, Triebspitzen) von 1.725 verschiedenen Rebsorten als Referenzmaterial.

Im Rahmen des EU-Projekts GENRES CT96 No81 wurden 44 Sorten (22 einheimische alte Rebsorten, 3 Tafeltraubensorten, 14 pilzfeste und 8 Referenzrebsorten) bewertet mit 46 Boniturmerkmalen und 21 ampelometrischen Merkmalen. In enger Zusammenarbeit mit ZADI/IBV erfolgte die ständige Aktualisierung und Neugestaltung der EU-*Vitis*-Datenbank. Die Passportdaten der 19 Projektteilnehmer, 71 Deskriptoren, Primär- bzw. Sekundärdeskriptordaten von 834 bzw. 505 überwiegend alten Rebsorten und 2.136 Fotos als Bilddokumentation sind frei recherchierbar.

Die Entwicklung eines Identifikationsverfahrens basierend auf morphologischen Merkmalen und Allellängen (von sog. SSR (simple sequence repeat)-Markern, welche durch Amplifikation hochpolymorpher repetitiver Mikrosatelliten-DNA erzeugt werden, ist geplant. Die Zuverlässigkeit dieses Identifikationsverfahrens ist dann gewährleistet,

wenn die Untersuchungsergebnisse reproduzierbar sind. Die Arbeiten, die bezüglich der Mikrosatelliten-Marker im Rahmen des EU-Projekts GENRES CT96 No 81 durchgeführt wurden, haben gezeigt, dass Maßnahmen zur Harmonisierung der Ergebnisse notwendig sind. Eine Strategie wurde entwickelt, die den Einsatz von ausgesuchten Rebsortenmarkern als Standards vorsieht. Die Allellängen anderer Sorten wurden entsprechend den Standard-Rebsortenmarkern kodiert. Partner aus 8 Ländern beteiligten sich an diesem Versuch. Erste Ergebnisse mit 16 Sorten und 6 Mikrosatellitenprimern hatten bestätigt, dass übereinstimmende Ergebnisse möglich sind, unabhängig von Labor, Ausstattung und Verfahrensweise. Die Allellängen von zusätzlich analysierten 19 Unterlagen (= interspezifische Kreuzungen) und 16 *Vitis vinifera*-Sorten aus 8 Labors wurden von den Partnern im Berichtsjahr verglichen. Die Kodierung der Allellängen ergab weitgehende Übereinstimmung bei allen Partnern. Bei der Sortenauswahl wurden verschiedene geographische und phylogenetische Herkünfte berücksichtigt. Als Ergebnis konnten annähernd vollständige Allelleitern aufgestellt und 13 bis 23 Allele je Marker gefunden werden. Die Deskriptoren für die 6 verwendeten SSR-Marker wurden endgültig definiert. Die konsequente Berücksichtigung der Deskriptoren in wissenschaftlichen Veröffentlichungen wird zukünftig zu international vergleichbaren Daten führen, die dem Aufbau einer Mikrosatelliten-Datenbank mit Identifikationsoption dienen.

Abstract:

In addition to the differentiation of grapevine varieties with morphological descriptors the techniques for cultivar identification by microsatellite markers have been improved.

In the scope of the EU-project GENRES CT 96 No 81 (<http://www.genres.de/eccdb/vitis/>) 6 SSR-markers were applied on 49 varieties (51 accessions). By using varieties as length markers, allele length of varieties can be compared independent of laboratories, equipment and protocol. 13 to 23 alleles per marker have been found. The allelic ladder of each loci seems to be nearly complete. 31 reference varieties are necessary to represent the 101 alleles which have been found. Descriptors for the 6 SSR-Markers have been developed.

The grapevine herbarium comprises 5.950 specimens from 1.725 different cultivars.

In Zusammenarbeit im Rahmen des EU-Projektes GENRES CT96 No81 mit: Abracheva, P., Institute of Viticulture and Enology, Pleven, Bulgarien; Boursiquot, J.-M., 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; Pitsoli, D., NAGREF Vine Institute, Lykovrissi, Griechenland; Costacurta, A., Istituto Sperimentale per la Viticoltura, Sez. Ampelografia e Miglioramento Genetico, Susega-

na, Italien; Grando, S., Istituto Agrario di San Michele all'Adige, Italien; Peterlunger, E., Università degli Studi di Udine, Dipartimento di Produzione Vegetale e Tecnologia Agrarie, Udine, Italien; Schneider, A., Centro Miglioramento Genetico e Biologica delle Vite, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Grugliasco, Italien; Pejic, I., 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; Korosec-Koruza, Z., Biotehniska fakulteta, Ljubljana, Slovenien; Garcia de Lujan, A., Junta de Andalucía, Consejería de Agricultura y Pesca, C.I.F.A. Rancho de la Merced, Jerez de la Frontera, Spanien; Ortiz, J., Departamento de Biología Vegetal, Universidad Politécnica de Madrid, E.T.S. Ingenieros Agrónomos, Spanien; Reschova, P., Research Station for Viticulture, Karlstein, Tschechische Republik; Kozma, P., FM Zsölézetí és Borászati Kutaó, Intézet allomása, 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.; Dettweiler, 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 Freilandhebungen 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 extensive grapevine field collection is evaluated as to the important characteristics for breeding purposes. At present, priority is given above all to the viticulturally important fungus diseases. To ascertain the degree of infection of mildew diseases field evaluation, combined with *in vitro* tests, are used. 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:

Auf Grund von Umstrukturierungen und Umpflanzungen des Rebsortimentes waren Pflanzenschutzmaßnahmen zur

Erzeugung von gesundem vegetativem Vermehrungsgut erforderlich, so dass eine Erhebung des natürlich auftretenden Befalls der Mehltaukrankheiten im Berichtsjahr nicht durchgeführt werden konnte. Schwerpunkt der Bonituren lag daher bei weinbaulich wichtigen Eigenschaften (Traubenmerkmale, phänologische Merkmale).

Diese Daten sind im Zusammenhang mit weiteren Erhebungen zu Leistungs- und Qualitätseigenschaften eine wesentliche Entscheidungsgrundlage für die züchterische Nutzung des Materials. Basierend auf diesen Erhebungen wurden auch im Berichtsjahr neue Genotypen aus der Rebsortensammlung in das Züchtungsprogramm aufgenommen und die genetische Basis damit verbreitert.

Abstract:

The 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. Evaluation data for downy mildew are recorded since 1989. Because of reconstruction work in the collection, plant protection measurements have been necessary this year in order to harvest healthy vegetative propagation material. This means that evaluation for fungus diseases couldn't be carried out. Therefore evaluation work was mainly focused on viticulturally important traits like bunch and berry characteristics or phenological traits. Based on all the evaluation data collected over the years and combined with additional evaluated performance and quality characteristics new genotypes were incorporated again into the breeding program in this year which is of importance for broadening of the genetic basis within the breeding program. Data on grapevine cultivars' fungus resistance, found by literature review, are available via Internet (<http://www.genres.de/idb/vitis>).

(BAZ-5105)

## 7. Dokumentation der Weinbauforschung Documentation of viticulture

Klenert, M.; Köglmeier, W.

Etwa 300 fachwissenschaftliche 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 Literatur-Datenbank VITIS-VEA (VITIS - Viticulture and Enology Abstracts) abgespeichert; parallel hierzu wurden rd. 650 dieser DEs im seit 2000 halbjährlich erscheinenden Beiheft zur Zeitschrift „VITIS - Berichte über Rebenforschung mit Dokumentation der Weinbauforschung“ publiziert. Dieser Dienst wird im Dezember letztmals gedruckt und somit nach 42 Jahren des Erscheinens eingestellt, denn durch den freien Zugang zur Datenbank über

das Internet können die Nutzer flexibel die für sie relevanten Informationen selbst herausholen.

Daneben wurde die praxisorientierte Weinbau-Literatur aus den rd. 20 deutschsprachigen Fachzeitschriften dokumentiert. Etwa 400 Artikel wurden in gleicher Form wie die wissenschaftlichen in die Datenbank VITIS-VEA abgespeichert - allerdings mit deutschsprachigem Referat versehen - und im vierteljährlich erscheinenden „Informationsdienst praxisbezogener Literatur im Weinbau“ publiziert.

Bei der Anfertigung der Referate unterstützten uns etwa 120 in- und ausländische Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen. Bei Publikationen aus dem osteuropäischen Raum wurden wir bei der Durchsicht von einheimischen Wissenschaftlern unterstützt. Wo möglich werden die Zusammenfassungen der Artikel übernommen. Die Verlage fordern Hinweise auf ihr Urheberrecht und eigene Homepages. Die Datenbank wurde entsprechend angepasst. Es wurde die Möglichkeit geschaffen, auf Dokumente im Internet per Hyperlink zu verweisen. Ferner können eigene Volltexte in die Datenbank eingebunden werden. Dies wird für ältere Ausgaben der Zeitschrift VITIS sukzessive vorgenommen. Durch regelmäßige Sichtung von Sekundärliteratur (gedruckte Dienste, Disketten, Internet) und gezielte Recherchen in einschlägigen Datenbanken konnte die Literaturerfassung vervollständigt werden.

Die Datenbank VITIS-VEA enthält momentan nahezu 46.000 DEs. Sie wird durch die ZADI (Zentralstelle für Agrardokumentation und -information) über das DAINet im Internet angeboten und ist unter folgender URL nutzbar: <http://vitis-vea.zadi.de>.

Die Nutzerstatistik der ZADI weist stabile Nutzerzahlen aus aller Welt mit zuletzt rund 2000 Sitzungen pro Quartal auf.

Durch die zentrale Beschaffung einer Lizenz für ISI Web of Science (Philadelphia) wurde die Nutzung des online-Anschlusses zu DIMDI und STN eingestellt. Recherchen im Web of Science und im Internet wurden für Wissenschaftler im Hause durchgeführt. Recherchen in der eigenen Datenbank VITIS-VEA wurden bedingt durch deren freie Verfügbarkeit im Internet vor allem noch für das Haus vorgenommen, nicht mehr für Dritte.

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. Authors' abstracts are used when permission has been granted. The publishers require mentioning their copyright and a link to their homepage. The database has been restructured appropriately. Annual input is ca. 1.500 literature citations (quarterly updating). The possibility of accessing documents on the internet by hyper-

links has been entered into the database. Full-texts of back-issues of the journal VITIS will be made available step by step. VITIS-VEA contains from 1969 to present ca. 46.000 citations. 3. Production of two printed versions of VITIS-VEA: scientific review as supplement to the periodical VITIS and technical review „Informationsdienst praxisbezogener Literatur im Weinbau“ (in German). Due to the free accessibility of the database via Internet publication of the VITIS-VEA supplement will cease by the end of 2002. 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).

## V. Forschungsprojekte 2003\*

### Research Projects 2003

---

#### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

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.; 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.; Schulz, D.; Gusick, C.; Linde, M.

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, gefördert durch Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (BMWi) und Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen "Otto v. Guericke" e.V. (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 Bildung und Forschung (BMBF, AiF)

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)

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 (BMWi, AiF)

---

\* Stand/As of: 15.01.2003



Dunemann, F.; 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

Dunemann, F.; 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

Dunemann, F.; 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.; Südbeck, H.  
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; gefördert durch die Gesellschaft der Freunde der Fachbereiche Gartenbau und Landespflege der Universität Hannover

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

Linde, M.; 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, gefördert durch Wirtschaftsministerium Schleswig-Holstein

Linde, M.; 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, gefördert durch Wirtschaftsministerium Schleswig-Holstein

Merkt, B.; Krieger, S.  
Entwicklung von kalktoleranten Genotypen bei wirtschaftlich wichtigen Gattungen der Familie der *Ericaceae*  
Development of lime tolerant genotypes in economic important genera of *Ericaceae*  
Beginn: 01.01.1994      Ende: 31.12.2004  
BAZ-6125

Merkt, B.; Radies, M.; Seehaus, H.  
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, gefördert durch Umweltbundesamt (UBA) und Ministerium für Umwelt, Naturschutz und Forsten (MUNF) des Landes Schleswig-Holstein

Schum, A.; Hofmann, K.; Felten, R.; Schneidereit, M.  
Protoplastenkulturen zur Erweiterung der Zuchtmethodik bei Rosen  
Protoplast cultures to increase breeding methodology in roses  
Beginn: 01.01.1994      Ende: 31.12.2005  
BAZ-6124

Schum, A.; Schneidereit, 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: 31.12.2005  
BAZ-6151

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

Barchend, G.  
Analyse der Ursachen der Blattfleckenkrankheit beim Feldsalat (*Valerianella locusta* L.)  
Analysis of the cause of the leaf spot disease in corn salad (*Valerianella locusta* L.)  
Beginn: 01.03.2001      Ende: 31.12.2003  
BAZ-2159

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.; Kühne, T.  
Elektronenmikroskopische Untersuchungen der Funktion viraler Nichtstrukturproteine für die Pathogenese und die Interaktion des Virus mit dem pilzlichen Vektor im Pathosystem BaMMV/Gerste  
Electron microscopic investigations on the function of non-structural viral proteins for the pathogenesis and the interaction of the virus with the fungal vector in the pathosystem BaMMV/barley  
Beginn: 01.07.2000      Ende: 30.06.2003  
BAZ-2156

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.

Evaluierung von Triticale auf Resistenz gegen bodenbürtige Viren

Evaluation of triticale for resistance to soil-borne viruses

Beginn: 15.08.2002      Ende: 14.08.2003

BAZ-2174

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.

Untersuchungen an Weizenproben aus Feldversuchen zur Korrelation des serologischen Nachweises von *Fusarium culmorum*-Antigenen, DON-Gehalt und Symptombewertung

Investigations of wheat samples from field experiments with regard to the correlation of the serological detection of *Fusarium culmorum* antigens, DON content and symptom assessment

Beginn: 01.03.2002      Ende: 31.10.2003

BAZ-2177

Rabenstein, F.

Serologischer Nachweis von *Fusarium*-Befall in Triticale-Kreuzungen (Eltern und F1-Nachkommenschaften)

Serological detection of *Fusarium* attack in triticale crossings (parents and F1 pedigrees)

Beginn: 01.05.2002      Ende: 31.05.2003

BAZ-2178

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)

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.; Fomitcheva, V.

Herstellung von Expressionsklonen des BaYDV

Development of expression clones of BaYDV

Beginn: 01.08.2001      Ende: 31.07.2004

BAZ-2163

Schubert, J.; Mattern, D.

Biologische Sicherheitsforschung an virusresistenten Kartoffeln

Biosafety reseach on virus resistant transgenic potatoes

Beginn: 01.07.2000      Ende: 31.12.2003

BAZ-2165, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

## 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.

Evaluiierung 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 Gerstengelbmosaikvirus-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

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 in 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.

Verbesserung der Resistenz gegen den Erreger des Braunrostes (*Puccinia triticina*) in Weizenformen des ökologischen Landbaus, Einkorn (*Triticum monococcum*), Emmer (*T. dicoccum*) und Dinkel (*T. spelta*)

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. dicoccum*) and spelt wheat (*T. spelta*)

Beginn: 01.04.2002      Ende: 31.12.2003

BAZ-2306

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.

Entwicklung von SNP-Markern (Single Nucleotide Polymorphisms) für Gerste

Development of Single nucleotide polymorphism (SNP-Markers) for barley

Beginn: 01.08.2000      Ende: 31.07.2003

gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF): GABI

---

\* Die Projekte werden im Wesentlichen am Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung der Universität Giessen (Prof. Dr. Friedt) durchgeführt.

\*Ordon, F.

Identifizierung und Kartierung von resistenzassoziierten ESTs gegen bedeutende Pathogene der Gerste (*R. secalis*, BYDV)

Identification and mapping of ESTs associated to resistance against important pathogens of barley (*R. secalis*, BYDV)

Beginn: 01.06.2002      Ende: 31.05.2005

gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

\*Ordon, F.

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: 01.01.2003      Ende: 31.12.2005

gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

\*Ordon, F.

Verbesserte Nutzung genetischer Ressourcen in der Resistenzzüchtung gegen bodenbürtige Viren der Gerste und des Weizens mittels 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: 31.12.2004

gefördert durch EU

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

Richter, K.

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*

Beginn: 01.01.2002      Ende: 31.12.2003

BAZ-2328

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.; Kusterer, A.

Entwicklung eines nationalen Evaluierungsprogramms pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide (EVA II)

Development of a national evaluation programme for plant genetic resources of cereals (EVA II)

Beginn: 01.01.2001      Ende: 31.12.2003

BAZ-2308

---

\* Die Projekte werden im Wesentlichen am Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung der Universität Giessen (Prof. Dr. Friedt) durchgeführt.

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.

Evaluierung von *Brassicaceae* auf Resistenz gegen die Mehligke Kohlblattlaus (*Brevicoryne brassicae*) als Basis zur Nutzung blattlausresistenter Kohlsorten für den ökologischen Landbau

Evaluation of *Brassicaceae* for resistance to the cabbage aphid (*Brevicoryne brassicae*) as source for the use of aphid resistant cabbage cultivars for organic farming

Beginn: 01.04.2002      Ende: 31.12.2003

BAZ-2312

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.

*Brassica*-Sammlungen zur Verbreiterung der landwirtschaftlichen Nutzung einschließlich Nutzbarmachung genetischer Variation in *Brassica carinata* für den Einsatz als Ölpflanze

*Brassica* collections for broadening agricultural use including characterising and utilising genetic variation in *Brassica carinata* for its exploitation as an oilseed crop

Beginn: 01.01.2000      Ende: 31.12.2003

BAZ-8006, gefördert durch EU

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: 31.12.2003

BAZ-8008, gefördert durch EU

## Institut für Obstzüchtung

### Institute of Fruit Breeding

Dresden

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

Dunemann, F.

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

Dunemann, F.

Entwicklung von molekularen Markern für die Züchtung dauerhaft schorf- und mehltairesistenter 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

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.; 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: 31.12.2003

BAZ-4107, gefördert durch das Land Sachsen

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

Teilaufgabe: Etablierung einer In-vitro-Genbank bei Erdbeere und Aufbau eines Datenmanagements zur Sicherung von Basismustern

Ex-situ-conservation and evaluation of fruit genetic resources for breeding, fruit production, pomological, taxonomical and phytopathological aims

Beginn: 01.01.2003      Ende: 31.12.2005

BAZ-4138

Olbricht, K.

Züchtung von Erdbeersorten mit hoher Resistenz gegen pilzliche Schaderreger und hoher Qualitätsleistung für integrierte und biologische Anbauverfahren

Breeding of high quality cultivars of strawberry 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

Schuster, M.

Entwicklung ertragreicher Sauerkirschensorten mit hoher Produktqualität und Resistenz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Monilinia* spp., *Blumeriella jaapii* und *Pseudomonas syringae*) sowie Spätfrosttoleranz

Teilaufgabe: Untersuchungen zur Vererbung der Resistenz gegenüber der Sprühfleckenkrankheit (*Blumeriella jaapii*) in ausgewählten Sauerkirschensorten und Nutzung von Resistenzdonoren für die Züchtung

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

Beginn: 01.09.2000      Ende: 31.12.2005

BAZ-4102

Schuster, M.

Entwicklung von Süßkirschensorten mit Selbstfertilität, hoher Produktivität und Toleranz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Cytospora* ssp., *Pseudomonas syringae*)

Teilaufgabe: Untersuchungen zur Vererbung der Resistenz gegenüber der Sprühfleckenkrankheit (*Blumeriella jaapii*) in ausgewählten Süßkirschensorten und Nutzung von Resistenzdonoren für die Züchtung

Development of sweet cherry cultivars with self-fertility, high fruit quality and tolerance to diseases (*Cytospora* ssp., *Pseudomonas syringae*)

Beginn: 01.09.2000      Ende: 31.12.2005

BAZ-4121

## Institut für landwirtschaftliche Kulturen

### Institute of Agricultural Crops

Groß Lüsewitz

Darsow, U.

Entwicklung von Basismaterial 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.

Genetische Optimierung der Kartoffel als dominierender Stärkelieferant der Bundesrepublik Deutschland durch Züchtung, Zell- und Molekularbiologie

Teilprojekt Groß Lüsewitz: Kombination von relativer Kraut- und Braunfäuleresistenz 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

Part: Combination of relative late blight resistance (*Phytophthora infestans*) on foliage and tubers with higher level of starch content

Beginn: 01.09.2000      Ende: 31.08.2003

BAZ-3143, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Darsow, U.; Sonntag, K.; Thieme, R.

Kombination von Resistenz gegen *Globodera pallida* bzw. *Phytophthora infestans* mit spezifischen Qualitätsmerkmalen bei dihaploiden 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 Basismaterial bei Hafer mit Resistenz gegen Echten Mehltau und Gerstengelverzweigungsvirus  
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 Basismaterial bei Wintertriticale mit hoher Standfestigkeit, Krankheitsresistenz und Kornqualität  
Development of basic 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.  
Untersuchung europäischer Hafersorten auf Resistenz gegenüber Haferflugbrand (*Ustilago avenae*)  
Investigation of oat cultivars for resistance to smut (*Ustilago avenae*)  
Beginn: 01.06.2002      Ende: 31.12.2003  
BAZ-3157

Herrmann, M.  
Erarbeitung effizienter Züchtungsmethoden zur Erhöhung des b-Glucangehalts im Haferkern  
Development of marker-assisted breeding methods to increase the beta-glucan content in oat groats  
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-zuchtmethodische 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
- Ruge, B.  
 Erschließung des sekundären Genpools der Gattung *Hordeum* als genetische Ressource für Krankheitsresistenz gegen Zwergrost und Mehltau  
 Deployment of the secondary gene pool of the genus *Hordeum* as a genetic resource for disease resistance to leaf rust and powdery mildew  
 Beginn: 01.01.1997      Ende: offen  
 BAZ-3134
- Ruge, B.  
 Erschließung von *Hordeum bulbosum* als Quelle neuer Resistenzgene für die Kulturgerste  
 Deployment of *Hordeum bulbosum* as a source for novel resistance genes  
 Beginn: 15.07.2001      Ende: 14.07.2003  
 BAZ-3151, gefördert durch Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP)
- Ruge, B.; Linz, A.  
 Erschließung des sekundären Genpools der Gattung *Hordeum* als genetische Ressource für Resistenz gegen Gelbmosaikvirosen  
 Deployment of the secondary gene pool of the genus *Hordeum* as a genetic resource for yellow mosaic virus resistance  
 Beginn: 01.01.1996      Ende: offen  
 BAZ-3115
- Ruge, B.; Wehling, P.  
 Entwicklung eines PCR-Assays zur schnellen Identifizierung transgener Rapsgenotypen  
 Development of a PCR assay for quick identification of transgenic rape genotypes  
 Beginn: 01.06.1996      Ende: 30.06.2003  
 BAZ-3131

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.

Rapstransformation mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuartiger Öle und zur Herstellung markergenfreier Pflanzen

Transformation of *Brassica napus* with selected constructs to produce new oils or marker-free transgenic plants

Beginn: 01.09.2000      Ende: 31.08.2003

BAZ-3150, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

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 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.; Bringezu, T.

Molekulare Charakterisierung von Resistenzgenen bei Roggen und anderen Gräsern

Molecular characterization of disease resistance genes in rye and other grasses

Beginn: 01.09.2000      Ende: 31.08.2003

BAZ-3141, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

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.; Hackauf, B.

Entwicklung und Kartierung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen

Development and mapping of microsatellite markers in rye

Beginn: 01.09.2000      Ende: 31.08.2003

BAZ-3142, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Wehling, P.; Krause, L.

Isolierung und molekulare Charakterisierung von Selbstfertilitäts- und Pseudokompatibilitätsgenen bei Roggen

Isolation and molecular characterization of self-fertility and pseudo-compatibility genes in rye

Beginn: 01.03.1996      Ende: 01.02.2003

BAZ-3137, gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

Wehling, P.; Rudloff, E.

Freisetzung und züchterische Bearbeitung von Raps (*Brassica napus* L.) mit gentechnisch veränderter Fettsäure-Zusammensetzung

Field release and breeding of oilseed rape (*Brassica napus* L.) with genetically engineered fatty acid composition

Beginn: 01.01.1996      Ende: 31.12.2002

BAZ-3121

## 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

Flamme, W.; Jansen, G.

Einzelamencharakteristik - 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

Jansen, G.; Flamme, W.

Evaluierung 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

Jürgens, H.-U.

Evaluierung von Genbankmaterial mit dem Ziel der Schaffung von Basismaterial bei Winterraps zur Herstellung von proteinreichen und qualitativ hochwertigen Futtermitteln bei gleichzeitiger Nutzung des Öls im Food- und Nonfood-Bereich

Evaluation of gene bank material with the aim to develop basic material in oilseed rape 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: 31.03.2005

BAZ-3352

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.

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 view of the quality

Beginn: 01.01.2003      Ende: 31.12.2006

BAZ-3345

Wegener, C.

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.

Beginn: 01.07.1999      Ende: 31.12.2003

BAZ-3339

## Institut für gartenbauliche Kulturen Institute of Horticultural Crops Quedlinburg

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 WildartenGenRes-CT99-105

The Future of the European Carrot: a programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild speciesGenRes-CT99-105

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2003

BAZ-1152, gefördert durch EU

Nothnagel, T.; Straka, P.

Entwicklung einer kombinierten Kopplungskarte für die Möhre *Daucus carota sativus* Hoffm.

Development of a combined linkage map of carrot *Daucus carota sativus* Hoffm.

Beginn: 01.08.2000 Ende: 31.08.2003

BAZ-1151

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: 01.02.2003

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: 31.10.2003

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: 30.11.2003

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: 30.04.2006

BAZ-1161, 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-1162, 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

Ryschka, U.; Schumann, G.; Klocke, E.; Krämer, R.; Scholze, P.; Marthe, F.

Übertragung von Krankheitsresistenzen gegenüber verschiedenen Pathogenen aus Wildformen in Gemüseformen der Familie *Brassicaceae* mit Hilfe der somatischen Zellhybridisierung.

Transfer of resistance genes against different pathogens from wild species into vegetable forms of the *Brassicaceae* family by use of somatic cell hybridization

Beginn: 01.01.2000      Ende: 01.01.2003

BAZ-1150

Scholze, P.; Nothnagel, T.

Untersuchungen zur Manifestierung der *Alternaria*-Symptomausprägung in Brassicaceen, unter besonderer Berücksichtigung von *Sinapis* sp.

Studies on symptom manifestation in *Brassicaceae* caused by *Alternaria* pathogens with special regard to *Sinapis* sp.

Beginn: 01.04.2000      Ende: 01.04.2003

BAZ-1142

## 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

Hoberg, E.; Ulrich, D.

Variabilität der sensorischen Qualität von Spargelsorten

Variability of *Asparagus officinalis* L. varieties sensory quality

Beginn: 01.04.2000      Ende: 31.03.2003

BAZ-1230

Hoberg, E., Ulrich, D.

Bestimmung der sensorischen und Aromaprofile von generativ vermehrten und neuen Erdbeergenotypen

Investigation of the sensory and the aroma profile of generatively reproduced and new strawberry genotypes

Beginn: 01.04.2002      Ende: 01.10.2003

BAZ-1237

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) und 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

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/Glucosinolatverteilungsmusters 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) und Rephyna e.V.

Schulz, H.  
Charakterisierung sekundärer Pflanzeninhaltsstoffe in Medizinal-, Gewürz- und Färbepflanzen einschließlich der daraus 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)

Schulz, H.; Distler, D.

Etablierung einer breiten Anwendung der Festphasen-Mikroextraktions-Gaschromatographie (SPME-GC) im pharmazeutischen Bereich

Establishment of a broad application of solid-phase micro extraction gas chromatography (SPME-GC) in the pharmaceutical area

Beginn: 01.10.2001      Ende: 30.09.2003

BAZ-1236, gefördert durch Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen "Otto v. Guericke" e.V. (AiF)

Straka, P.; Nothnagel, T.

Beiträge zur Genomanalyse bei *Daucus carota* L.

Genome analysis in *Daucus carota* L.

Beginn: 01.01.1999      Ende: 31.12.2003

BAZ-1233

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: 31.10.2003

BAZ-1238

Ulrich, D.; Hoberg, E.

Evaluierung der Aromamuster in resistenten und nichtresistenten Apfelgenotypen

Evaluation of aroma patterns in resistant and non-resistant apple genotypes

Beginn: 01.08.2000      Ende: 31.08.2003

BAZ-1228

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

Ulrich, D.; Hoberg, E.

Bestimmung der Aromamuster von resistenten und nichtresistenten Apfelgenotypen mit Schnellmethoden

Rapid evaluation of aroma patterns of resistant and non-resistant apple genotypes

Beginn: 01.07.2003      Ende: 30.06.2006

BAZ-1248

## Arbeitsgruppe Elektronische Datenverarbeitung Data Processing Unit Quedlinburg

Kecke, S.; Marx, G.

Erstellung datenbankgestützter Erfassungswerkzeuge für Evaluierungsdaten zur Krankheitsresistenz genetischer Ressourcen

Establishment of tools for the database input of evaluation data for the resistance of genetic resources against diseases and pests

Beginn: 01.01.2000      Ende: 31.12.2003

BAZ-9002

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.; 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

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 Rebsorten: Frosttoleranz  
Evaluation of important characters of grape varieties: winter hardiness  
Beginn: 01.01.1984      Ende: offen  
BAZ-5107

Düring, H.  
Untersuchungen zur Trockentoleranz von Rebsorten  
Studies on drought tolerance of grapevine varieties  
Beginn: 01.11.1988      Ende: offen  
BAZ-5108

Düring, H.  
Bestimmung von Werteigenschaften bei Rebsorten: Beerenreife  
Evaluation of important characters of grape cultivars: Berry ripening  
Beginn: 01.01.1984      Ende: offen  
BAZ-5109

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.  
Die Züchtung von Rebsorten für eine alternative Produktion: Tafeltrauben, Traubensaftsorten  
The breeding of grapevines for alternative production: table grapes, juice varieties  
Beginn: 01.01.1989      Ende: offen  
BAZ-5103

Eibach, R.; Harst, M.  
Die Erhaltungszüchtung neuer Rebsorten  
Maintenance breeding of vine varieties  
Beginn: 01.01.1970      Ende: offen  
BAZ-5102

Eibach, R.; Dettweiler, 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.; Dettweiler, E.; Harst, M.  
Die Erhaltung der genetischen Ressourcen der Rebe  
Maintenance of genetic resources of grapevines  
Beginn: 01.01.1984      Ende: offen  
BAZ-5106

Eibach, R.; Zyprian, E.  
Evaluierung von *Vitis*-Arten auf Resistenzeigenschaften  
Evaluation of *Vitis* species on resistance characteristics  
Beginn: 01.01.1999      Ende: offen  
BAZ-5137

Harst, M.  
Erzeugung von embryogenem Gewebe über die Antherenkultur  
Production of embryogenic tissue from anther culture  
Beginn: 01.01.1990      Ende: offen  
BAZ-5116

Harst, M.  
Regeneration von Blattscheiben-Explantaten der Rebe  
Regeneration of leaf-disc explants of the grapevine  
Beginn: 01.01.1992      Ende: offen  
BAZ-5117

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.  
Untersuchungen über die phenolischen Geschmackskomponenten  
Investigations on the phenolic flavour compounds  
Beginn: 01.01.1993      Ende: offen  
BAZ-5120

Töpfer, R.  
Untersuchungen über die Aromastoffe des Mostes und des Weines: "medizinisch/Arzneinote", "bitter metallisch",  
"Foxtton", "Hybridton", "untypische Alterungsnote"  
Investigations on volatiles of must and wine: "medicine-flavour", "bitter-metallic flavour", "foxy", "hybridnote",  
"untypical ageing flavour"  
Beginn: 01.01.1990      Ende: offen  
BAZ-5122

Töpfer, R.; Eibach, R.  
Ermittlung des Furaneolgehalts in neuen Rebsorten  
Determination of the strawberry flavour of new grapevine varieties  
Beginn: 01.01.1993      Ende: 31.12.2005  
BAZ-5119

Töpfer, R.; Eibach, 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

Töpfer, R.; Hausmann, L.  
Entwicklung von Promotorkassetten und stabilen binären Transformationsvektoren  
Development of promotor cassettes and stable binary vectors  
Beginn: 01.12.1995      Ende: 31.12.2003  
BAZ-5132, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

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)

Töpfer, R.; Hausmann, L.  
Einsatz der DNA-Array-Technologie zur Identifizierung von Stoffwechsellengpässen in Rapspflanzen mit veränderter  
Speicherlipidzusammensetzung  
Use of DNA microarray technology to identify metabolic bottlenecks in rapeseed with modified storage lipids  
Beginn: 01.09.2000      Ende: 31.08.2003  
BAZ-5141, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Töpfer, R.; Hausmann, L.  
Isolierung und Charakterisierung von Genen der Wachsesterbiosynthese  
Isolation and characterization of genes of the biosynthesis of wax esters  
Beginn: 01.09.2000      Ende: 31.08.2003  
BAZ-5142, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

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

Töpfer, R.; Harst, M.

Freisetzung

Field release of transgenic grapevines (*Vitis vinifera* L.)

Beginn: 01.03.1999      Ende: 01.03.2009

BAZ-5145

Töpfer, R.; Köglmeier, W.; Schmidt-Tiedemann, A.; Ebersberger, D.

Status Quo-Analyse im ökologischen Weinbau - Strukturen, Chancen, Defizite

Status-quo of organic viticulture: structure, changes, problems

Beginn: 01.08.2002      Ende: 31.12.2003

BAZ-5146, gefördert durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE)

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.

Untersuchungen der Interaktion von *Plasmopara viticola* mit toleranten und anfälligen Rebsorten

Investigation on the interaction of *Plasmopara viticola* with tolerant or susceptible grapevine cultivars

Beginn: 01.01.1996      Ende: offen

BAZ-5130

Zyprian, E.; Töpfer, R.

Physikalische Kartierung des Rebgenoms

Physical mapping of the grapevine genome

Beginn: 01.01.1996      Ende: offen

BAZ-5133

Zyprian, E.; Töpfer, R.; Dettweiler, E.

Entwicklung experimentell stabiler Marker zur Differenzierung von Unterlagssorten der Weinrebe

Development of experimentally stable molecular markers for the differentiation of rootstock varieties

Beginn: 01.01.1997      Ende: offen

BAZ-5135

Zyprian, E.

Molekulare Charakterisierung der *Uncinula necator*-Resistenz in der Weinrebe

Molecular characterization of *Uncinula necator* resistance in grapevines

Beginn: 01.01.2001      Ende: 31.12.2004

BAZ-5143



# 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>Ilarvirus</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>Arabis 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>Oat necrotic mottle virus</i>	1
<i>Ryegrass mosaic virus</i>		2	
<i>Tritimovirus</i>	<i>Brome streak 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>

<b>Art/Species</b>	<b>Art/Species</b>
<i>Brevicoryne brassicae</i>	<i>Myzus nicotianae</i>
<i>Cavariella aegopodii</i>	<i>Myzus persicae</i>
<i>Macrosiphum euphorbiae</i>	<i>Pentatrichopus fragaefolii</i>
<i>Macrosiphoniella sanborni</i>	<i>Rhopalosiphum maidis</i>
<i>Macrosiphum albifrons</i>	<i>Rhopalosiphum padi</i>
<i>Megoura viciae</i>	<i>Sitobion avenae</i>
<i>Metopolophium dirhodum</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

*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*

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*  
*Turnip yellows virus*  
*Turnip 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*  
*Asparagus virus 1*  
*Bean common mosaic virus*  
*Bean yellow mosaic virus*

Genus *Potyvirus*  
*Beet mosaic virus*  
*Celery mosaic virus*  
*Clover yellow vein virus*  
*Henbane mosaic virus*  
*Leek yellow stripe virus*  
*Lettuce mosaic virus*  
*Maize dwarf mosaic virus*

*Onion yellow dwarf virus*  
*Parsley virus Y*  
*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*

## 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. *malvacearum*  
*Xanthomonas axonopodis* pv. *vignicola*  
*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*  
*Septoria. tritici-repentis*  
*Verticillium dahliae*

## 2.4 Enzyme/Enzymes

$\beta$ -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

#### **Berlin**

Humboldt-Universität zu Berlin  
Dr. Eckhardt  
Aufgabe: Transformation von Rhododendron  
Projekt: BAZ-6144

#### **Dresden**

Hochschule für Technik und Wirtschaft, Abt. Botanik/Ökologie  
Prof. Dr. Drewes- Alvarez  
Aufgabe: Entwicklung neuer Einsporkulturen, Resistenztestungen an Rosen  
Projekt: BAZ-6134

#### **Erfurt-Kühnhausen**

Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau, Großbeeren, Abt. Pflanzenvermehrung  
Dr. U. Drüge  
Aufgabe: Erstellung von resistentem Basismaterial von Cyclamen  
Projekt: BAZ-6142

#### **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

### **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-6136

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 spec.  
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, Austausch von Markern

Projekt: BAZ-6114

## **Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik**

**Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics**

**Aschersleben**

### **Partner im Inland/German partners**

#### **Aschersleben**

GHG Saaten GmbH, Aschersleben

E. Siebecke

Aufgabe: Entwicklung neuer Dill- und Majoransorten mit *Fusarium*- und *Alternaria*-Resistenz

Projekt: BAZ-2144, FUEGO 0036901L8

#### **Bad Neuenahr-Ahrweiler**

Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau

M. Dehe, H. Blum

Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels;  
Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen

Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025

**Bad Schönborn**

HYBRO GmbH & Co. KG Saatzucht Langenbrücken  
Dr. H. Wortmann  
Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber *Polymyxa* übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2173

**Bernburg**

Fachhochschule Anhalt ,Fachbereich Landwirtschaft, Ökotropologie, Landespflege  
I. Reichhardt  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels;  
Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025

**Bonn**

Forschungsvereinigung der Arzneimittel-Hersteller FAH  
Frau B. Christian, Dr. E. Kroth  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels;  
Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025

**Braunschweig**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit  
Dr. D-E. Lesemann  
Aufgabe: Diagnose von Viren an Kulturpflanzen

**Detmold**

Bundesanstalt für Getreide-, Kartoffel- und Fettforschung, Institut 1  
J. Dreisörner  
Aufgabe: Rasterelektronenmikroskopische Arbeiten

**Erfurt-Kühnhausen**

Institut für Gemüse- und Zierpflanzenproduktion  
Dr. A. Luthardt, Dr. F. Hennig  
Aufgabe: Nachweis von *Fusarium oxysporum* f.sp. *cyclaminis* in Cyclamee  
Dr. D. Grote, Dr. H.-P. Kläring, M. Kyuchukova (Großbeeren)  
Aufgabe: Nachweis von *Phythium aphanidermatum* in Tomate

**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)

**Halle**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz  
Prof. Dr. E. Fuchs  
Aufgabe: WDV-Nachweis und -identifizierung  
Projekt: BAZ-2161

**Hannover**

Landwirtschaftskammer Pflanzenschutzamt  
Dr. Heinicke  
Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber *Polymyxa* übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2145

**Heidelberg**

Juliwa-Enza GmbH & Co KG  
Frau Schieder  
Aufgabe: Analyse der Ursachen der Blattfleckenkrankheit beim Feldsalat  
Projekt: BAZ-2159

## **Köthen**

Fachhochschule Anhalt

Prof. Dr. H. Bergmann

Aufgabe: Raster- und Transmissionselektronenmikroskopische Untersuchung von Veränderungen an Mikroorganismen nach Einwirkung desinfizierender Substanzen

Prof. Dr. O. Kersten

Aufgabe: Methodische Untersuchungen zur Darstellung von Nasenschleimhäuten im ESEM-Rasterelektronenmikroskop

## **Magdeburg**

Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau des Landes Sachsen-Anhalt

M. Krusche, Herr Mertens

Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen

Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025

Dr. R. Gippert

Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber *Polymyxa* übertragbaren Viren

Projekt: BAZ-2145

Aufgabe: Analyse des Auftretens von Potato virus Y-Stämmen

## **Müncheberg**

Zentrum für Agrarlandschafts- und Landnutzungsforschung

M. Rumberger

Aufgabe: Röntgenanalytische Untersuchungen an Mykorrhizen

## **Steinach**

Saatzucht Steinach GmbH

F. Haag

Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber *Polymyxa*-übertragbare Viren

Projekt: BAZ-2145

## **Stuttgart**

Landessaatzuchtanstalt Stuttgart

Dr. T. Miedaner

Aufgabe: Serologische Prüfung von *Fusarium*-Arten und Nachweis von *Fusarium* in Weizen und Triticale

Projekt: BAZ-2177, BAZ-2178

## **Trebur**

AGRI-MED

Dr. E. Schubert

Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen

Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025

## **Witzenhausen**

Universität Kassel-Witzenhausen, Fachbereich Ökologischer Pflanzenschutz

Frau Prof. Dr. M. Finckh

Aufgabe: Prüfung von Kartoffelsorten aus dem Ökoanbau auf Befall mit PVY unter Verwendung von monoklonalen Antikörpern

Projekt: BAZ-2171

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **Ägypten/Egypt**

National Research Centre, Cairo

Dr. M. Saker

Aufgabe: RAPD-Marker zur Kartierung von Pilzresistenzgenen in Gerste

Projekt: BAZ-2143

## **Bulgarien/Bulgaria**

Bulgarische Akademie der Wissenschaften Sofia, Institut für Genetik, Sofia

Dr. Aglika Edreva

Aufgabe: Untersuchung zur Resistenz von Gemüsekulturen und den Ursachen für die Induktion von Resistenz gegen bakterielle Pathogene

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*  
Kooperationsvereinbarung 12

## **Großbritannien/Great Britain**

Rothamsted Research, Harpenden, Hertfordshire

Dr. K. Kanyuka

Aufgabe: Molekulargenetische Charakterisierung von Bymoviren

Projekt: BAZ-2167

## **Litauen/Lithuania**

Lithuanian University, Institute of Botany, Vilnius

Frau Dr. R. Mackinaite

Aufgabe: Diagnose pilzlicher Krankheiten an kultiviertem und wildwachsendem Kümmel

Projekt: BAZ-2155

## **Neuseeland/New Zealand**

Institute for Crop & Food Research, Christchurch

Dr. R. Pickering

Aufgabe: Untersuchungen von *Hordeum*-Wildformen auf Resistenz gegen *Polymyxa graminis*, dem pilzlichen Vektor bedeutender Getreideviren

Projekt: BAZ-2132, Kooperationsvereinbarung 01.2001

## **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

Instytut Ochrony Roslin, Poznan

Frau Dr. M. Jezewska

Aufgabe: Charakterisierung von bodenbürtigen Viren bei Weizen und Roggen

Projekt: BAZ-2169

Plant Breeding and Acclimatisation Institute, Mluchow

Prof. Dr. M. Chrzanowska

Aufgabe: Charakterisierung von PVY-Stämmen

## **Russland/Russia**

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-2165; Kooperationsvereinbarung 7/96

### **USA**

Department of Plant Pathology, Cornell University Ithaca,  
Prof. G.C. Bergstrom  
Aufgabe: Untersuchung auf Resistenz gegenüber *Polymyxa*-übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2170  
USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Lincoln  
Dr. D.C. Stenger  
Aufgabe: Charakterisierung von Tritimoviren  
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: 9690

#### **Universität, Institut für Pflanzenbau**

Prof. Dr. J. Léon  
Aufgabe: Development of new DNA marker systems and utilization of genetic resources for barley  
Projekt: BMBF (GABI), FKZ: 0312278B  
Dr. K. Pillen  
Aufgabe: Development of new DNA marker systems and utilization of genetic resources for barley  
Projekt: BMBF (GABI), FKZ: 0312278B

#### **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

### **Bönnshausen**

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, J. Mosch  
Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen  
Projekt: BAZ-2323

### **Dresden**

Elsner pac Jungpflanzen

Dr. K. Olbricht, 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 Bodenkunde und Pflanzenbau

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. H. Knüpfner, Dr. D. Enneking  
Aufgabe: "International Network on Barley Genetic Resources"  
Projekt: EU-Projekt FAIR-CT-98-104

Dr. A. Börner  
Aufgabe: Selektion von Weizen auf Resistenz gegen Blattdürre  
Projekt: BAZ-2336

Prof. Dr. A. Graner,  
Aufgabe: Isolierung des *Rph-16* Zwergrost-Resistenzlocus  
Projekt: (DFG Ko 1747/2-1)



Prof. Dr. A. Graner

Aufgabe: Development of new DNA marker systems and utilization of genetic resources for barley  
Projekt: 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-2336

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Obst Dresden-Pillnitz

Prof. Dr. M. Fischer, Dr. M. Geibel

Aufgabe: Selektion von Genotypen des Obstes mit Resistenz gegen Bakterien

Projekt: BAZ-2323

## Gießen

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

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

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-Bisbologehaltes 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

Aufgabe: Entwicklung von 'low-input' Genotypen für eine umweltverträgliche Pflanzenproduktion

Projekt: DFG, SFB 299

Aufgabe: Identifizierung und Kartierung von resistenzassoziierten ESTs gegen bedeutende Pathogene der Gerste

Projekt: DFG, FKZ: FOR 343/2-1

Justus-Liebig-Universität Institut für Phytopathologie und angewandte Zoologie

Prof. Dr. K.-H. Kogel

Aufgabe: Identifizierung und Kartierung von resistenzassoziierten ESTs gegen bedeutende Pathogene der Gerste

Projekt: DFG, FKZ: FOR 343/2-1

## Hadmersleben

Saatzucht 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

## Halle

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz

Prof. Dr. E. Fuchs

Aufgabe: Übertragung von Gramineenviren durch Aphiden und Zikaden

Projekt: BAZ-2301

## Hannover

Bundessortenamt

Dr. J. Steinberger, Dipl.-Agraring. 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

**Irlbach**

Dr. J. Ackermann & Co., Saatzucht  
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

**Kiel**

Christian-Albrechts-Universität Kiel, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Dr. F. Dreyer  
Aufgabe: Einsatz biotechnologischer Verfahren in Pflanzenzuchtbetrieben Schleswig-Holsteins am Beispiel der markergestützten Selektion virusresistenter Rapslinien  
Projekt: BAZ-2310, Land Schleswig-Holstein

**Ladenburg**

Max Planck Institut für Zellbiologie  
Prof. Dr. K. Geider  
Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen  
Projekt: BAZ-2323

**Leopoldshöhe**

Saaten-Union Resistenzlabor GmbH  
Dr. J. Weyen  
Aufgabe: Development of new DNA marker systems and utilization of genetic resources for barley  
Projekt: BMBF (GABI), FKZ: 0312278B

**Lippstadt**

Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH (DSV), Zuchtstation Leutewitz  
Dr. M. Herrmann, 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

**Northeim**

Lochow-Petkus GmbH, Zuchtstation Wetze  
Dr. J. Großer  
Aufgabe: Resistenz/Toleranz von Gerste gegen Viren  
Projekt: BAZ-2301

## **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

## **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; EU-Project COST 817

Dr. A. Schiemann

Aufgabe: Kartierung Gelbmosaik-Resistenzgene

### **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**

Biotechnology Laboratory Florimond Desprez

Dr. P. Devaux

Aufgabe: Kartierung Gelbmosaik-Resistenzgene

### **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 Gelbmosaik-Resistenzgene

## 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; EU-Project COST 817

Aufgabe: Kartierung BYDV-Toleranz

## Russland/Russia

All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg

Dr. O. Afanasenko, 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: Resistenz von Gerste und Weizen gegen Aphiden

Projekt: BAZ-2331; Kooperationsvereinbarung 88/96

## 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

The University of the North, Department of Plant Production

Dr. K. Ayisi

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 Genetische Ressourcen (IGR)  
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  
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-4101, BAZ-4102, BAZ-4121

**Auweiler**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau  
L. Linnemannstöns  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel und Erdbeere  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4136

**Berlin**

Humboldt-Universität, Institut für Baumschule und Vermehrung  
Prof. Dr. Jesch  
Aufgabe: Prüfung von Sorten-/Wildartenhybriden für Zierzwecke  
Projekt: BAZ-4101  
Aufgabe: Prüfung einer DH-Linie von Apfel für Zierzwecke  
Projekt: BAZ-4124

**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  
Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich Integrierter Pflanzenschutz  
Dr. C. Gebhart, Dr. W. Wiedemann  
Aufgabe: Virustestung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101  
Dr. W. Wiedemann  
Aufgabe: Virustestung bei Kirsche  
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121  
Technische Universität, Klinik und Poliklinik für Kinderheilkunde, Klinische Forschung  
PD Dr. Rösen-Wolf  
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel  
Projekt: BAZ-4129

**Erfurt**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau  
M. Möhler  
Aufgabe: Prüfung von Kirschklonen  
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

Aufgabe: Leistungsprüfung von Apfel-Zuchtstämmen  
Projekt: BAZ-4101

### **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Genbank Obst Dresden-Pillnitz  
Prof. Dr. Fischer, Dr. Geibel  
Aufgabe: Evaluierung Kultur- und Wildsortimente, Ausgangsmaterial für Züchtung und Resistenzgenetik bei Apfel und Kirsche  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4102, BAZ-4121  
Aufgabe: Entwicklung von DNA-Markern für Schorf- und Mehlttauresistenzgene in Apfel  
Projekt: BAZ-4133  
Prof. Dr. Fischer  
Aufgabe: Untersuchung zum vertikalen Gentransfer bei Apfel  
Projekt: BAZ-4107

### **Geisenheim**

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Obstbau  
Prof. Dr. H. Jacob  
Aufgabe: Resistenzprüfung auf Triebssucht bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Großhansdorf**

BFA für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung  
Herr Schüler  
Aufgabe: Mikrosatellitenentwicklung bei Süßkirschen  
Projekt: BAZ-4121  
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-4101, BAZ-4102, BAZ-4136

### **Jork**

Lehr- und Versuchsanstalt  
Dr. Stehr  
Aufgabe: Prüfung von Apfel- und Kirschklonen auf Sorteneigenschaften  
Projekt: BAZ-4101, 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

### **Ladenburg**

Max Planck Institut für Zellbiologie  
Prof. Dr. Geider  
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel  
Projekt: BAZ-4129

### **Magdeburg**

Landespflanzenschutzamt Sachsen-Anhalt  
Dr. D. Beyme  
Aufgabe: Virusfreier Reiserschnittgarten bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101



**Müncheberg**

Landesanstalt für Gartenbau, Abteilung Obstbau  
Herr Schwärzel  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101  
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-4101  
Technische Universität, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Lehrstuhl für Zierpflanzenbau  
Prof. Dr. Forkmann  
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel  
Projekt: BAZ-4129

**Neustadt/W.**

Landes-Lehr- und -Forschungsanstalt  
W. Ollig, Herr Metzloff  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel und Erdbeere  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4136

**Oppenheim**

Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau  
Herr Köhler, Herr Hilsendegen  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel und Kirsche  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4102, BAZ-4121

**Osnabrück**

Fachhochschule  
Prof. Dr. W. Dierend  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

**Quedlinburg**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau und Technik  
Dr. E. Roth  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

**Rostock**

Universität Rostock, Lehr- und Versuchsanstalt für Obst- und Gemüsebau  
Dr. F. Höhne  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

**Stuttgart**

Universität Hohenheim  
Dr. W. Hartmann, Versuchsstation Bavendorf - Dr. U. Mayr, Dr. J. Streiff  
Aufgabe: Sortenprüfungen, Lagereignung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

**Veitshöchheim**

Bayerische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau  
Herr Siegler  
Aufgabe: Prüfung von Sauerkirschklonen  
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

## **Weinsberg**

Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau

Dr. Hill, Dr. Rueß, Herr Möller

Aufgabe: Prüfung von Apfelklonen auf Sorteneigenschaften

Projekt: BAZ-4101

Dr. Gerlach

Aufgabe: Sortenprüfung Erdbeere

Projekt: BAZ-4136

## **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: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

### **China**

Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling

Dr. Yang

Aufgabe: SMADIA

Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

Lai-Yang Agricultural College, Lai-Yang

Dr. Zhao, Dr. Baodu

Aufgabe: SMADIA

Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

### **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-4101

Aufgabe: Haploidenerzeugung beim Apfel

Projekt: BAZ-4124

Dr. Y. Lespinasse, F. Laurens, Ch.-E. Durel

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

Dr. B. Denoi

Aufgabe: *Colletotrichum*-Resistenz bei Erdbeere

Projekt: BAZ-4136

INRA, Institut für Phytopathologie und Phytobakteriologie, Angers

Dr. J. Paulin, Dr. L. Parisi

Aufgabe: Virulenzanalyse und Resistenzprüfung bei Kernobst

Projekt: BAZ-4101

Les Naturianes, SARL, Lyon

E. Grillet

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

### **Dänemark/Denmark**

Danish Institute of Agricultural Sciences, Dept. of Horticulture Aarslev

W. Daugaard

Aufgabe: Erdbeersortenprüfung

Projekt: BAZ-4136

**Finnland/Finland**

University of Joensuu  
Prof. Sopanen  
Aufgabe: Austausch von Genkonstrukten  
Projekt: BAZ-4105

**Griechenland/Greece**

NAGREF, Naoussa  
Dr. A. Manganaris  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

**Großbritannien/Great Britain**

HRI East Malling, East Malling  
Dr. K. Evans  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898  
Dr. K. Tobutt  
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: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

**Niederlande/The Netherlands**

PRI Wageningen, Wageningen  
H. Schouten, Dr. De Nijs  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898  
FPO-PFW Proefstation voor de Fruitteelt Wilhelminadorp, Wilhelminadorp  
Dr. H. Kemp  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

**Schweiz/Switzerland**

Eidgenössische Forschungsanstalt für Obst-, Wein- und Gartenbau Wädenswil, Wädenswil  
Dr. M. Kellerhals  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898  
Eidgenössische Technische Hochschule Zürich, Zürich  
Dr. C. Gessler  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

**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-4101, BAZ-4121, Kooperationsvereinbarung 4/96, 5/96

## **Ungarn/Hungary**

Research Institute for Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest

Dr. J. Apostol, G. Bujdosó

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-4101, Kooperationsvereinbarung 3/97

Prof. Dr. H.S. Aldwinckle

Aufgabe: *Agrobacterium*-vermittelter Gentransfer bei Obst

Projekt: BAZ-4129, Kooperationsvereinbarung 16/96

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**

### **Aachen**

Rheinisch-Westfälische-Technische Hochschule, Institut für Biologie

Prof. Dr. M. Frentzen, Dr. D. Weier

Aufgabe: Bereitstellung von Konstrukten für die Transformation von Raps

Projekt: BAZ-3150

### **Alzenau**

Dr. Frische GmbH

Dr. Frische/ Dr. Seemann

Aufgabe: Gewinnung und Aufbereitung von Öl aus Ölsaaten

Projekt: BAZ-3121

**Aspachhof, Uffenheim**

Saatgutgesellschaft Streng's Erben GmbH & Co. KG

P. Greif

Aufgabe: Freiland-Resistenztest gegen den Gerstengelmosaikviruskomplex bei der Gerste

Projekt: BAZ-3115, BAZ-3139

**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* und *Fusarium*

Projekt: BAZ-3114, BAZ-3130, BAZ-3143

Dr. U. Heimbach

Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegenüber Viren

Projekt: BAZ-3128

FAL, Institut für Tierernährung

Prof. Dr. G. Flachowsky

Aufgabe: Ernährungsphysiologische Bewertung von myristin- und palmitinsäurereicher Rapssaat

Projekt: BAZ-3121

**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  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch, Datenbank-Management  
Projekt: BAZ-3150, 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 Saatzucht GmbH  
Dr. St. Beuch  
Aufgabe: Prüfung der Resistenz und agronomischen Leistungsfähigkeit von Haferzuchtstämmen  
Projekt: BAZ-3118

### **Göttingen**

Georg-August-Universität Göttingen, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. Dr. h. c. G. Röbbelen  
Aufgabe: Verwendung von transgenem Raps mit dem Acyl-[ACP] Thioesterasegen CIFatB4 aus *Cuphea lanceolata*  
Projekt: BAZ-3121  
Institut für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz  
Prof. Dr. A. v. Tiedemann  
Aufgabe: Histologische Charakterisierung von Braunrostresistenzgenen bei Roggen  
Projekt: BAZ-3122, BAZ-3140

### **Halle**

Martin Luther Universität Halle-Wittenberg; Agrarwissenschaftliche Fakultät; Institut für Ernährungswissenschaften  
Prof. Dr. K. Eder  
Aufgabe: Fütterungsversuch u.a. mit Öl von transgenem Raps an Goldhamstern als Modelltiere  
Projekt: BAZ-3121  
Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz  
B. Klocke  
Aufgabe: Prüfung von Braunrostresistenzen mit Einzelpustelisolaten  
Projekt: BAZ-3122

### **Hamburg**

Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik  
Prof. Dr. E. Heinz, P. Spiekermann  
Aufgabe: Bereitstellung von Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3150  
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. Dr. Dr. h. c. G. Wricke  
Aufgabe: Untersuchungen zur Selbstinkompatibilität bei Roggen  
Projekt: BAZ-3111, BAZ-3116

### **Hohenlieth**

Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG  
D. Brauer, Dr. G. Leckband, A. Zurborg  
Aufgabe: Prüfung transgener Rapspflanzen mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3150

### **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 Saatzüchtgesellschaft mbH, Saatzücht Langenstein  
Dr. R. Schachsneider  
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

### **Lippstadt**

Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH (DSV), Zuchtstation Thüle-Salzkotten  
L. Lehmann, C. Oertel, K. Richter, D. Stelling.  
Aufgabe: Prüfung transgener Rapspflanzen mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3150

### **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-3150, 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 myristisäurehaltigem 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  
Dr. U. Stephan  
Aufgabe: Prüfung der Resistenz und agronomischen Leistungsfähigkeit von Haferzuchtstämmen  
Projekt: BAZ-3118

## **Rostock**

Universität Rostock, Agrar- und Umweltwissenschaftliche Fakultät, Institut für Phytomedizin  
Prof. Dr. A. v. Tiedemann  
Aufgabe: Histologische Charakterisierung von Braunrostresistenzgenen bei Roggen  
Projekt: BAZ-3122, BAZ-3140  
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 in der Züchtungsforschung bei Kartoffel und Knoblauch  
Projekt: BAZ-3128, Bilaterale Kooperationsvereinbarung (BMBF)  
Northwest Agricultural University, Yangling, Shaanxi  
Dr. Zhensheng Kang, Dr. Lili Huang  
Aufgabe: Untersuchungen zum Infektionsverhalten von relevanten Pathogenen (*Phytophthora infestans*, Virose) bei der Kartoffel  
Projekt: BAZ-3128, Kooperationsvereinbarung 3.2001



**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: Atherenkultur 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**

Institute of Grassland and Environmental Research, Aberystwyth

H. Roderick

Aufgabe: Identifizierung physiologischer Rassen des Kronenrostes

Projekt: BAZ-3106

**Indien/India**

Central Potato Research Institute, Shimla

Dr. J. Gopal

Aufgabe: Vererbung der Krautfäulerresistenz der Kartoffel

Projekt: BAZ-3114

**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, Kooperationsvereinbarung 93.07

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 Roślin, Choryń  
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, Kooperationsvereinbarung Nr. 131
- St. Petersburg State University, Dept. of Genetics, St. Petersburg  
Dr. A. V. Voylokov  
Aufgabe: Genetische Analyse der gametophytischen 2-Faktor-Inkompabilität bei Roggen  
Projekt: BAZ-3111, BAZ-3137

## **Schweden/Sweden**

- Svalöf Weibull AB, Svalöf  
Frau Dr. E. Gunnarsson, Frau Dr. St. Tuvevsson  
Aufgabe: Entwicklung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen  
Projekt: BAZ-3136

**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 Schwartau**

Pflanzenzucht Dr. h. c. Carsten

E. Eger, Dr. Knopf

Aufgabe: Analyse des Rohstoffes, der Stärkeisolation und -charakteristik, der Verarbeitungseigenschaften und der Auswuchs- und Fusariumresistenz von waxy-Weizen

BAZ-3347

**Bergholz-Rehbrücke**

Deutsches Institut für Ernährungsforschung

Dr. G. Dongowski

Aufgabe: Entwicklung eines Verfahrens zur Herstellung gesundheitsfördernder Produkte auf der Basis neuer Gerstenformen - Physiologische Wirkungen der  $\beta$ -Glucane und der resistenten Stärke

BAZ-3338

Prof. Dr. G. Jacobasch

Aufgabe: Funktionelle Lebensmittel auf der Basis von Kohlenhydratpolymeren mit prä- und probiotischer Wirkung

BAZ-3335

**Berlin**

Dr. Scholvien GmbH & Co, Essenzenfabrik Berlin

Dr. C. Christiansen

Aufgabe: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Projekt: BAZ-3342

**Böhnshausen**

Nordsaat Zuchtstation Gudow-Segrahm

Dr. E. Laubach

Aufgabe: Frostresistenz und Winterhärte von in vitro selektierten Wintergerstenlinien

Projekt: BAZ-3337

Eberswalde

Landesanstalt für Großschutzgebiete Eberswalde

R. Vögel

Aufgabe: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Projekt: BAZ-3342

**Braunschweig**

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft, Institut für Agrarökologie

Prof. H. J. Weigel

Aufgabe: Rheologische Untersuchungen von Stärken und Nichtstärkepolysacchariden von Getreide

BAZ-3338

## **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 Außenstelle Nord, Groß Lüsewitz

Dr. K. Schüler

Aufgabe: Veränderung der Stickstofffraktionen in verschiedenen Teilen der Kartoffelpflanze unter Einwirkung von Trockenstreß

Projekt: BAZ-3336

Dr. K. Schüler

Aufgabe: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Projekt: BAZ-3342

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

Dr. H. Knüpfner

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

## **Grabau**

Pflanzenzucht SAKA G.b.R

Dr. G. Wahle

Aufgabe: Analyse der Futterqualität von Triticalesorten und -stämmen

Projekt: BAZ-3340

## **Groß Lüsewitz**

NORIKA GmbH Groß Lüsewitz

Dr. H. Junghans

Aufgabe: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Projekt: BAZ-3342

## **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

**Hamburg**

Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik  
Prof. Dr. K. Dörffling, Dr. H. Tantau  
Aufgabe: Frostresistenz und Winterhärte von in vitro selektierten Wintergerstenlinien  
Projekt: BAZ-3337

**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: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen  
Projekt: BAZ-3342

**Markranstädt**

Ceresan GmbH  
Dr. R. Schirner  
Aufgabe: Einzelsamencharakteristik - züchtungsrelevante Analyse von Inhaltsstoffen, Farbe, Härte und Image an Getreidekörnern  
BAZ-3341

**Rostock**

Universität Rostock, Fachbereich Physik  
Prof. Dr. C. Schick  
Aufgabe: DSC-rheologische und spektroskopische Untersuchungen an Stärke  
Projekt: BAZ-3338

**Stuttgart-Hohenheim**

Universität Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt  
Dr. E. Bauer  
Aufgabe: Molekulare, genetische und biochemische Analyse zum Auswuchsverhalten von Triticale  
Projekt: BAZ-3340

**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****Dänemark/Denmark**

Carlsberg Research Center, Copenhagen  
Dr. O. Olsen  
Aufgabe: Induktion von Abwehrmechanismen in transgenen Pflanzen zwecks Veränderung der Zellwandstruktur und zur Anhebung des Resistenzniveaus  
Projekt: BAZ-3332

**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-3341

## **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

## **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. Knüpffer  
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

## **Hannover**

Abteilung Angewandte Genetik, Universität Hannover, Th. Engelke  
Aufgabe: Molekulare Bestimmung des Cytoplasma-Typs  
Projekt: BAZ-1342

## **Hedersleben**

Agrargenossenschaft Hedersleben e.G.  
L. Trautmann  
Aufgabe: Durchführung des Demonstrationsexperimentes mit Arzneifenchel als NAN der BAZ  
Projekt: Kultusministerium ST: FKZ 3271A/0020LV

## **Heidelberg**

Julius Wagner GmbH  
A. Schieder  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-1147

## **Kleinmachnow**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz im Gartenbau  
Dr. U. Gärber  
Aufgabe: Entwicklung von Testmethoden zur Bestimmung der Resistenz von Johanniskraut gegenüber *Colletotrichum gloeosporioides* im Forschungsverbund mit der BAZ  
Projekt: FNR: FKZ 00NR026

## **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  
Dr. M. Rauber  
Aufgabe: Männliche Sterilität bei *Allium*  
Projekt: BAZ-1147

**Partner im Ausland/Foreign partners****China**

Yunnan Academy of Agricultural Sciences, The Biotechnology Research Institute, Kunming  
Prof. Li Chengyun  
Aufgabe: Molekularbiologie von Resistenz bei Gemüse  
Projekt: BAZ-1143, Kooperationsvereinbarung 8 (2001/02)

**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: 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

**USA**

University of Wisconsin, Dept. of Horticulture, Madison  
Prof. Dr. M. J. Havey  
Aufgabe: Molekulare Cytoplasma-Analyse bei *Allium*  
Projekt: BAZ-1147

**Institut für Pflanzenanalytik**  
**Institute of Plant Analysis**  
Quedlinburg

**Partner im Inland/German partners****Alt-Möln**

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, Ökotropologie, 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, PD Dr. U. E. Engelhardt  
Aufgabe: Analytische Charakterisierung von *Allium*-Genotypen, Übernahme von Lehrveranstaltungen

## **Calbe**

Agrargenossenschaft Calbe  
R. Tischler  
Aufgabe: Bearbeitung eines gemeinsamen Drittmittelprojektes, Bereitstellung von Untersuchungsmaterial  
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

## **Dresden-Pillnitz**

Genbank Dresden-Pillnitz  
Dr. M. Geibel  
Aufgabe: Evaluierung von *Fragaria*-Wildformen  
Projekt: BAZ-1237

## **Essen**

Universität Essen  
Prof. Dr. B. Schrader  
Aufgabe: Raman-Untersuchungen an pflanzlichem Material

## **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*)  
Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Obst Dresden-Pillnitz  
Dr. M. Geibel (sh. auch Dresden-Pillnitz)  
Aufgabe: Bereitstellung und Charakterisierung von Genotypen für cytologische, sowie resistenzgenetische Untersuchungen bei Obst  
Projekt: BAZ-4130, BAZ-4131

### **Geisenheim**

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Weinanalytik und Getränkeforschung  
Prof. Dr. A. Dietrich, Dr. E. Schöpplein  
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. Krumbein  
Aufgabe: Entwicklung von Schnellmethoden für die Qualitätsanalyse bei Obst und Gemüse  
Projekt: BAZ-1219

### **Halberstadt**

Dehne Food-Consulting KG  
F.-W. Schröter  
Aufgabe: Vorbereitung eines gemeinsamen Forschungsprojektes

### **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

### **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**

Dragoco Gerberding & Co. AG  
Dr. W. Neugebauer, Dr. F. J. Hammerschmidt, G. Lösing  
Aufgabe: Aromaanalytik bei Kartoffeln, Analytische Charakterisierung von Allium-Genotypen, IR-Analytik, Ätherische Öle  
Projekt: BAZ-1213  
Dr. S. Widder  
Aufgabe: Untersuchungen an Erdbeeraroma

### **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

**Magdeburg**

REPHYNA e.V., LUS GmbH  
Dr. L. Lücke, Dr. H. Herzberg, Dr. H. Grahlert  
Aufgabe: Vorbereitung und Bearbeitung gemeinsamer Drittmittel-Projekte

**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 (FKZ: 98NRO53 - Drittmittelprojekt)

**Sinzig**

Zentralinstitut Arzneimittelforschung GmbH  
PD M. Veit  
Aufgabe: Aufbau einer NIRS- Datenbank  
Projekt: BAZ-1227 (FKZ: 98NRO53 - Drittmittelprojekt)  
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

Projekt: BAZ-1227 (FKZ: 98NR053 - Drittmittelprojekt)

### **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 Kopenhagen

Dr. Leif Poll

Aufgabe: Einfluss der Anbaubedingungen auf das Erdbeeraroma

Projekt: BAZ-1237

### **Frankreich/France**

CIREF, Lanxade Prignonrieux

Dr. Ph. Roudeillac

Aufgabe: Erdbeerflavour

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 mit 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)

### **Schweiz/Switzerland**

Bioforce AG, Roggwil

Herr Dr. Furrer

Aufgabe: Charakterisierung von Harpagophytum-Extrakten mittels NIRS

Projekt: BAZ-1227

**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

**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. Jörgen

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  
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

**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, Dr. A. Sohn  
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/Alzey**

Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau  
Fachbereich Rebenzüchtung  
Dr. W. Hofäcker  
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen  
Projekt: BAZ-5101

**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****Australien/Australia**

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Division of Horticulture, Adelaide  
Prof. Dr. B. R. Loveys  
Aufgabe: Erforschung der Trockenresistenz und Weinqualität bei Rebsorten  
Projekt: BAZ-5108  
Waite University, Faculty of Agricultural and Natural Research Sciences, Department of Horticulture  
Viticulture and Oenology, Adelaide  
Dr. P. Dry  
Aufgabe: Erforschung der Ursachen der Trockenresistenz bei Rebsorten  
Projekt: BAZ-5108

**Bulgarien/Bulgaria**

Institute of Viticulture and Enology, Pleven  
Prof. P. Abracheva  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Frankreich/France**

UFR Viticulture, ENSA.M, Montpellier  
Dr. J.-M. Boursiquot  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Griechenland/Greece**

NAGREF Vine Institute, Lykovrissi  
Dora Pitsoli  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126  
National Agricultural Research Foundation, Agricultural Research Center of Makedonia and Thraki Greek  
Gene Bank, Thermi of Thessaloniki  
Dr. A. Mattheou  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Italien/Italy**

Università degli Studi di Udine, Dipartimento di Produzione Vegetale e Technologie Agrarie, Udine  
Dr. E. Peterlunger  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126  
Istituto Agrario di San Michele all' Adige, San Michele all' Adige



Dr. R. Velasco  
Aufgabe: DNA-Sequenzierung  
Projekt: BAZ 5115

**Kroatien/Croatia**

University of Zagreb, Faculty of Agriculture, Zagreb  
Dr. I. Pejic  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Moldawien/Moldavia**

National Institute for Grape and Wine, Kishinev  
Dr. N. Ciutac  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Österreich/Austria**

Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau, Klosterneuburg  
Dr. H. Kaserer  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Portugal**

Estação Vitivinícola Nacional, Dois Porto  
Dr. J. Eiras Dias  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Schweiz/Switzerland**

Station Fédérale de Recherches en Production Végétale de Changins, Pully  
Dr. D. Maigre  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Slowenien/Slovenia**

Biotehniška fakulteta, Ljubljana  
Dr. Zora Korosec-Koruza  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Spanien/Spain**

Junta de Andalucia, Consejeria de Agricultura y Pesca, C.I.F.A. Rancho de la Merced, Jerez de la Frontera  
Prof. A. Garcia de Lujan  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126  
Departamento de Biología Vegetal, Universidad Politecnica de Madrid, E.T.S., Madrid  
Prof. J. Ortiz  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126  
Tschechische Republik/Czech Republic  
Research Station for Viticulture, Karlstein  
Dr. Marta Hubáčková  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Ungarn/Hungary**

FM Zsölézeti és Borászati Kutató, Intézet allomása, Pécs  
Dr. L. Diofasi  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

# X. Veröffentlichungen

## Publications

---

### Wissenschaftliche Beiträge

### Scientific Publications

#### Institut für Zierpflanzenzüchtung

#### Institute of Ornamental Plant Breeding

#### Ahrensburg

- DEBENER, T.: Molecular markers as a tool for analyses of genetic relatedness and selection in ornamentals. In.: Vainstein, A. (Ed.): Breeding for ornamentals: classical and molecular approaches, Dordrecht, Boston, London, Kluwer Academic Publ., 2002, 329-345
- DEBENER, T.; LINDE, M.; KAUFMANN, H.; MATTIESCH, L.: Einsatz molekularer Marker für die Sortenzüchtung bei Rosen. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 95-109
- DOHM, A.; LUDWIG, C.; SCHILLING, D.; DEBENER, T.: Transformation of roses with genes for antifungal proteins to reduce their susceptibility to fungal diseases. Acta Hort. **572**, 2002, 105-111
- GRUNEWALDT, J.: Genetische Vielfalt im Zierpflanzenbau. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 208-214
- HATTENDORF, A.; DEBENER, T.: Nutzung von RGAs zur Identifizierung von Resistenzgenen in Rosen. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 397-400
- LINDE, M.; DEBENER, T.: Markergestützte Kartierung eines Resistenzgens gegen den Echten Mehltau an Rosen (*Podosphaera pannosa*). Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 287-290
- SCHUM, A.; HOFMANN, K.; FELTEN, R.: Fundamentals for integration of somatic hybridization in rose breeding. Acta Hort. **572**, 2002, 29-36
- SÜDBECK, H.; DEBENER, T.; GRUNEWALDT, J.: Neue Strategien für die Dahlienzüchtung. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 39-43

#### Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik

#### Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics

#### Aschersleben

- BERESTETSKI, A.; EHRIG, F.; KASTIRR, U.: Preliminary evaluation of turfgrass (perennial ryegrass and red fescue) cultivars for resistance to red thread disease using artificial infection. Plant Breed. **121** (6), 2002, 493-500
- BERESTETSKI, A.; KASTIRR, U.: Erarbeitung von Methoden zur Selektion von Rasengräsern auf Resistenz gegen die Rotspitzigkeit. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 421-424
- FOMITCHEVA, V. W.; HERRLING, S.; SCHUBERT, J.: Construction and bacterial expression of cDNA clones of BYDV genomic RNA. Phytomedizin **32** (2), 2002, 31-32
- GABLER, J.; PANK, F.: Variation der Anfälligkeit verschiedener Einzelpflanzennachkommenschaften des einjährigen Kümmels (*Carum carvi* L. var. *annuum* hort.) gegenüber der Doldenbräune. Z. Arzn. Gew. Pfl. **7**, 2002, Sonderausg., 262-271

- GABLER, J.: Breeding for resistance research on aromatic and medicinal plants: General situation and current results in annual caraway (*Carum carvi* L. var. *annuum*). J. Herbs, Spices & Medicinal Plants **9** (2/3), 2002, 1-11
- GABLER, J.: Breeding for resistance research on aromatic and medicinal plants: General situation and current results in annual caraway (*Carum carvi* L. var. *annuum*). In: Johnson, C. B.; Chlodwig, F. (Eds.): Breeding research on aromatic and medicinal plants, Binghamton, NY, Haworth Herbal Press, 2002, 1-11
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, T.: Bodenbürtige Viren - eine Gefahr auch für den ökologischen Anbau? Beitr. Züchtungsforsch. **8** (1), 2002, 90-95
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, T.: Diversität bodenbürtiger Getreideviren in Sachsen-Anhalt. Phytomedizin **32** (2), 2002, 21-22
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, T.: Evaluierung von Roggen und Weizen auf Resistenz gegen das Soil-borne cereal mosaic virus (SBCMV) unter kontrollierten Bedingungen. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 263-266
- KASTIRR, U.; PAUL, V.: Untersuchungen zur Krankheitsresistenz in Futtergräsern. In: Workshop Züchtung für den Ökolandbau, 10.-11.06.2002, BSA Hannover, 84-87
- KUSTERER, A.; TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.; KÜHNE, T.: Krankheitsauftreten an Kümmel (*Carum carvi* L.), Fenchel (*Foeniculum vulgare* Mill.) und Dill (*Anethum graveolens* L.) am Standort Aschersleben. Z. Arzn. Gew. Pfl. **7** (3), 2002, 387-391
- NACHTIGALL, M.; SAKER, M.; KOPAHNKE, D.; WALTHER, U.: Entwicklung molekularer Marker bei Gerste gegen pilzliche Schaderreger. Bericht über die Arbeitstagung 2001 der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 20.-22.11.2001, 87-90
- MATTERN, D.; SCHUBERT, J.: Erste Erkenntnisse zur Blattlausbesiedelung transgener Pflanzen. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 104-112
- RABENSTEIN, F.; SEIFERS, D. L.; SCHUBERT, J.; FRENCH, R.; STENGER, D. C.: Phylogenetic relationships, strain diversity and biogeography of tritimoviruses. J. Gen. Virol. **83** (4), 2002, 895-906
- SPAAR, D.; HUTH, W.; RABENSTEIN, F.: Problem of virus disease of cereal crops in Europe (in Russian). Vestnik Zascity Rastenij = Plant Protection News 2002, H. 1, 8-14
- SUBR, Z.; KASTIRR, U.; KÜHNE, T.: Subtractive cloning of DNA from *Polymyxa graminis*- an obligate parasitic plasmodiophorid. J. Phytopathology **150** (10), 2002, 564-568
- SUKHACHEVA, E. A.; FOMITCHEVA, V. W.; EFIMOVA, N. A.; SCHUBERT, J.: Immunodetection *in vivo* of Turnip yellows luteovirus-encoded replicase. Phytomedizin **32** (2), 2002, S. 32

## Institut für Epidemiologie und Resistenz

### Institute of Epidemiology and Resistance

#### Aschersleben

- AFANASENKO, O.; MIRONENKO, N.; FILATOVA, O.; MAKAROVA, I.; KOPAHNKE, D.; KRÄMER, I.: Genetics of host-pathogen interaction in the *Pyrenophora teres* - *Hordeum vulgare* pathosystem. Int. Symposium "Modern problems of cereal resistance to diseases", S. 253
- FRIEDT, W.; PELLIO, B.; WERNER, K.; WEISKORN, C.; KRÄMER, M.; ORDON, F.: Strategies for breeding of durable disease resistance in cereals. Prog. Bot. **64**, 2002, 138-167
- FRIEDT, W.; WEISKORN, C.; SCHEURER, K. S.; HABEKUß, A.; HUTH, W.; ORDON, F.: Barley yellow dwarf virus-Toleranz und markergestützte Züchtungsansätze bei der Gerste. Bericht über die 52. Tagung 2001 der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs BAL Gumpenstein, 20.-22.11.2001, 117-120
- GRIESBACH, E.; OLBRICHT, K.: Resistance to *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* in the genus *Pelargonium*. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. **109** (6), 2002, 553-568

- GRIESBACH, E.; SOTIROVA, V.: Induction of resistance to *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* by pre-inoculation of young tomato plants under field conditions in Bulgaria. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. **109** (3), 2002, 264-278
- HABEKUß, A.; RICHTER, K.; WALTHER, U.; KOPAHNKE, D.; SCHLIEPHAKE, E.; PROESELER, G.: Pathogen and pest collections in the Federal Centre for Breeding Research on cultivated plants. Proc. of the 5th Congress of the European Foundation for Plant Pathology, Biodiversity in Plant Pathology, Taormina, Italien 18.-22.09.2000, S. 56
- JAISER, H.; KOPAHNKE, D.: Möglichkeiten für die Züchtung auf Zwergrostresistenz in der Gerste - Erfahrungen aus Ringtest und Evaluierung der Barley Core Collection. Bericht über die 52. Tagung 2001 der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs BAL Gumpenstein, 20.-22.11.2001, 67-72
- KONISHI, T.; ORDON, F.; FURUSHO, M.: Reactions of barley accessions carrying different rym genes to BaYMV Barley Genet. Newslett. **32**, 2002, 46-48
- KOKORINA, N. M.; MIKHAILOVA, L. A.; KOPAHNKE, D.: The sources of resistance of spring wheat to tan spot (*Pyrenophora tritici-repentis*). Int. Symposium "Modern problems of cereal resistance to diseases", S. 260
- LIND, V.: Zukünftiger Forschungsbedarf bei Weizen zur Verbesserung der Resistenz gegen Pilzpathogene. Vortr. Pflanzenzüchtg. **53**, 2002, 42-48
- MIKHAILOVA, L. A.; KOPAHNKE, D.; KOKORINA, N. M.: The approaches to study of host-pathogen interaction in the wheat - *Pyrenophora tritici-repentis* pathosystem. Int. Symposium "Modern problems of cereal resistance to diseases", S. 262
- MIKHAILOVA, L.; GULTYAEVA, E.; KOPAHNKE, D.: The genetic control of tan spot and spot blotch resistance in Canadian wheat line 181-5. Proc. of the 5th Congress of the European Foundation for Plant Pathology, Biodiversity in Plant Pathology, Taormina, Italien, 18.-22.09.2000, S. 409-410
- MIRONENKO, N.; AFANASENKO, O.; FILATOVA, O.; KOPAHNKE, D.: Genetic analysis of virulence in the *Pyrenophora teres*. Int. Symposium "Modern problems of cereal resistance to diseases", S. 263
- NACHTIGALL, M.; SAKER, M.; KOPAHNKE, D.; WALTHER, U.: Entwicklung molekularer Marker bei Gerste gegen pilzliche Schaderreger. Bericht über die 52. Tagung 2001 der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs BAL Gumpenstein, 20.-22.11.2001, S. 87-90
- PELLIO, B.; PEROVIC, D.; GRANER, A.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Hochauflösende Kartierung des rym5 Resistenzlocus der Gerste. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 279-282
- PROESELER, G.; HABEKUß, A.; KRÄMER, I.; SCHLIEPHAKE, E.; KOPAHNKE, D.; WALTHER, U.; LIND, V.: Evaluierung der genetischen Ressourcen von Gerste und Weizen auf Resistenz gegenüber ausgewählten Schaderregern. Beitr. Züchtungsforsch. **8** (1), 2002, 63-70
- PROESELER, G.; SCHLIEPHAKE, E.: Prof. Dr. habil. Rolf Fritzsche - 75 Jahre. Arch. Phytopathol. Pflanzensch. **35**, 2002, 73-74
- PROESELER, G.; SCHLIEPHAKE, E.; FISCHER, C.: Resistenz von Sorten und Linien des Apfels gegenüber *Aphis pomi*. Erwerbsobstbau **44** (4), 2002, 119-121
- RICHTER, K.; FISCHER, C.: Die Stabilität der Feuerbrandresistenz bei Apfel. Phytomedizin **32** (1), 2002, S. 46
- SCHLIEPHAKE, E.: EXAMINE - eine europäische Datenbank der Blattlausfänge. Mitt. Deut. Phytomed. Ges. **32** (2), 2002, S. 36
- SCHLIEPHAKE, E.; EHRIG, F.: Blattläuse, Thema des Monats, Forschungsportal BMVEL <<http://www.bmvel-forschung.de>>
- SCHLIEPHAKE, E.; HABEKUß, A.; KOPAHNKE, D.; HARRER, S.; BEGEMANN, F.: Pflanzengenetische Ressourcen - Erstellung und Sicherung von Evaluierungsdaten zur Krankheitsresistenz und ihre Nutzung im Rahmen eines nationalen Evaluierungsprogrammes für Getreide. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 36-42
- SIMIONIUC, D.; FRIEDT, W.; UPTMOOR, R.; ORDON, F.: Genetic diversity and relationships of pea cultivars (*Pisum sativum* L.) revealed by RAPDs and AFLPs. Plant Breed. **121**, 2002, 429-435

STOLL, C.; PELLIO, B.; WERNER, K.; UPTMOOR, R.; WAUGH, R.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Genetische Diversität von *Hordeum vulgare* s.l. ermittelt anhand von SSRs. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 239-242

WAGNER, C.; MARQUARD, R.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Molekulare Methoden in der Arzneipflanzenzüchtung am Beispiel der Echten Kamille (*Chamomilla recutita* (L.) Rausch.). Forschungsvereinigung der Arzneimittelhersteller; Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe (Hrsg.): Workshop "Arzneipflanzen als nachwachsende Rohstoffe", 06.-07.03.2002, Bonn, 60-71

WALTHER, U.; KOPAHNKE, D.; KRÄMER, I.; HABEKUß, A.; SCHLIEPHAKE, E.; PROESELER, G.: Sources of resistance in the genus *Hordeum* to important pathogens and pests. Proc. of the 5th Congress of the European Foundation for Plant Pathology, Biodiversity in Plant Pathology, Taormina, Italien 18.-22.09.2000, 417-418

## Genbank Gene Bank Braunschweig

FRESE, L.; HABEKUß, A.: Erschließung pflanzengenetischer Ressourcen für die pflanzliche Produktion. Biologische Vielfalt mit der Land - und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 29-35

FRESE, L.: Combining static and dynamic management of PGR: a case study of Beta genetic resources. In: Engels J. M. M.; Rao V. R.; Brown A. H. D.; Jackson M. T. (Eds.): Managing plant genetic diversity, Rom, IPGRI, 2002, 133-148

FRESE, L.; EFKEN, J.: A case of community-based, traditional on-farm germplasm management in Germany. Plant Genetic Resources Newsl. No. 130, 2002, 73-76

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

DUNEMANN, F.; ILLGNER, R.; STANGE, I.: Transformation of *Rhododendron* with genes for abiotic stress tolerance. Acta Hort. **572**, 2002, 113-120

FISCHER, C.: Blüh- und Befruchtungsverhalten beim Apfel. Erwerbsobstbau **44**, 2002, 33-39

HANKE, V.: Vorstellung des Instituts für Obstzüchtung der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen. Broschüre "80 Jahre gärtnerische Lehre und Forschung in Pillnitz" anlässlich der Festveranstaltung der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft Dresden-Pillnitz

HANKE, V.; GEIDER, K.: A new approach to evaluate fire blight resistance in vitro. Acta Hort. **590**, 2002, 397-399

HANKE, V.; KIM, W. S.; GEIDER, K.: Plant transformation for induction of fire blight resistance: Transgenic apples expressing viral EPS-Depolymerase. Acta Hort. **590**, 2002, 393-395

HÖFER, M.; GOMEZ, A.; AGUIRIANO, E.; MANZANERA, J. A.; BUENO, M. A.: Analysis of simple sequence repeat markers in homozygous lines in apple. Plant Breed. **121** (2), 2002, 159-162

RICHTER, K.; FISCHER, C.: Stability of fire blight in apple. Acta Hort. **590**, 2002, 381-384

SCHUSTER, M.; WOLFRAM, B.: Ergebnisse der Sauerkirschenzüchtung in Dresden-Pillnitz. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 433-436

THIERMANN, M.; FISCHER, C.; DUREL, C. E.; CALENGE, F.; PARISI, L.; DUNEMANN, F.: QTL-Analyse von polygen vererbten Schorf- und Mehlttauresistenzen beim Apfel. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 299-302

URBANIETZ, A.; DUNEMANN, F.: Kartierung und SCAR-Markerentwicklung für das Mehlttauresistenzgen P11 beim Apfel. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 275-278

Institut für landwirtschaftliche Kulturen  
Institute of Agricultural Crops  
Groß Lüsewitz

- ACKERMANN, D.; SONNTAG, K.; SELNER, M.: In-vitro-Vermehrung von Rohstoffpflanzen mit der temporären Immersionstechnik. Proc., NAROSSA, 8. Int. Kongress für Nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, Magdeburg 2002, [CD-ROM]
- BROER, I.; KÖHNE, S.; SONNTAG, K.; NEUMANN, K.: Etablierung eines Systems zur induzierbaren männlichen Sterilität in transgenen Brassica-napus-Linien. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 345-348
- DARSOW, U.: Resistenzzüchtung bei der Kartoffel: Beitrag des genetischen Pflanzenschutzes für einen ökologisch verträglichen Kartoffelanbau. Beitr. Züchtungsforsch. **8** (1), 2002, 110-114
- DARSOW, U.: Phytophthora-Resistenz der Kartoffel - Das Wunschmerkmal für den ökologischen Kartoffelanbau. ForschungsReport 1/2002, 16-19
- DARSOW, U.: Meilensteine in der Züchtung auf Phytophthora-Resistenz der Kartoffel. Geschäftsbericht der GFP 2002, S. 7
- DARSOW, U.: Sortenresistenz gegen Kraut- und Braunfäule. Kartoffelbau **53** (5), 2002, 174-177
- DARSOW, U.: Neues zu *Phytophthora infestans* - Bericht von der dritten GILB-Tagung, Hamburg, Juli 2002. Nachrichtenbl. Deut. Pflanzenschutzd. **54** (11), 2002, 293-294
- DARSOW, U.: Sources of and breeding for relative late blight resistance of potato. In: Khurana, S. M. P.; Shekhawat, G. S.; Singh, B. P.; Pandey, S. K. (Eds.): Potato, global research & development, Indian Potato Association, Shimla, Vol. I, 2000, 561-570
- DARSOW, U.; SCHÜLER, K.; SCHILDE-RENTSCHLER, L.: Genbankherkünfte bei Kartoffeln - Evaluierung der Phytophthora-Resistenz und Nutzung als genetische Ressourcen für die Resistenzzüchtung. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 256-257
- GROENEVELD, I.; RUDLOFF, E.; GRAMENZ, J.; SONNTAG, K.: Erzeugung von züchterisch interessanten Ausgangsformen bei Raps, (*Brassica napus* L.) durch somatische Hybridisierung. Vortr. Pflanzenzücht. **54**, 2002, 497-500
- HACKAUF, B.; WEHLING, P.: Identification of microsatellite polymorphisms in an expressed portion of the rye genome. Plant Breed. **121** (1), 2002, 17-25
- HACKAUF, B.; WEHLING, P.: Development and mapping of SSR markers in rye: map construction. Proc. of the EUCARPIA Rye Meeting 04.-07.07.2001, Radzikow, Poland, 2002, 333-340
- HERRMANN, M.: Close range outcrossing in triticale. Proc. 5th Int. Triticale Symp. Radzikow, Poland, 30.06.-5.07.2002, Vol. II, 2002, 351-355
- HERRMANN, M.: Erschließung genetischer Ressourcen in der Resistenzzüchtung bei Hafer. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 265-266
- HERRMANN, M.; OETTLER, G.; WAHLE, G.; SCHACHSCHNEIDER, R.; SCHINKEL, B.: Ergebnisse zur Evaluierung genetischer Ressourcen bei Triticale. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 267-268
- LELLBACH, H.: Rostresistentes Weidelgras - Voraussetzung für hohe Futterqualität. Beitr. Züchtungsforsch. **8** (1), 2002, 101-105
- LELLBACH, H.; WILLNER, E.: Genetische Ressourcen bei Weidelgräsern - Kronenrostresistenz von Ökotypen in Bezug zum geografischen Ursprung und zu anderen züchterischen Merkmalen. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 286-287

- ROUX, S. R.; MIEDANER, T.; GEIGER, H. H.; KNOPF, E.; WILDE, P.; WORTMANN, H.: Potenzial genetischer Ressourcen für die züchterische Nutzung bei Roggen. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 297-298
- ROUX, S. R.; MIEDANER, T.; GEIGER, H. H.; KNOPF, E.; WILDE, P.; WORTMANN, H.: Combining ability vs. population performance of genetic resources in rye. Proc. EUCARPIA Rye Meeting 04.-07.07.2001, Radzikow, Poland, 2002, 193-195
- ROUX, S. R.; RUGE, B.; WEHLING, P.: Evaluierung und züchterische Erschließung von Genbankherkünften als potenzielle Resistenzressource bei Roggen. Beitr. Züchtungsforsch. **8** (1), 2002, 77-81
- RUGE, B.; LINZ, A.; PROESELER, G.; GREIF, P.; WEHLING, P.: Markergestützte Erschließung von *Hordeum bulbosum* als genetische Ressource für die Züchtung virusresistenter Gerste. Votr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 89-93
- RUGE, B.; LINZ, A.; WEHLING, P.: *Hordeum bulbosum* - ein neuer Resistenzdonor für die Erweiterung der genetischen Diversität in der Kulturgerste. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 299-300
- RUGE, B.; ROUX, S. R.; HACKAUF, B.; WEHLING, P.: Leaf rust resistance in rye: genetic analysis and mapping with molecular markers. Proc. EUCARPIA Rye Meeting, 04.-07.07.2001, Radzikow, Poland, 2002, S. 227
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.; GRAMENZ, J.; WANG, Y.; GROENEVELD, I.: Nutzung biotechnologischer Methoden zur Erweiterung der genetischen Diversität bei Raps (*Brassica napus* L.). Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 306-307
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.; GROENEVELD, I.; WANG, Y.: Untersuchungen zur Gewinnung erucasäurereicher Rapspflanzen (*Brassica napus* L.) für industrielle Anwendungen, NAROSSA, 8. Int. Kongress für nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, 10.-11.06.2002, Magdeburg, [CD-ROM]
- THIEME, R.; DARSOW, U.: Erschließung und Nutzung genetischer Diversität von *Solanum*-Wildarten für die Züchtung gesunder Kartoffeln. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 310-311
- THIEME, R.; THIEME, T.; HEIMBACH, U.; GAVRILENKO, T.: Incorporation and testing of new genetic sources for virus resistance in potato. In: Khurana, S. M. P.; Shekhawat, G. S.; Singh, B. P.; Pandey, S. K. (Eds): Potato, global research & development, Indian Potato Association, Shimla, Vol. I, 2000, 271-278
- WEHLING, P.: Erschließung genetischer Ressourcen mit aktuellen Methoden der Züchtungsforschung zur Erhaltung der biologischen Vielfalt in landwirtschaftlichen Kulturarten. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 43-50
- WEHLING, P.; RUGE, B.; LINZ, A.; PROESELER, G.: *Hordeum bulbosum* - eine neue genetische Ressource für die Züchtung virusresistenter Gerste. Beitr. Züchtungsforsch. **8** (1), 2002, 71-76

## Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität

### Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials

Groß Lüsewitz

- BALKO, C.: Evaluierung genetischer Ressourcen von *Solanum* sp. hinsichtlich der Reaktion auf Trockenstress. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 244-245
- BALKO, C.: Trockentoleranz bei Kartoffeln - Variabilität und indirekte Selektionskriterien. Beitr. Züchtungsforsch. **8** (1), 2002, 115-120
- DONGOWSKI, G.; HUTH, M.; GEBHARDT, E.; FLAMME, W.: Dietary fiber-rich barley products beneficially affect the intestinal tract of rats. J. Nutr. **132** (12), 2002, 3704-3714
- FLAMME, W.; JANSEN, G.; DONGOWSKI, G.; GEBHARDT, E.; JACOBI, A.: Sommer- und Wintergersten mit veränderter Kohlenhydratzusammensetzung als Quelle für diätetische Lebensmittel, Futtermittel und Industrie-Rohstoffe. Beitr. Züchtungsforsch. **8** (1), 2002, 82-89

- FLAMME, W.; JANSEN, G.; JÜRGENS, H.-U.: Near Infrared Spectroscopy (NIR)-spectroscopy, colour measurement and single kernel characterization in rye breeding. Proc. of the EUCARPIA Rye Meeting, 04.-07.07.2001, Radzikow, Polen, 2002, 299-302
- JANSEN, G.; FLAMME, W.: Rheology instrumentation and application to quality breeding of rye. Proc. of the EUCARPIA Rye Meeting, 04.-07.07.2001, Radzikow, Polen, 2002, 311-313
- JANSEN, G.; FLAMME, W.; SCHÜLER, K.; VANDREY, M.: Evaluierung genetischer Ressourcen von Wild- und Kulturkartoffeln hinsichtlich einiger Qualitätsmerkmale. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 273-274
- TANTAU, H.; BALKO, C.; DÖRFFLING, K.; PRASIL, I.; EBERTH, A.; BRETTSCHEIDER, B.: Verbesserung der Frostresistenz von Wintergerste durch In-vitro-Selektion. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 319-322
- TANTAU, H.; BALKO, C.; LESSELICH, G.; EBERTH, A.; DÖRFFLING, K.: Praktische Anwendbarkeit eines In-vitro-Selektionsverfahrens zur Verbesserung der Frostresistenz bei 12 aktuellen Gerstengenotypen. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 315-318
- WEGENER, C. B.: Induction of defence responses against *Erwinia* soft rot by an endogenous pectate lyase in potatoes. Physiol. Molec. Plant Pathol. **60**, 2002, 91-100
- WEGENER, C. B.: Knollennassfäule - Pflanzliche Abwehrmechanismen und ihre Nutzung zur Bekämpfung des Erregers. Kartoffelbau **8**, 2002, 304-307
- WEGENER, C. B.: Transgene Kartoffeln mit verbesserter Nassfäuleresistenz - Erfahrungen aus dem Labor sowie dem Gewächshaus- und Feldanbau. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 163-166
- WEGENER, C. B.: Transgenic potatoes expressing an *Erwinia* pectate lyase gene - Results of a 4-year field experiment. Potato Res. **44**, 2001, 401-410

## Institut für gartenbauliche Kulturen

### Institute of Horticultural Crops

#### Quedlinburg

- BALYAN, H. S.; HOUBEN, A.; AHNE, R.: Karyotype analysis and physical mapping of 18S-5.8S-25S and 5S ribosomal RNA loci in species of genus *Lens* Miller (Fabaceae). Caryologia **55** (2), 2002, 121-128
- BUDAHN, H.; SCHRADER, O.; PETERKA, H.: Entwicklung von Rettich-Raps-Additionslinien zur Übertragung von Resistenzmerkmalen in Raps. Vortr. Pflanzenzüchtung **54**, 2002, 45-51
- HIRSCHFELDER, M.; FÖRSTER, A.; KÜHNE, S.; LANGBEHN, J.; JUNGHANN, W.; PANK, F.; HANRIEDER, D.: Using multivariate statistics to predict sensory quality of marjoram from instrumental data. Sensor. Actuator. B-Chem. **69**, 2000, 404-409
- KLOCKE, E.; LANGBEHN, J.; GREWE, C.; PANK, F.: DNA fingerprinting by RAPD on *Origanum majorana* L. J. Herbs, Spices & Medicinal Plants **9**, 2002, 171-176
- KLOCKE, E.; LANGBEHN, J.; GREWE, C.; PANK, F.: DNA fingerprinting by RAPD on *Origanum majorana* L. In: Johnson, C. B.; Franz, C. (Eds.): Breeding research on aromatic and medicinal plants, The Haworth Herbal Press, Binghamton, USA, 2002, 171-176
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.; CLAUß, E.; SCHUMANN, G.: Resistenz gegen das Kohlschwarzringflecken-Virus (*Turnip mosaic virus*) in *Brassica oleracea*-Primitivformen. Pflanzenschutzberichte **60** (1), 2002, 45-53
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.; RABENSTEIN, F.; SCHUBERT, J.; KECKE, S.: *Turnip mosaic virus* (TuMV) in *Brassica*-vegetables. ISHS-Vegetable Virus Working Group, Annual Newsletter **28**, 2002, 41-43
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RABENSTEIN, F.; KECKE, S.; SCHWARZ, S.; LÖPTIEN, H.: *Turnip mosaic virus* (TuMV) im Weißkohl: Ertragsverlust und Nekrosenbildung. Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtschaft. H. 390, 2002, 505-506



- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.: Field experiment in the Institute of Horticultural Crops of the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ): Evaluation of *Brassica* accessions for resistance to *Turnip mosaic virus* (TuMV) and improvement of resistance to TuMV in white cabbage. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symp., First steps into the new millenium, 12.-17.05.2002 (15.05.2002), Aschersleben, Scientific Excursion, S. 1-5
- LANGBEHN, J.; PANK, F.; NOVAK, J.; FRANZ, CH.: Influence of selection and inbreeding on *Origanum majorana* L. J. Herbs, Spices & Medicinal Plants **9**, 2002, 21-30
- MARTHE, F.; GRIESBACH, E.; RYSCHKA, U.: Erschließung von Resistenz gegen Schwarzadrigkeit (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) bei Kohl (*Brassica oleracea*) aus verwandten Arten der Gattung Brassica. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 509-512
- NOTHNAGEL, T.; FRESE, L.: Individual partner progress report, Technical progress report 2001 CEC Contract no: GenRes-CT99-105. In: Astley, D.: The future of European carrot: A programm to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild species. Technical progress report 2001 - GenRes CT99-105, HRI Wellesbourne, Warwick CV35 9EF, 20-28
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.; SCHOLZE, P.; FRESE L.: Evaluierung von Resistenzquellen gegen *Alternaria dauci* (Kühn) Grov. et Skolko in der Gattung *Daucus* und Untersuchung resistenzgenetischer Grundlagen. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissenssch. Heft 494, 2002, 288-290
- NOVAK, J.; BITSCH, CH.; PANK, F.; LANGBEHN, J.; FRANZ, CH.: Distribution of the cis-sabinene hydate acetate chemotype in accessions of marjoram (*Origanum majorana* L.). Euphytica **127**, 2002, 69-74
- NOVAK, J.; JUNGHANN, W.; BLÜTHNER, W. D.; MARCHART, R.; VENDER, C.; VAN NIEKERK, L.; PANK, F.; LANGBEHN, J.; FRANZ, CH.: Combining ability of *Origanum majorana* L. hybrids: Sensorial quality. J. Herbs, Spices & Medicinal Plants **9**, 2002, 13-20
- NOVAK, J.; LANGBEHN, J.; PANK, F.; FRANZ, CH.: Essential oil compounds in a historical sample of marjoram (*Origanum majorana* L., *Lamiaceae*). Flavour Frag. J. **17**, 2002, 175-180
- PANK, F.: Aktueller Stand der Arznei- und Gewürzpflanzenzüchtung und Ableitung des Bedarfes in den Bereichen Züchtungsforschung und Züchtung. Z. Arzn. Gew. Pfl. **7** (4), 2002, 406-415
- PANK, F.: Ziele und Ergebnisse aktueller Projekte der Arznei- und Gewürzpflanzenzüchtung. Z. Arzn. Gew. Pfl. **7**, 2002, Sonderausg., 226-236
- PANK, F.; HEINE, H.: Aktueller Stand der Sortenschutzerteilung bei Arznei- und Gewürzpflanzen in Deutschland und in der EU. Z. Arzn. Gew. Pfl. **7** (2), 2002, 310-314
- PANK, F.; STEINHOFF, B.: Johanniskraut - Turbulenzen und Kontinuität. Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (4), 2001, S. 181
- PANK, F.; VENDER, C.; VAN NIEKERK, L.; JUNGHANN, W.; LANGBEHN, J.; BLÜTHNER, W. D.; NOVAK, J.; FRANZ, CH.: Combining ability of *Origanum majorana* L. strains - Agronomical traits and essential oil content: Results of the field experiment series in 1999. J. Herbs, Spices & Medicinal Plants **9**, 2002, 31-38
- PETERKA, H.; BUDAHN, H.; SCHRADER, O.; HAVEY, M. J.: Transfer of a male-sterility-inducing cytoplasm from onion to leek (*Allium ampeloprasum*). Theor. Appl. Genet. **105** (2/3), 2002, 173-181
- RADCHUK, V. V.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.: Genetic transformation of cauliflower (*Brassica oleracea* var. *botrytis*) by direct DNA uptake into mesophyll protoplasts. Physiol. Plant. **114**, 2002, 429-438
- SCHNEIDER, E.; PANK, F.; KOBALL, G.; FOLTYS DE GARCIA, E.; DEHE, M.; BLÜTHNER, W. D.: Einfluss von Genotyp und Umwelt auf die Cadmiumaufnahme des Johanniskrautes (*Hypericum perforatum* L.). Z. Arzn. Gew. Pfl. **7** (2), 2002, 329-335
- SCHOLZE, P.: In-vitro-Konidienkeimfähigkeit und Aggressivitätsunterschiede bei *Alternaria brassicicola*-Isolaten auf Gemüse-Brassicaceen (*Brassica oleracea* L.). Pflanzenschutzberichte **60**, 2002, 105-113
- SCHOLZE, P.; MALORNY, M.; DIPPE, R.: A comparative study of reaction to clubroot (*Plasmodiophora brassicae* Wor.) by inoculating plants with single races or a race mixture. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. **109** (3), 2002, 217-226

SCHOLZE, P.; PANK, F.; FOLTYS DE GARCIA, E.; BLÜTHNER, W. D.; DEHE, M.; SCHNEIDER, E.: Bewertung der Anfälligkeit von Johanniskraut (*Hypericum perforatum* L.) gegenüber der Johanniskrautwelke (*Colletotrichum cf. gloeosporioides*). Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (4), 2001, 209-215

SCHRADER, O.; AHNE, R.; ZHAO, H.; BUDAHN, H.; PETERKA, H.: Hohe Karyotypvariabilität in somatischen Nachkommenschaften von zwei Allium-Bastarden. Vortr. Pflanzenzüchtg. **54**, 2002, 381-384

## Institut für Pflanzenanalytik Institute of Plant Analysis Quedlinburg

COLDITZ, D.; NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.: Variation des Gehaltes an Alkaloiden im Schlafmohn, *Papaver somniferum* L. Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft, Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494, 2002, 254-255

FALLIK, E.; SHARON, A.-T.; HOREV, B.; COPEL, A.; RODOV, V.; AHARONI, Y.; ULRICH, D.; SCHULZ, H.: Characterisation of "Galia" melon aroma by GC and mass spectrometric sensor measurements after prolonged storage. Postharvest Biol. Technol. **22**, 2001, 85-91

HEINE, H.; EGER, H.; KRÜGER, H.: Qualität und Ertrag von Thymiansorten (*Thymus vulgaris* L.). Z. Arzn. Gew. Pfl. **7**, 2002, Sonderausg., 272-277

HOBERG, E.; ULRICH, D.; KRÜGER, E.; SCHÖPPLEIN, E.: Effect of irrigation on strawberry flavour quality. Acta Hort. **567**, 2002, 735-738

KEUSGEN, M.; SCHULZ, H.; GLODEK, J.; KREST, I.; KRÜGER, H.; HERCHERT, N.; KELLER, J.: Characterization of some *Allium* hybrids by aroma precursors, aroma profiles, and alliinase activity. J. Agric. Food Chem. **50**, 2002, 2884-2890

KRÜGER, H.; WETZEL, S. B.; ZEIGER, B.: The chemical variability of ocimum species. J. Herbs, Spices & Medicinal Plants **9** (4), 2002, 335-344

KRÜGER, H.; WETZEL, S. B.; ZEIGER, B.: The chemical variability of ocimum species. In: Johnson, Ch. B.; Franz, C. (Eds.): Breeding research on aromatic and medicinal plants, The Haworth Herbal Press, an imprint of The Haworth Press, Inc., 2002, 335-344

QUILITZSCH, R.; SCHULZ, H.: Quantitative Bestimmungen an Kamillenölen, Sonnenhutwurzeln und Rosmarinblättern mit einem portablen ATR-IR-Spektrometer. Z. Arzn. Gew. Pfl. **7**, 2002, Sonderausg., 85-90

QUILITZSCH, R.; SCHÜTZE, W.; HOBERG, E.: Application of NIR and MIR spectrometry for prediction of firmness and chemical components in selected vegetables and fruit. Proc. 5th Int. Conf. on Food Physics, 30.05.-01.06.2002, Mendel University of Agriculture and Forestry, Brno, Tschechien, 83-86

SCHULZ, H.: Schnelle Bestimmung wertgebender Schwefelkomponenten in ausgewählten *Allium*-Wildtypen und -zuchtformen. Tagungsband der XXXVI. Vortragstagung der DGQ (Pflanzliche Nahrungsmittel) e. V., 19.-20.03.2001, Jena, 67-75

SCHULZ, H.: NIR-Spektroskopie: Qualität von Heil- und Gewürzpflanzen bestimmen. Gemüse **8**, 2002, 23-24

SCHULZ, H.; KRÜGER, H.: Rapid SPME-GC analysis of volatile secondary metabolites in various wild species of the genus *Allium*. J. Herbs, Spices & Medicinal Plants **9**, 2002, 205-210

SCHULZ, H.; KRÜGER, H.: Rapid SPME-GC analysis of volatile secondary metabolites in various wild species of the genus *Allium*. In: Johnson, Ch. B.; Franz, C. (Eds.): Breeding research on aromatic and medicinal plants, The Haworth Herbal Press, an imprint of The Haworth Press, Inc., 2002, 205-210

SCHULZ, H.; PFEFFER, S.; QUILITZSCH, R.; STEUER, B.; REIF, K.: Rapid and non-destructive determination of the echinacoside content in *Echinacea* roots by ATR-IR and NIR spectroscopy. Planta Med. **68** (10), 2002, 926-929

SCHULZ, H.; QUILITZSCH, R.: Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe in pflanzlichen Drogen mittels Diamant-ATR-IR-Spektroskopie. GIT Labor-Fachzeitschrift **46** (9), 2002, 964-967

- SCHULZ, H.; QUILITZSCH, R.; FEUSTEL, M.: Inhaltsstoffe in pflanzlichen Drogen mittels ATR-IR-Spektroskopie bestimmen. *LaborPraxis* **26**, 2002, 40-43
- SCHULZ, H.; SCHRADER, B.; QUILITZSCH, R.; STEUER, B.: Quantitative analysis of various citrus oils by ATR/FT-IR and NIR-FT Raman spectroscopy. *Appl. Spectrosc.* **56**, 2002, 117-124
- SCHULZ, H.; STEUER, B.; PFEFFER, S.; KRÜGER, H.: Potential of near infrared spectroscopy for supporting breeding and cultivation of medicinal and spice plants. *NIR news* **13** (6), 2002, 10-11
- SCHÖPPLEIN, E.; KRÜGER, E.; RECHNER, A.; HOBERG, E.: Analytical and sensory quality of strawberry cultivars. *Acta Hort.* **567**, 2002, 805-808
- STRAKA, P.; COLDITZ, D.; NOTHNAGEL, T.: Der Schlafmohn, *Papaver somniferum* L.: Möglichkeiten für den Wiederaufbau einer alten Kulturart. *Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft. Schriftenreihe des BMVEL, Reihe A: Angew. Wissensch. Heft 494*, 2002, 308-309
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: A genetic map of *Papaver somniferum* L. based on molecular and morphological markers. *J. Herbs, Spices & Medicinal Plants* **9** (2/3), 2002, 235-241
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: A genetic map of *Papaver somniferum* L. based on molecular and morphological markers. In: Johnson, Ch. B.; Franz, C. (Eds.): *Breeding research on aromatic and medicinal plants*, The Haworth Herbal Press, an imprint of The Haworth Press, Inc., 2002, 235-241
- ULRICH, D.; HOBERG, E.: Flavour analysis in asparagus breeding. *Acta Hort.* **589**, 2002, 281-285
- WETZEL, S. B.; KRÜGER, H.; HAMMER, K.; BACHMANN, K.: Investigations on morphological, biochemical and molecular variability of *Ocimum* L. species. *J. Herbs, Spices & Plants* **9** (2/3), 2002, 183-187
- WETZEL, S. B.; KRÜGER, H.; HAMMER, K.; BACHMANN, K.: Investigations on morphological, biochemical and molecular variability of *Ocimum* L. species. In: Johnson, Ch. B.; Franz, C. (Eds.): *Breeding research on aromatic and medicinal plants*, The Haworth Herbal Press, an imprint of The Haworth Press Inc., 2002, 183-187

## Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof Siebeldingen

- DETTWEILER, E.: Europäisches Netzwerk für die Erhaltung und Charakterisierung der rebengenetischen Ressourcen. *Deut. Weinbau-Jahrbuch* **53**, 2002, 203-210
- DETTWEILER, E.: Final meeting of GenRes project on grapevine genetic resources. *IPGRI Newsletter for Europe*, No. **23**, 2002, 4
- DETTWEILER, E.; SCHUMANN, F.: Sorten- und Herkunftsbewusstsein bei Wein. *IBV Schriften zu den genetischen Ressourcen* **17**, 2002, 77-88
- DIEFENBACH, J.; TÖPFER, R.; HAUSMANN, L.: Identification of three members of a wax synthase gene family in *Vitis vinifera* (VvWS-1). *GenBank Acc.-No.* AY174865
- DIEFENBACH, J.; TÖPFER, R.; HAUSMANN, L.: Identification of three members of a wax synthase gene family in *Vitis vinifera* (VvWS-2). *GenBank Acc.-No.* AY174866
- DIEFENBACH, J.; TÖPFER, R.; HAUSMANN, L.: Identification of three members of a wax synthase gene family in *Vitis vinifera* (VvWS-3). *GenBank Acc.-No.* AY174867
- DÜRING, H.; DAVTYN, A.: Developmental changes of primary processes of photosynthesis in sun- and shade-adapted berries of two grapevine cultivars. *Vitis* **41** (2), 2002, 63-67
- FISCHER, B.: Molekulare Kartierung der Weinrebe und QTL-Analyse agronomisch wertvoller Merkmale. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* **54**, 2002, 227-230
- TÖPFER, R.; EIBACH, R.: Rebenzüchtung für eine ökologischere Weinbergsbewirtschaftung. *Beitr. Züchtungsforsch.* **8** (1), 2002, 55-62

WERNER, S.; STEINER, U.; BECHER, R.; KORTEKAMP, A.; ZYPRIAN, E.; DEISING, H. B.: Chitin synthesis during in planta growth and asexual propagation of the cellulosic oomycete and obligate biotrophic grapevine pathogen *Plasmopara viticola*. FEMS Microbiol. Lett. **208** (2), 2002, 169-173

## Vorträge/Poster Lectures/Posters

### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

- DEBENER, T.: Genetic and molecular analyses of gene interactions in rose pathosystems. Plant and Animal Genome Conference X, 11.-16.01.2002, San Diego, USA, Vortrag
- DEBENER, T.: Die Entstehung von Pflanzenkrankheiten und wie Pflanzen sich gegen Pilze wehren. Verein Jordsand, 14.02.2002, Ahrensburg, Vortrag
- DEBENER, T.: Wechselwirkungen zwischen pilzlichen Krankheitserregern und Wirtspflanzen. Jahrestagung der deutschen Sektion der CIOPORA, 22.02.2002, Hannover, Vortrag
- DEBENER, T.: Verwendung von molekularen Markern zur Sortenzüchtung bei Rosen. GPZ-Tagung, 27.02.-01.03.2002, Suttgart-Hohenheim, Vortrag
- DEBENER, T.: Konventionelle und biotechnologische Methoden in der gartenbaulichen Züchtungsforschung: Ergänzung oder Widerspruch?, 06.03.2002, Quedlinburg, Vortrag
- DEBENER, T.: Genetic and molecular analyses in horticulturally important traits in roses. 04.04.2002, INRA Frejus, Frankreich, Vortrag
- DEBENER, T.: Genetic analysis of powdery mildew resistance in roses. 05.04.2002, INRA Frejus, Frankreich, Vortrag
- DEBENER, T.: Neue Strategien zur Resistenzzüchtung bei Rosen. 03.06.2002, Universität Rostock, Vortrag
- DEBENER, T.: Untersuchungen über das Ausmaß von Genfluß von Kulturrosenbeständen in benachbarte Bestände. BMBF Projekttagung, 20.06.2002, Universität Freiburg, Vortrag
- DEBENER, T.: Herstellung, Nutzung und Analyse transgener Rosen. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, Tagung, 08.10.2002, Ahrensburg, Vortrag
- DEBENER, T.: Genomanalyse bei Rosen: Aktueller Stand und zukünftige Perspektiven. Seminar, 06.11.2002, Universität Halle, Vortrag
- DEBENER, T.; DOHM, A.; MARSCHKE, J.: Analyses of transgene stability in the rose genome. Plant and Animal Genome Conference X, 11.-16.01.2002, San Diego, USA, Poster
- DEBENER, T.; LINDE, M.; KAUFMANN, H.: Charakterisierung von Resistenzgenen gegen Mehltau und Sternrußtau. Jahrestagung der GPZ, 02.10.2002, Berlin, Vortrag
- DEBENER, T.; LINDE, M.; KAUFMANN, H.: Genetische und molekulare Charakterisierung von Resistenzgenen gegen Mehltau und Sternrußtau bei Rosen. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, Tagung, 07.10.2002, Ahrensburg, Vortrag
- DEBENER, T.; LINDE, M.; KAUFMANN, H.; DOHM, A.: Utilisation of molecular tools for rose genetics and breeding. 15. Jahrestagung der ISHS, 11.-16.08.2002, Toronto, Kanada, Vortrag.
- DOHM, A.; LUDWIG, C.; SCHILLING, D.; DEBENER, T.: Transformation of roses with genes for antifungal proteins. Plant and Animal Genome Conference X, 11.-16.01.2002, San Diego, USA, Poster
- KAUFMANN, H.; MATTIESCH, L.; DEBENER, T.: High resolution mapping of a rose blackspot resistance locus. Plant and Animal Genome Conference X, 11.-16.01.2002, San Diego, USA, Poster

- LINDE, M.; DEBENER, T.: Markergestützte Kartierung eines Resistenzgenes gegen den Echten Mehltau an Rosen (*P. pannosa*). GPZ-Tagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim und GPZ-Tagung, 16.-17.09.2002, Freising, Poster
- MERKT, B.; KRIEGER, S.; DUNEMANN, F.: Untersuchungen zum Genfluß bei Rhododendron unter Verwendung der Mikrosatellitenmethode. Arbeitstagung AG Molekulare Marker der GPZ, 16.-17.09.2002, Weihenstephan, Poster
- PREIL, W.; SCHUM, A.; GUSICK, C.; SEEHAUS, H.: Kompakte Tibouchina durch mehrfache Röntgenbestrahlung - Ein Beitrag zur Reduzierung des Hemmstoffeinsatzes. 38. Weihenstephaner Zierpflanzentag "Beet- und Balkonpflanzen - Hemmstoff und Alternativen", 11.04.2002, Freising, Poster
- SCHUM, A.; HOFMANN, K.; FELTEN, R.; SCHNEIDEREIT, M.: Protoplast culture for introgression of traits from wild species into cultivated roses. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.10.2002, Ahrensburg, Poster
- SÜDBECK, H.: Neue Strategien für die Dahlienzüchtung, GPZ-Tagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Vortrag

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

- BAKARDJIEVA, N.; KRASTEVA, C.; HABEKUß, A.; RABENSTEIN, F.: Detection of cereal viruses and study of aphid population in Bulgaria, VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster
- BARCHEND, G.: Erste Ergebnisse zur Ätiologie von Blattflecken am Feldsalat, GFP-Tagung, 06.11.2002, Bonn, Vortrag
- BARCHEND, G.: New aspects of resistance research on cultivated plants. 9th Ascherslebener Symposium, 15.-16.11.2001, Aschersleben, Vortrag
- BERESTETSKI, A.; KASTIRR, U.: Erarbeitung von Methoden zur Selektion von Rasengräsern auf Resistenz gegen die Rotspitzigkeit, 6. GPZ-Tagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster
- EHRIG, F.: Der Einsatz der ESEM-Technik in der Biologie: Beispiele aus der Pflanzenforschung. Kolloquium, 21.03.2002, Bundesanstalt für Materialforschung und -prüfung, Berlin, Vortrag
- FOMITCHEVA, V. W.; HERRLING, S.; SCHUBERT, J.: Construction and bacterial expression of cDNA clones of BYDV genomic RNA. Deut. Phytopathologische Gesellschaft, Arbeitskreis Virologie, 18.-19.03.2002, Berlin, Poster
- FOMITCHEVA, V. W.; SCHUBERT, J.; HABEKUß, A.: Complete nucleotide sequence of the genomic RNA of the German BYDV-PAV isolate Aschersleben-1. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster
- GABLER, J.; PANK, F.: Varianten der Anfälligkeit verschiedener Einzelpflanzennachkommenschaften des einjährigen Kümmels (*Carum carvi* L. var. *annuum*) gegenüber der Doldenbräune, 53. Deutsche Pflanzenschutztagung, 16.-19.09.2002, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Poster
- JÄRVEKÜLG, L.; PAALME, V.; VILLEMSON, S.; HUNT, R.; EHRIG, F.; RABENSTEIN, F.: Characterization of Pepino mosaic virus isolated from imported tomato fruits. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben und XIIth Int. Congress of Virology, 27.07.-01.08.2002, Paris, Frankreich, Poster
- KASTIRR, U.: Arbeiten zur Epidemiologie von bodenbürtigen Viren und Evaluierung von Roggen auf Resistenz gegen diese Viren. Roggenstatusseminar, 06.03.2002, Saaten-Union, Isenbogen, Vortrag
- KASTIRR, U.; BERESTETSKI, A.: Evaluation of turf grass (perennial ryegrass and red fescue) for resistance to red thread disease using artificial infection. 24th EUCARPIA Fodder Crops and Amenity Grasses Section Meeting, 22.-26.09.2002, Braunschweig, Poster
- KASTIRR, U.; KÜHNE, T.: Epidemiologie of Soil-borne cereal mosaic virus in Germany. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster

- KASTIRR, U.; KÜHNE, T.; RABENSTEIN, F.: Investigation of epidemiology of Soil-borne cereal mosaic virus in Saxony-Anhalt, The 5th Symposium of the IWGPVFFV, 22.-25.07.2002, Zürich, Schweiz, Poster
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, T.: Investigation of epidemiology of Soil-borne cereal mosaic virus in Saxony-Anhalt. 53. Deutsche Pflanzenschutztagung, 16.-19.09.2002, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Poster
- KUSTERER, A.: Welkeerkrankungen an Dill - Ursachen und Erkennung. Anwenderseminar, 30.01.2002, Landesanstalt für Landwirtschaft u. Gartenbau des Landes Sachsen-Anhalt, Bernburg, Vortrag
- KUSTERER, A.: Untersuchungen zu Krankheitserregern an Dill - Aktuelle Ergebnisse. Doktorandenseminar, 31.01.2002, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Vortrag
- KUSTERER, A.; GABLER, J.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, T.: Virusresistenz bei Dill. 6. GPZ-Tagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster
- KUSTERER, A.; RABENSTEIN, F.; GABLER, J.; KÜHNE, T.: Occurrence of *Apium* potyvirus Y and carrot red leaf luteovirus (CRLV) in dill and other umbelliferous plant species. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster
- KUSTERER, A.; TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.; KÜHNE, T.: Krankheitsauftreten an Kümmel, Fenchel und Dill am Standort Aschersleben. 12. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzen, 06.-07.02.2002, Bernburg, Vortrag
- KÜHNE, T.: Molekulargenetische Analyse des Barley mild mosaic virus. Kolloquium Phytomedizin, Wintersemester 2001/2002, 16.01.2002, Georg-August-Universität Göttingen, Vortrag
- KÜHNE, T.: Zur Bedeutung von Getreideviren im Ökolandbau. Workshop Züchtung für Ökolandbau, 10.-11.06.2002, Hannover, Vortrag
- KÜHNE, T.; PROESELER, G.: RNA1 determines the ability of Barley yellow mosaic virus 2 to overcome the *rye4* resistance gene in barley. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Vortrag
- KÜHNE, T.; PROESELER, G.: RNA1 determines the ability of BaYMV2 to overcome the *rym4* resistance gene in barley. 5. Int. Symposium zu Pflanzenviren mit pilzlichen Vektoren, 22.-25.07.2002, Zürich, Schweiz, Vortrag
- NACHTIGALL, M.: Einsatz molekularer Marker in der Pflanzenzüchtung. 5. GPZ-Saatzuchttechniker-Seminar, 19.-20.02.2002, Quedlinburg, Vortrag
- RABENSTEIN, F.: Serologische Nachweistechiken in der Pathogendiagnostik als Grundlage für die Entwicklung effizienter Resistenzprüfmethoden. 5. GPZ-Saatzuchttechniker Seminar, 19.02.2002, Quedlinburg, Vortrag
- RABENSTEIN, F.: Gallmilbenübertragbare Gramineenviren. Wiss. Kolloquium "Von der Vektorenforschung zur Resistenzzüchtung", 19.05.2002, Aschersleben, Vortrag
- RABENSTEIN, F.: Viren an Öl- und Eiweißpflanzen. Workshop "Züchtung für den Ökolandbau, 10.06.2002, Bundessortenamt Hannover, Vortrag
- RABENSTEIN, F.: Serologische Differenzierung der bodenbürtigen Getreideviren Soil-borne cereal mosaic virus und Soil-borne wheat mosaic virus. GFP-Jahrestagung, 05.-07.11.2002, Bonn, Vortrag
- REISS, E.: Defense-related proteins in barley: the acidic thaumatin-like proteins. EUCARPIA Tagung, 21.-25.11.2002, Salsomaggiore, Italien, Poster
- RUMBERGER, M.; EHRIG, F.; LENTZSCH, P.; MÜNZENBERGER, B.; HÜTTL, R. F.: Diversity and function of ectomycorrhiza during transformation of forests. 7th Int. Mycological Congress, 11.-17.08.2002, Oslo, Norwegen, Poster
- SUKHACHEVA, E. A.; FOMITCHEVA, V. W.; EFIMOVA, N. A.; SCHUBERT, J.: Immunodetection *in vivo* of *Turnip yellows luteovirus*-encoded replicase. Deut. Phytopathologische Gesellschaft, Arbeitskreis Virologie, 18.-19.03.2002, Berlin, Poster
- SUKHACHEVA, E. A.; FOMITCHEVA, V. W.; EFIMOVA, N. A.; SCHUBERT, J.: Monoclonal antibodies to RNA-dependent RNA-polymerase of *Turnip yellows luteovirus*. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster

- SCHUBERT, J.: Gentechnisch erzeugte PVY-Resistenz von Kartoffeln - Stabilität und Sicherheitsaspekte beim Anbau im Freiland. Kolloquium Pflanzenzüchtung/Pflanzenschutz, 22.05.2002, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Vortrag
- SCHUBERT, J.: Bedeutung von Virose im ökologischen Anbau von Kartoffeln. Workshop Züchtung für Ökolandbau, 10.-11.06.2002, Hannover, Vortrag
- SCHUBERT, J.; ELLENBERG, K.: Zur Bedeutung von Kartoffelviren im ökologischen Landbau. Öko-Workshop, 10.06.2002, Hannover, Vortrag
- SCHUBERT, J.; HABEKUß, A.; RABENSTEIN, F.: Distribution of different forms of WDV in cereals in Germany. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster
- SCHUBERT, J.; HABEKUß, A.; RABENSTEIN, F.: Investigation of differences between wheat and barley forms of wheat dwarf virus and their distribution in host plants. EFPP 2002, 10.09.2002, Prag, Tschechien, Vortrag
- SCHUBERT, J.; HABEKUß, A.; RABENSTEIN, F.: Distribution of different forms of Wheat dwarf virus in cereals in Germany. 53. Deutsche Pflanzenschutztagung, 16.-19.09.2002, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Poster
- SCHUBERT, J.; MATTERN, D.; MATOUSEK, J.: Pathogen derived resistance of potato to Potato virus Y - aspects of stability, VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Vortrag
- SCHUBERT, J.; RABENSTEIN, F.: Über den NTN-Stamm des PVY. Gesellschaft für Pflanzenzüchtung, 20.-21.11.02, Göttingen, Vortrag
- STANIULIS, J.; RABENSTEIN, F.: Isolation of Tobacco necrosis virus from plum trees infected by Plum pox potyvirus. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster

## Institut für Epidemiologie und Resistenz

### Institute of Epidemiology and Resistance

Aschersleben

- BARBIER, A.; STEYER, S.; HABEKUß, A.; SCHLIEPHAKE, E.; PROESELER, G.; GREIF, P.; STRENG, S.; GROßER, J.; SCHINKEL, B.; JAISER, H.; JESTIN, L.; KNÜPFER, H.: Evaluation of the European Barley genetic resources for their resistance/tolerance to viruses (BYDV, BaMMV, BaYMV-1 and -2). EUCARPIA Cereal Section Meeting, 21.-25.11.2002, Salsomaggiore, Italien, Poster
- ENNEKING, D.; SCHLIEPHAKE, E.; KNÜPFER, H.: Enhancing the practical value of barley genetic resources in Europe through evaluation and documentation. EUCARPIA Cereal Section Meeting, 21.-25.11.2002, Salsomaggiore, Italien, Vortrag
- FRIEDT, W.; SCHEURER, K.; WEISKORN, C.; ORDON, F.: Barley Yellow Dwarf Virus-Toleranz und markergestützte Züchtungsansätze bei der Gerste. 53. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 26.-28.11.2002, Gumpenstein, Österreich, Vortrag
- HABEKUß, A.: Das Weizenverzweigungsvirus in Deutschland - Bedeutung, Diagnose und Resistenz. 5. GPZ-Saatguttechniker-Seminar, 20.02.2002, Quedlinburg, Vortrag
- HABEKUß, A.: Zum Auftreten der Gerstengelverzweigung in Mitteldeutschland. 53. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 26.-28.11.2002, Gumpenstein, Österreich, Vortrag
- HABEKUß, A.; SCHLIEPHAKE, E.: Importance of BYDV and its vectors in central Germany. Symposium "Barley Yellow Dwarf Disease: Recent advances and future strategies", CIMMYT, 01.-05.09.2002, Mexiko City, Mexiko, Vortrag
- HABEKUß, A.; SCHLIEPHAKE, E.; LEISTNER, H.-U.: Transmission of Barley yellow dwarf luteovirus (BYDV-PAV) and Cereal yellow dwarf polerovirus (CYDV-RPV) by different Rhopalosiphum padi genotypes. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster

- JAISER, H.; KOPAHNKE, D.: Möglichkeiten für die Züchtung auf Zwergrostresistenz in der Gerste - Erfahrungen aus Ringtest und Evaluierung der Barley Core Collection (35'). 52. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 20.-22.11.2001, St. Pölten, Österreich, Vortrag
- KRÄMER, I.: Development of RAPD markers associated with avirulence gene in *Pyrenophora teres f. teres*, Int. workshop "Modern problems of cereals resistance to diseases and pests", 06.07.2002, St. Petersburg, Russland, Poster
- KRÄMER, I.; HABEKUß, A.; DRAGAVTSEVA, E.; PROESELER, G.; PICKERING, R.: Genetic analysis of resistance to barley yellow mosaic virus in a Japanese barley accession. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster
- KUSTERER, A.: Welkeerkrankungen an Dill. Vorlesung, 2. Semester Phytomedizin an der Fachhochschule Erfurt, 23.05.2002, Erfurt, Vortrag
- KUSTERER, A.: EVA II - Nationales Evaluierungsprogramm pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide. GFP-Jahrestagung, 06.-07.11.2002, Bonn, Poster
- LIND, V.: Zukünftiger Forschungsbedarf bei Weizen zur Verbesserung der Resistenz gegen Pilzpathogene. GFP-Workshop, 30.-31.01.2002, Bonn, Vortrag
- LIND, V.: Situation und Bedeutung der Resistenzzüchtung im ökologischen Landbau. Workshop "Züchtung für den Ökolandbau", 10.-11.06.2002, Bundessortenamt Hannover, Vortrag
- LIND, V.: Pilzkrankheiten bei Weizen: Genetische Grundlagen der Resistenz und Virulenzstrukturen in den Pathogenpopulationen. Vavilov-Seminar, 20.11.2002, IPK Gatersleben, Vortrag
- ORDON, F.: Molekulare Züchtung auf Virusresistenz bei der Gerste (*Hordeum vulgare* L.). Einladung zum Vortrag in der Abteilung Angewandte Genetik der Universität Hannover, 16.12.2002, Hannover, Vortrag
- ORDON, F.; FRIEDT, W.; SCHEURER, K.; PELLIO, B.; WERNER, K.; WEISKORN, C.; NEUHAUS, G.; HUTH, W.; HABEKUß, A.; GRANER, A.: Marker based strategies for resistance breeding to viruses (BaMMV, BaYMV-2, BYDV) in barley (*H. vulgare* L.). EUCARPIA Cereal Section, From Biodiversity to Genomics: Breeding Strategies for Small Grain Cereals in the Third Millennium, 21.-25.11.2002, Salsomaggiore, Italien, Vortrag
- ORDON, F.; SCHEURER, K.; PELLIO, B.; WERNER, K.; WEISKORN, C.; NEUHAUS, G.; FRIEDT, W.; GRANER, A.: Genetic resources and molecular markers in breeding for virus resistance in barley. 6th Gatersleben Research Conference, 07.-11.03.2002, Meisdorf, Poster
- ORDON, F.; SCHEURER, K.; PELLIO, B.; WERNER, K.; WEISKORN, C.; NEUHAUS, G.; HUTH, W.; HABEKUß, A.; GRANER, A.; FRIEDT, W.: Molecular breeding for virus resistance in barley (*Hordeum vulgare* L.). VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster
- PELLIO, B.; PEROVIC, D.; GRANER, A.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: High-resolution mapping of rym5 conferring resistance to soil-borne viruses (BaMMV, BaYMV and BaYMV-2) in barley. Plant-GEMs, 29.09.-02.10.2002, Berlin, Poster
- PEROVIC, D.; PELLIO, B.; ORDON, F.; STEIN, N.; GRANER, A.: SNP occurrence around the Rym4, Rym5 locus in barley. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster
- PROESELER, G.: Evaluierung der genetischen Ressourcen von Gerste und Weizen auf Resistenz gegenüber ausgewählten Schaderregern. Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 23.01.2002, Halle, Vortrag
- RICHTER, K.: Der Beitrag der Obstzüchtung für die Bekämpfung wichtiger Schaderreger. Verabschiedung Frau Professor Ch. Fischer, 05.06.2002, BAZ, Institut für Obstzüchtung Dresden, Vortrag
- RICHTER, K.; FISCHER, C.: Die Stabilität der Feuerbrandresistenz bei Apfel. 6. GPZ-Tagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster
- RIEMER, H. M.; SCHLIEPHAKE, E.; FRESE, L.; HARRER, S.: Deutsches Netzwerk für die Evaluierung von Getreide auf Krankheitsresistenz (EVA II), Symposium "Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?", 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Poster



- SCHLIEPHAKE, E.: EXAMINE - eine europäische Datenbank der Blattlaussaugfallenfänge. Tagung Arbeitskreis Populationsdynamik und Epidemiologie, 13.-14.03.2002, Halle, Vortrag
- SCHLIEPHAKE, E.: Aphid behaviour and virus transmission. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium: First steps into the new millennium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Vortrag
- SCHLIEPHAKE, E.: Erfassung von Evaluierungsdaten zur Krankheitsresistenz. 53. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 26.-28.11.2002, Gumpenstein, Österreich, Vortrag
- SCHLIEPHAKE, E.; HABEKUß, A.: Influence of temperature on the transmission of BYDV and CYDV by apterous *Rhopalosiphum padi*. Symposium "Barley Yellow Dwarf Disease: Recent advances and future strategies", CIM-MYT, 01.-05.09.2002, Mexiko City, Mexiko, Poster
- STEIN, N.; PEROVIC, D.; ORDON, F.; KELLER, B.; GRANER, A.: Map based cloning in the Triticeae genomes: case studies of wheat and barley. Int. Triticeae Mapping Initiative, 01.-04.06.2002, Winipeg, Kanada, Vortrag
- WAGNER, C.; MARQUARD, R.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Molekulare Methoden in der Arzneipflanzenzüchtung am Beispiel der Echten Kamille (*Chamomilla recutita* (L.) Rausch.). Workshop Arzneipflanzen als nachwachsende Rohstoffe, 06.-07.03.2002, Bonn, Vortrag
- WERNER, K.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Marker assisted pyramiding of resistance genes against the barley yellow mosaic virus complex (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2). Plant, Animal & Microbe Genomes X, 12.-16.01.2002, San Diego, USA, Poster

## Genbank

### Gene Bank

### Braunschweig

- FRESE, L.: Bilaterale, europäische und internationale Zusammenarbeit am Beispiel Beta. Koordination des ECP/GR-Prozesses in der Bundesrepublik Deutschland, 06.06.2002, Quedlinburg, Vortrag
- GERMEIER, C.: Der ökologische Landbau, naturwissenschaftliche, historische und rechtliche Grundlagen. Rotary Club, 30.01.2002, Quedlinburg, Vortrag
- GERMEIER, C.: Identification of duplicates, rationalization of collections and implementation of a database concept of sharing of responsibilities. Working group on Beta and World Beta Network, second joint meeting, 23.-26.10.2002, Bologna, Italien, Vortrag
- GERMEIER, C.: The International Database for Beta: Characterization and evaluation data. Working group on Beta and World Beta Network, second joint meeting, 23.-26.10.2002, Bologna, Italien, Vortrag

## Institut für Obstzüchtung

### Institute of Fruit Breeding

### Dresden

- BOUDICHEVSKAIA, A.: Development of DNA markers for *Vr* conferring resistance to apple scab. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.-09.10.2002, Ahrensburg, Vortrag
- DUNEMANN, F.: Molekulare Marker - bereit für die Nutzung im Selektionsprozess. Tagung des Arbeitskreises Züchtung der Fachgruppe Obstbau im Bundesfachausschuss Obst und Gemüse, 09.-10.09.2002, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- DUNEMANN, F.: Molekulare Charakterisierung dauerhafter Pilzresistenz beim Apfel, Kartierung von QTL und Resistenzgenanalogen. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.-09.10.2002, Ahrensburg, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.: Etablierung männlicher Sterilität und Parthenokarpie in transgenen Kulturapfelsorten zur Verhinderung eines vertikalen Gentransfers auf Wild- und Kulturapfel. Treffen Verbundprojekt "Transgene Gehölze", 20.-21.06.2002, Freiburg und Pflanzenzüchterisches Kolloquium, 04.12.2002, Halle-Wittenberg., Vortrag

- GEIDER, K.; BOGS, J.; SPINELLI, F.; RADEMACHER, W.; HANKE, V.: Ausbreitung markierter *Erwinia amylovora*-Stämme in behandelten Apfelsämlingen. Treffen der AG Phytobakteriologie der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft, 05.-06.09.2002, Ladenburg, Vortrag
- HANKE, V.: Züchterische Möglichkeiten einer Insektenresistenz beim Apfel. Fachtagung "Innovation und Trends der Apfelwicklerkontrolle mittels Granulovieren", 11.04.2002, Neustadt an der Weinstraße, Vortrag
- HANKE, V.: Chancen und Risiken der Grünen Gentechnik. Sitzung der Mitglieder des Landesvorstandes der Land-Union im Freistaat Sachsen des Sächsischen Landtages, 03.06.2002, Institut für Obstzüchtung Dresden-Pillnitz, Vortrag
- HANKE, V.: Vorstellung und Aufgaben des Institutes für Obstzüchtung der Bundesanstalt für Züchtungsforschung. Fortbildungsveranstaltung für Kleingarten-Fachberater, 15.07.2002, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- HANKE, V.: Gedanken zur deutschen Apfelsortenzüchtung. Beratung zur Situation der deutschen Apfelsortenzüchtung, 01.08.2002, Obstbauversuchsanstalt Jork, Vortrag
- HANKE, V.: Obstzüchtung im Institut für Obstzüchtung Dresden-Pillnitz der BAZ. Tagung des Arbeitskreises Züchtung der Fachgruppe Obstbau im Bundesfachausschuss Obst und Gemüse, 09.-10.09.2002, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- HANKE, V.: Transgene Apfelgehölze - bereit für die Resistenzprüfung. Tagung des Arbeitskreises Züchtung der Fachgruppe Obstbau im Bundesfachausschuss Obst und Gemüse, 09.-10.09.2002, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- HANKE, V.: Gentechnische Forschung am Institut für Obstzüchtung der BAZ. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.-09.10.2002, Ahrensburg, Vortrag
- HANKE, V.; GEIDER, K.: A new approach to evaluate fire blight resistance in vitro. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.-09.10.2002, Ahrensburg, Poster
- HANKE, V.; GEIDER, K.; RICHTER, K.: Transgenic apple plants expressing viral EPS-Depolymerase: evaluation of resistance to the phytopathogenic bacterium *Erwinia amylovora*. 10th IAPTC&B-Congress "Plant Biotechnology 2002 and Beyond", 23.-28.06.2002, Orlando, USA, Vortrag
- HANKE, V.; RICHTER, K.; GEIDER, K.: Gentechnische Züchtung feuerbrandresistenter Apfelsorten und -unterlagen. Treffen der AG "Phytobakteriologie" der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft, 05.-06.09.2002, Ladenburg, Poster
- HÖFER, M.; GOMEZ, A.; AGUIRIANO, E.; MANZANERA, J. A.; BUENO, M. A.: The use of microsatellites to investigate the zygosity state of apple plants obtained by methods of haploid induction. 10th IAPTC&B-Congress "Plant Biotechnology 2002 and Beyond", 23.-28.06.2002, Orlando, USA, Poster
- HÖFER, M.; TOURAEV, A.; HEBERLE-BORS, E.: *In vitro* androgenesis in apple. 10th IAPTC-Congress "Plant Biotechnology 2002 and Beyond", 23.-28.06.2002, Orlando, USA, Poster
- JAKSCHICK, O.; FLACHOWSKY, H.; BLEY, T.; HANKE, V.: Etablierung männlicher Sterilität bei Apfel mittels Agrobacterium-vermittelten Gentransfers. Seminar, 27.05.2002, TU Dresden, Vortrag und Poster
- JAKSCHICK, O.; FLACHOWSKY, H.; BLEY, T.; HANKE, V.: Etablierung männlicher Sterilität bei Apfel mittels Agrobacterium-vermittelten Gentransfers. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.-09.10.2002, Ahrensburg, Poster
- LESEMANN, S.; DUNEMANN, F.: Determining population variation of apple mildew at the molecular level. Treffen zum EU-Projekt "SMADIA", 15.-18.05.2002, Budapest, Ungarn, Vortrag
- MERKT, B.; KRIEGER, S.; DUNEMANN, F.: Untersuchungen zum Genfluss bei Rhododendron unter Verwendung der Mikrosatellitenmethode. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.- 09.10.2002, Ahrensburg, Poster
- OLBRICHT, K.: Neustart Erdbeerzüchtung am Institut für Obstzüchtung Dresden-Pillnitz, Bundesarbeitstagung für Fachberater im Beerenobst. Bildungsstätte des Deutschen Gartenbaues, 18.-20.12.2002, Grünberg, Vortrag

- SCHUSTER, M.: Bericht zum 4. Int. Cherry Symposium 2001 und zum Kirschenanbau in den USA. Kolloquium Obstbauberatungsring Saaleobst, 19.03.2002, Hohnstädt, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Kirschenanbau im Wandel der Zeit - aus Sicht der Züchtung. Deutsch-tschechisches Kirschenseminar des Landschaftspflegeverband "Oberes Vogtland", 05.07.2002, Eulabrunn, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Zuchtklone aus der Kirschenzüchtung - bereit für die Prüfung in der obstbaulichen Praxis. Tagung des Arbeitskreises Züchtung der Fachgruppe Obstbau im Bundesfachausschuss Obst und Gemüse, 09.-10.09.2002, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Untersuchungen zur Resistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz, *Blumeriella jaapii* (Rehm) Arx, bei Kirschen. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.-09.10.2002, Ahrensburg, Poster
- SCHUSTER, M.: Untersuchungen zur Zusammensetzung des Genoms der Sauerkirsche, *Prunus cerasus* L.. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.-09.10.2002, Ahrensburg, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Untersuchungen zur Resistenz gegenüber dem Erreger der Sprühfleckenkrankheit, *Blumeriella jaapii*, bei Kirsche. 28. Bundes-Steinobstseminar, 03.-05.12.2002, Bad Neuenahr-Ahrweiler, Vortrag
- SCHUSTER, M.; WOLFRAM, B.: Ergebnisse der Sauerkirschenzüchtung in Dresden-Pillnitz. 6. GPZ-Tagung , 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster
- THIERMANN, M.; FISCHER, C.; DUREL, C. E.; CALENGE, F.; PARISI, L.; DUNEMANN, F.: QTL-Analyse von polygen vererbten Schorf- und Mehlttauresistenzen beim Apfel. 6. GPZ-Vortragstagung, 27.02.-01.03.2002, Hohenheim, Poster
- URBANIETZ, A.; DUNEMANN, F.: Kartierung und SCAR-Markerentwicklung für das Mehlttauresistenzgen P11 beim Apfel. 6. GPZ-Vortragstagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster

## Institut für landwirtschaftliche Kulturen

### Institute of Agricultural Crops

#### Groß Lüsewitz

- ACKERMANN, D.; SONNTAG, K.; SELLNER, M.: In-vitro-Vermehrung von Rohstoffpflanzen mit der temporären Immersionstechnik. NAROSSA, 8. Int. Kongress für Nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, 10.-11.06.2002, Magdeburg, Vortrag
- ACKERMANN, D.; SONNTAG, K.; SELLNER, M.: Untersuchungen zur In-vitro-Vermehrung von Rohstoffpflanzen mit der temporären Immersionstechnik. NAROSSA, 8. Int. Kongress für Nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, 10.-11.06.2002, Magdeburg, Poster
- AURORI, C. M.; RAKOSY-TICAN, L.; THIEME, R.; AURORI, A.: *Agrobacterium tumefaciens* mediated transformation of *Solanum tuberosum* 2n and 4n genotypes - the usefulness of gfp reporter gene. EAPR-Tagung "Potatoes Today and Tomorrow", 14.-19.07.2002, Hamburg, Poster
- BRINGEZU, T.: Aktueller Stand des GABI-Resistenzgenprojekts bei Getreide und Gräsern. Roggen-Statusseminar, 06.03.2002, Isernhagen, Vortrag
- BROER, I.; KÖHNE, S.; SONNTAG, K.; NEUMANN, K.: Etablierung eines Systems zur induzierbaren männlichen Sterilität in transgenen *Brassica-napus*-Linien. 6. Tagung der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V. (GPZ) "Vom Genom zur Sorte" 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster
- DARSOW, U.: Resistenzzüchtung bei der Kartoffel unter besonderer Berücksichtigung des Ökoanbaus. Workshop "Züchtung für den Ökolandbau" des BMVEL 10.-11.06.2002, Hannover, Vortrag
- DARSOW, U.: Experiments in assessment for tuber blight resistance (*Phytophthora infestans*). Global Conf. on Late Blight: Managing the Global Threat, GILB, 11.-13.07.2002, Hamburg, Poster
- DARSOW, U.: Systematic prebreeding of potato for late blight resistance on tetraploid and diploid level. 15th Triennial Conf. of the European Association for Potato Research (EAPR), 16.07.2002, Hamburg, Vortrag

- DARSOW, U.: Ergebnisse in der Kombination von relativer Kraut- und Braunfäuleresistenz mit verbessertem Stärkegehalt und mittelfrüher Reifezeit zum Kartoffel-Basismaterial der BAZ. Jahrestagung der GFP, Zwischenbericht zum Verbundprojekt Stärke, 06.11.2002, Bonn, Vortrag
- DARSOW, U.: Rückblick auf die GILB-Tagung in Hamburg, 11.-13.07.2002. Wintertagung der AG für Kartoffelzüchtung und Pflanzguterzeugung der GPZ, 20.11.2002, Göttingen, Vortrag
- DARSOW, U.: Bewertung der relativen Krautfäuleresistenz (*Phytophthora infestans*) in der Feldprüfung in Abhängigkeit von der Reifezeit. Wintertagung der AG für Pflanzenzüchtung und Pflanzguterzeugung der GPZ, 21.11.2002 Göttingen, Poster
- DARSOW, U.; SCHÜLER, K.; SCHILDE-RENTSCHLER, L.: Late blight resistance of potato species and its introduction in potato breeding. 15th Triennial Conf. of the European Association for Potato Research (EAPR), 14.-19.07.2002, Hamburg, Poster
- GAVRILENKO, T.; ROKKA, V.-M.; THIEME, R.: Intergenomic chromosome pairing in the allodiploid *Solanum etuberosum* - tomato hybrids: an assessment through GISH. EAPR-Tagung "Potatoes Today and Tomorrow", 14.-19.07.2002, Hamburg, Poster
- GAVRILENKO, T.; THIEME, R.; ROKKA, V.-M.; ANTONOVA, O.; THIEME, T.: Transfer of diseases resistance from wild species of the genus *Solanum* to potato through somatic hybridisation. Int. Symp. "Biotechnology approaches for Exploitation and Preservation of Plant Resources", 26.-31.05.2002, Yalta, Ukraine, Vortrag
- GROENEVELD, I.; RUDLOFF, E.; GRAMENZ, J.; SONNTAG, K.: Erzeugung von züchterisch interessanten Ausgangsformen bei Raps, (*Brassica napus* L.) durch somatische Hybridisierung. 6. Tagung der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V. (GPZ) "Vom Genom zur Sorte", 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster
- GROENEVELD, I.; RUDLOFF, E.; GRAMENZ, J.; SONNTAG, K.: Somatic hybridization of *Brassica napus* L. with selected Brassicaceae for the improvement of the fatty acid composition. 10th IAPTC & B Congress "Plant Biotechnology 2002 and Beyond", 23.-28.06.2002, Orlando, USA, Poster
- HACKAUF, B.: Aktueller Stand der Züchtungsforschung bei Roggen am Institut für landwirtschaftliche Kulturen, BAZ-Groß Lüsewitz. Roggen-Statusseminar, 06.03.2002, Isernhagen, Vortrag
- HACKAUF, B.; WEHLING, P.: Merkmalsbezogene Markerentwicklung im Roggen auf Grundlage der Syntänie zum Reis. Tagung der AG Molekulare Marker, 16.-17.09.2002, Freising, Vortrag
- HERRMANN, M.: Untersuchung europäischer Hafer Sorten auf Resistenz gegenüber Haferflugbrand (*Ustilago avenae*). Workshop "Chancen einer Resistenzzüchtung gegen Brandpilze im ökologischen Landbau", 12.12.2002, Universität Stuttgart-Hohenheim, Vortrag
- HERRMANN, M.: Close-range outcrossing in triticale. 5th Int. Triticale Symp., 30.06.-05.07.2002, Radzikow, Polen, Poster
- HERRMANN, M.: Evaluierung von Hafer- und Triticaleakzessionen und Möglichkeiten zur Erweiterung der genetischen Variabilität. Vavilov-Seminar des IPK Gatersleben, 24.07.2002, Gatersleben, Vortrag
- LELLBACH, H.: Erkennung von Rostkrankheiten bei Weidelgräsern. GFP-Seminar zur Erkennung von Rostkrankheiten, 04.07.2002, Malchow/Poel, Vortrag
- LELLBACH, H.: In situ test for resistance to crown rust in *Lolium* sp. 24th EUCARPIA Fodder Crops and Amenity Grasses Meeting, 23.-27.09.2002, Braunschweig, Poster
- RAKOSY-TICAN, L.; AURORI, C. M.; THIEME, R.: In vitro culture and *Agrobacterium*-mediated transformation of *Solanum chacoense* and *S. verrucosum*, species resistant to *Phytophthora infestans*. Global Initiative on Late Blight (GILB) Conf. 2002, 11.-13.07.2002, Hamburg, Poster
- RUDD, S. A. G.; WEHLING, P.; MEWES, H.-W.; MAYER, K. F. X.; HACKAUF, B.: The characterisation and annotation of transcribed sequences (sputniks) from the rye genome. Plant, Animal & Microbe Genomes X Conf. 12.-16.01.2002, San Diego, CA, USA, Poster
- RUDLOFF, E.; SONNTAG, K.; WANG, Y.: Biotechnological approaches for changing the oil quality in rapeseed (*Brassica napus* L.). 5th European Symp. Industrial Crops and Products, 24.-26.04.2002, Floriade, Amsterdam, Niederlande, Poster

- RUGE, B.: *Hordeum bulbosum* - eine neue genetische Ressource für die Züchtung virusresistenter Gerste. Züchter-Kolloquium 14.02.2002, Bergen-Wohlde, Vortrag
- RUGE, B.; LINZ, A.; GAUE, I.; BAUDIS, H.; LECKBAND, G.: Molecular characterization of cytoplasmic male sterility in perennial ryegrass. 24th EUCARPIA Fodder Crops and Amenity Grasses Meeting, 22.-26.09.2002, Braunschweig, Vortrag
- RUGE, B.; LINZ, A.; LINZ, B.; PICKERING, R.; WEHLING, P.: Molekulare Charakterisierung von 6HS-Introgressionen aus *Hordeum bulbosum*. Tagung der AG Molekulare Marker, 16.-17.09.2002, Freising, Poster
- RUGE, B.; LINZ, A.; PICKERING, R.; PROESELER, G.; WEHLING, P.: Markergestützte Erschließung von *Hordeum bulbosum* als genetische Ressource für die Züchtung virusresistenter Gerste. 6. GPZ-Tagung "Vom Genom zur Sorte", 27.02.-02.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Vortrag
- SELLNER, M.; ACKERMANN, D.; SONNTAG, K.: Temporary immersion technique for in vitro culturing of plants. Int. Conf. and Industrial Exhib. "BioCon Valley 2002", 12.-14.09.2002, Rostock, Vortrag
- SONNTAG, K.: Factors affecting transformation of *Brassica napus* using *Agrobacterium tumefaciens*: genotype and *Agrobacterium* strain. 10th IAPTC & B Congr. "Plant Biotechnology 2002 and Beyond" 23.-28.06.2002, Orlando, USA, Poster
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.; GROENEVELD, I.; WANG, Y.: Untersuchungen zur Gewinnung erucasäurereicher Rapspflanzen (*Brassica napus* L.) für industrielle Anwendungen. NAROSSA, 8. Int. Kongress für Nachwachsende Rohstoffe und Pflanzenbiotechnologie, 10.-11.06.2002, Magdeburg, Poster
- THIEME, R.: Somatic hybridization - on useful tool for increasing genetic diversity in *Solanum* for breeding potatoes. Besuch im Rahmen der bilateralen Kooperation, BMVEL, BMBF, 27.05.2002, Yongling Shaanxi, China, Vortrag
- THIEME, R.: Presentation of assignment and research tasks at the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants and the Institute of Agricultural Crops Groß Lüsewitz. Besuch im Rahmen der bilateralen Kooperation, BMVEL, BMBF, 27.05.2002, Yangling, Shaanxi China, Vortrag
- THIEME, R.: Use of biotechnological methods in potato breeding and long-term storage of genbank material. Besuch im Rahmen der bilateralen Kooperation, BMVEL, BMBF, 29.05.2002, Yangling, Shaanxi China, Vortrag
- THIEME, R.; GAVRILENKO, T.; HEIMBACH, U.; THIEME, T.: Development and utilisation of genetic diversity in *Solanum* for breeding potatoes. 15th Triennial Conf. of the EAPR, 14.-19.07.2002, Hamburg, Vortrag
- THIEME, R.; HEIMBACH, U.; THIEME, T.: Response of wild and cultivated potatoes, somatic hybrids and progenies to PVY transmitted artificially and by vectors. VIII. Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster
- WEHLING, P.: Entwicklung und Anwendung molekularer Marker in der Pflanzenzüchtung. Tagung des Ausschusses Getreideforschung der AG Getreide, Detmold, 11.09.2002, Quedlinburg, Vortrag
- WEHLING, P.: Neue Wege in der Pflanzenzüchtung. Tag der Agrarwissenschaften, 12.09.2002, Mühlengiez, Vortrag
- WEHLING, P.: Roggen im europäischen Forschungsraum aus Sicht der Züchtungsforschung. Tagung "Roggen im europäischen Forschungsraum - Aktivitäten in Deutschland", 16.10.2002, IGV Institut für Getreideverarbeitung GmbH, Bergholz-Rehbrücke, Vortrag
- WEHLING, P.: Groß Lüsewitz - Centre for breeding research on agricultural plants in Mecklenburg-West Pomerania. Polish-German Business Forum 'Biotechnology - Science goes Business', 27.11.2002, Greifswald, Vortrag
- WEHLING, P.; HACKAUF, B.: Molecular characterization of self-incompatibility in rye. Pflanzenzüchterisches Kolloquium, Institut für Pflanzenbau u. Pflanzenzüchtung, Universität Kiel, 10.07.2002, Kiel, Vortrag
- WEHLING, P.; LINZ, B.: Structural and functional comparison of disease resistance genes between rye and other plants. 2. Statusseminar GABI, 20.02.2002, Bonn, Vortrag
- WEHLING, P.; HACKAUF, B.: Development and mapping of SSR markers in rye. 2. Statusseminar GABI, 20.02.2002, Bonn, Vortrag

WEHLING, P.; HACKAUF, B.: Forschungsperspektiven zur Genomanalyse bei Roggen im Rahmen von GABI 2. Kolloquium "Die Zukunft von GABI aus der Sicht der Züchtung", 10.04.2002, Göttingen, Vortrag

WEHLING, P.; RUGE, B.; ROUX, S. R.: Breeding research on rye in Germany. EU/ICC-Cereal Conference "Implementation of the European Research Area", 06.-08.03.2002, Wien, Österreich, Poster

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

BALKO, C.: Frostresistenz und Winterhärte von in vitro-selektierten Wintergerstenlinien. GFP-Sommertagung, 25.06.2002, Schwäbisch Hall, Vortrag

BALKO, C.; TANTAU, H.; DÖRFFLING, K.; PRASIL, I.; EBERTH, A.; BRETTSCHEIDER, B.: Verbesserung der Frostresistenz von Wintergerste durch In-vitro-Selektion. GPZ-Tagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster

DONGOWSKI, G.; GEBHARDT, E.; HUTH, M.; FLAMME, W.: Herstellung, funktionelle Eigenschaften und ernährungsphysiologische Wirkungen ballaststoffreicher Produkte aus Gerste. 9. Innovationstag der AiF "Wirtschaftsmacht Forschung", 03.06.2002, Berlin, Poster

DONGOWSKI, G.; HUTH, M.; GEBHARDT, E.; FLAMME, W.: Evaluation of physiological effects of barley extrudates in vivo. EU/ICC-Cereal Conference "Implementation of the European Research Area", 06.-08.03.2002, Wien, Österreich, Vortrag

FLAMME, W.: Qualitätsanalyse von Getreide mit Schwerpunkt Roggen. Pflanzenzüchterisches Kolloquium, 17.06.2002, Halle, Vortrag

FLAMME, W.; JANSEN, G.: Gewicht, Durchmesser und Härte von Weizen-, Roggen- und Triticalekörnern aktueller Sorten, DGQ-Tagung, 04.-05.03.2002, Hannover, Poster

JANSEN, G.; FLAMME, W.: Getreide- und Stärkeanalytik mit züchtungsrelevanten rheologischen Methoden, DGQ-Tagung, 04.-05.03.2002, Hannover, Poster

JANSEN, G.; FLAMME, W.: Untersuchung zur Farbstoffderivation aus Kulturkartoffelstämmen (*Solanum tuberosum* Genpool) und Prüfung der wirtschaftlichen Nutzbarmachung darin enthaltener Farbpigmente: Charakterisierung des Genbankmaterials aus Anbauversuchen 2002, Verbundtreffen, 12.12.2002, Groß Lüsewitz, Vortrag

JÜRGENS, H.-U.; FLAMME, W.; JANSEN, G.: Content, composition and characteristics of pentosans (arabinoxylans) in rye grain. DGQ-Tagung, 04.-05.03.2002, Hannover, Poster

SEDDIG, S.; SCHMIDT, R.; FLAMME, W.: Bestimmung der Aktivität stärkeabbauender Enzyme im Getreide, DGQ-Tagung, 04.-05.03.2002, Hannover, Poster

TANTAU, H.; BALKO, C.; LESSELICH, G.; EBERTH, A.; DÖRFFLING, K.: Praktische Anwendbarkeit eines In-vitro-Selektionsverfahrens zur Verbesserung der Frostresistenz bei 12 aktuellen Gerstengenotypen. GPZ-Tagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster

WEGENER, C. B.: A transgen mediated soft rot resistance in potatoes in comparison with traditional cultivars and breeding clones. EAPR-Dreijahrestagung, 14.-19.07.2002, Hamburg, Poster

WEGENER, C. B.: Activation of defence responses in potatoes by an endogenous pectate lyase - Results of a 4-year field experiment. EAPR-Dreijahrestagung, 14.-19.07.2002, Hamburg, Vortrag

WEGENER, C. B.: Improved disease resistance in genetically modified potatoes. Int. Conference Biosystems, Biotechnology, Bioengineering, 14.09.2002, Rostock, Vortrag

WEGENER, C. B.: Transgene Kartoffeln mit verbesserter Nassfäuleresistenz - Erfahrungen aus dem Labor sowie dem Gewächshaus- und Feldanbau. GPZ-Tagung "Vom Genom zur Sorte", 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Vortrag

Institut für gartenbauliche Kulturen  
Institute of Horticultural Crops  
Quedlinburg

- BUDAHN, H.; SCHRADER, O.; PETERKA, H.: Entwicklung von Rettich-Raps-Additionslinien zur Übertragung von Resistenzmerkmalen in Raps. 6. GPZ-Vortragstagung "Vom Genom zur Sorte", 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Vortrag
- BUDAHN, H.; SCHRADER, O.; PETERKA, H.: Transfer of a new resistance trait into rape using a series of radish-rape addition lines. Seminar Biotechnology Research Institute Yunnan Acad. Agric. Sci., 12.04.2002, Kunming, China, Vortrag
- BUDAHN, H.; SCHRADER, O.; PETERKA, H.: Use of molecular methods in an interspecific *Raphanobrassica* hybridization programme. Alpine Economic Plant Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, 15.04.2002, Lijian, China, Vortrag
- KÄSTNER, U.; PANK, F.: Verbundprojekt "Entwicklung von Basismaterial des Johanniskrautes (*Hypericum perforatum* L.) und seine Verwendung zur Merkmalsübertragung bei der Züchtung welkeresistenter Sorten": Ergebnisse der Teilaufgaben der BAZ. Tagung der Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e. V., 11.-12.11.2002, Bonn, Vortrag
- KLOCKE, E.: Molecular markers in plant breeding. Seminar der Deutschen Stiftung für internationale Entwicklung, "Organization and management of formal and informal seed programmes", 10.07.2002, Quedlinburg, Vortrag
- KLOCKE, E.: Molekulare Marker - Wunschtraum oder Werkzeug für die praktische Pflanzenzüchtung. Tagung des Arbeitskreises Deutsche In-vitro-Kulturen, AG "In-vitro-Züchtung", 13.-14.11.2002, Forschungsanstalt Geisenheim, Vortrag
- KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.: Molecular methods in plant breeding and breeding research. 2nd German-Vietnamese Workshop on Genetic Engineering and Bioinformatics, 16.-27.09.2002, Hanoi, Vietnam, Vortrag
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; KLOCKE, E.; SCHUBERT, J.; RABENSTEIN, F.; SCHUMANN, G.: Lines of cabbage with new resistance to *Turnip mosaic virus*. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, First steps into the new millennium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Poster
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RABENSTEIN, F.; KECKE, S.; LÖPTIEN, H.: Blattnekrosen an Weißkohl (*Brassica oleracea* var. *capitata*), Resistenzkolloquium GZG Marne, 04.-05.12.2002, Marne, Vortrag
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RABENSTEIN, F.; KECKE, S.; SCHWARZ, S.; LÖPTIEN, H.: *Turnip mosaic virus* (TuMV) im Weißkohl: Ertragsverlust und Nekrosenbildung. 53. Deutsche Pflanzenschutztagung, 16.-19.09.2002, Bonn, Poster
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.: Field experiment in the Institute of Horticultural Crops of the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ): Evaluation of Brassica accessions for resistance to *Turnip mosaic virus* (TuMV) and improvement of resistance to TuMV in white cabbage. VIIIth Int. Plant Virus Epidemiology Symposium, First steps into the new millennium, 12.-17.05.2002, Aschersleben, Vortrag
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUBERT, J.; EHRIG, F.; RABENSTEIN, F.; SCHUMANN, G.: Resistance to *Turnip mosaic virus* in cabbage. 6th Conference of European Foundation for Plant Pathology (EFPP), Disease resistance in plant pathology, Czech Society for Plant Pathology and EFPP, 08.-14.09.2002, Prag, Tschechien, Vortrag
- KRÄMER, R.; SCHUBERT, J.; EHRIG, F.: Comparison of *Turnip mosaic virus* isolates from *Brassicaceae* by biological, molecular and cytological methods. First Joint Conference of the Int. Working Group on Legume Viruses and Vegetable Viruses: Vegetable and Legume Virus Research for the New Millenium, Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft und BBA Braunschweig, 04.-09.08.2002, Bonn, Poster
- MARTHE, F.; GRIESBACH, E.; RYSCHKA, U.: Erschließung von Resistenz gegen Schwarzadrigkeit (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) bei Kohl (*Brassica oleracea*) aus verwandten Arten der Gattung Brassica, 6. GPZ-Tagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster

- MARTHE, F.; SCHOLZE, P.; GRIESBACH, E.; RYSCHKA, U.: New resistances to black rot (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*), clubroot (*Plasmodiophora brassicae*), blackleg and leaf spots (*Phoma lingam*) from genus *Brassica* to enhance resistance in cabbage (*Brassica oleracea*). 13th Crucifer Genetics Workshop, 23.-26.03.2002, Davis, CA, USA, Poster
- MEWES, S.: Untersuchungen zur *Alternaria*-Resistenz verschiedener interspezifischer Hybriden im Tribus *Brassicae*, Kolloquium Freie Universität Berlin, Institut für Angewandte Genetik, 11.11.2002, Berlin, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.: Evaluation of carrot gene bank accessions for resistance against *Alternaria dauci*. 29th Int. Carrot Conference, 10.-13.02.2002, Bakersfield, CA, USA, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.: Breeding research on carrot *Daucus carota* L. Beijing Vegetable Research Center, 24.06.2002, Beijing, China, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.: Development of a cms-system for the hybrid breeding of *Brassica oleracea* L., Beijing Vegetable Research Center, 24.06.2002, Beijing, China, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.: Evaluierung von *Daucus carota* - Genbankmaterial auf Resistenz gegen *Alternaria dauci* im Rahmen von GenRes105. Herbsttagung der GPZ-AG Gemüse, 11.10.2002, Gesamthochschule Kassel, FB Agrarwissenschaften in Witzenhausen, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.: Evaluierung von *Daucus* Akzessionen auf Resistenz gegen *Alternaria dauci* (Kühn) Grov. et Skolko. GFP-Jahrestagung, Abteilungssitzung Gemüse, 06.11.2002, Bonn, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.: GenRes105 - Evaluation of *Daucus carota* accessions for resistance against *Alternaria dauci*. 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, 05.-06.12.2002, Greek Gene Bank, Agricultural Research Centre of Makedonia and Thraki, Themi - Thessaloniki, Griechenland, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.: Stand der Arbeiten zur Genomcharakterisierung bei der Möhre *Daucus carota* L. GFP-Jahrestagung, Abteilungssitzung Gemüse, 06.11.2002, Bonn, Vortrag
- PANK, F.: Evaluierung, Linienentwicklung und Kreuzungskombination als Etappen auf dem Wege zur Züchtung eines kleinfrüchtigen Arzneifenchels mit guter agronomischer Eignung. 12. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion, 06.-07.02.2002, Bernburg, Vortrag
- PANK, F.: Aktueller Stand der Arznei- und Gewürzpflanzenzüchtung und Ableitung des Bedarfes in den Bereichen Züchtungsforschung und Züchtung. Workshop Arzneipflanzen als Nachwachsende Rohstoffe. Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e. V. und Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V., 06.-07.03.2002, Bonn, Vortrag
- PANK, F.: Möglichkeiten der Züchtung bei der Senkung des Unkrautbekämpfungsaufwandes am Beispiel von Arznei- und Gewürzpflanzen. Workshop "Züchtung für den Ökolandbau", 10.-11.06.2002, Hannover, Vortrag
- PANK, F.: Three approaches for the development of high performance cultivars considering the differing biological background of the starting material. Int. Conf. Medicinal and Aromatic Plants. Possibilities and Limitations of Medicinal and Aromatic Plant Production in the 21st Century, 08.-11.07.2001, Budapest, Ungarn, Vortrag
- PANK, F.: Heilkräuter aus Feld und Flur. Veranstaltung "Grünes Museum", Stiftung Kloster Michaelstein, 25.08.2002, Kloster Michaelstein, Blankenburg, Vortrag
- PANK, F.; KÄSTNER, U.: Verbundprojekt "Entwicklung von Basismaterial des Johanniskrautes (*Hypericum perforatum* L.) und seine Verwendung zur Merkmalsübertragung bei der Züchtung welkeresistenter Sorten": Erste Ergebnisse der Teilaufgaben der BAZ. Tagung der Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e. V., 10.-12.12.2001, Bonn, Vortrag
- PANK, F.; KRÜGER, H.: Heterogenität von Thymianpopulationen - Schein und Sein. Tagung der AG 17 "Arznei- und Gewürzpflanzen" der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V., 14.11.2002, BAZ Quedlinburg, Vortrag
- PETERKA, H.; BUDAHN, H.; KRÄMER, R.; SCHOLZE, P.; SCHRADER, O.; SCHÜTZE, W.: Charakterisierung von Rettich-Raps-Additionslinien: Erste Ergebnisse. GFP/GPZ-Tagung der AG Öl- und Eiweißpflanzen, 20.-21.06.2002, Berlin, Vortrag



- PETERKA, H.; BUDAHN, H.; SCHRADER, O.: Interspecific hybridization in *Allium* to develop male-sterile leek for hybrid breeding. Seminar Biotechnology Research Institute Yunnan Acad. Agric. Sci., 12.04.2002, Kunming, China, Vortrag
- PETERKA, H.; BUDAHN, H.; SCHRADER, O.: Advantages of GISH technique in characterizing meiotic behaviour in interspecific hybrids of genus *Allium*. Alpine Economic Plant Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, 15.04.2002, Lijian, China, Vortrag
- RADCHUK, V. V.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.; BLUME, Y. B.; KLOCKE, E.: PEG-mediated genetic transformation of cauliflower (*Brassica oleracea* var. *botrytis*) protoplasts. Int. Symposium "Biotechnology approaches for exploitation and preservation of plant resources", 26.-31.05.2002, Yalta, Ukraine, Vortrag
- RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; KRÄMER, R.; MARTHE, F.; SCHOLZE, P.: Somatic cell hybridization in vegetable forms of *Brassica* for development of new material for the breeding research. Southern Crop Protection and Food Research Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, 19.08.2002, London, Kanada, Vortrag
- RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; KRÄMER, R.; MARTHE, F.; SCHOLZE, P.: Transfer of resistance against different pathogens into *Brassica* by using of somatic hybridization. Eastern Cereal and Oilseed Research Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, 23.08.2002, Ottawa, Kanada, Vortrag
- RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; WARWICK, S.: High frequency recovery of intergeneric fusion products of *Brassica oleracea* (+) *Lepidium meyenii* and their molecular characterization by RAPD and AFLP, XXVth Int. Horticultural Congress, 11.-17.08.2002, Toronto, Kanada, Poster
- RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; THU, P. T. L.; SCHUBERT, J.; SCHUMANN, G.; KRÄMER, R.: Direct gene transfer of TuMV coat protein and Nib genes into *Brassica oleracea*. Southern Crop Protection and Food Research Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, 19.08.2002, London, Kanada, Vortrag
- RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; THU, P. T. L.; SCHUBERT, J.; SCHUMANN, G.; KRÄMER, R.: Creation of basic material of various Brassica species with resistance to TuMV by using of different gene transfer methods. Eastern Cereal and Oilseed Research Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, 23.08.2002, Ottawa, Kanada, Vortrag
- SCHOLZE, P.: On the problem of *Alternaria*-resistance in vegetable brassicas. Seminar Biotechnol. Res. Inst. Yunnan Acad. Agric. Sci., 12.04.2002, Kunming, China und Seminar Alpine Economic Pl. Res. Inst. Yunnan Acad. Agric. Sci., 15.04.2002, Li Jiang, China Vortrag
- SCHOLZE, P.: Reaction to *Alternaria*-isolates in susceptible brassicaceous hosts. Seminar Alpine Economic Pl. Res. Inst. Yunnan Acad. Agric. Sci., 15.04.2002, Li Jiang, China, Vortrag
- SCHOLZE, P.; MARTHE, F.: Zur Problematik der Kohlfliiegen-Resistenz. Resistenzkolloquium GZG Marne, 04.-05.12.2002, Marne, Vortrag
- SCHOLZE, P.; WILLNER, E.; NOTHNAGEL, T.; PFEFFER, H.: Instable *Alternaria*-resistance in *Sinapis*-spec., 6th Conf. of European Foundation for Plant Pathology, 09.-14.09.2002, Prag, Tschechien, Poster
- SCHOLZE, P.; WILLNER, E.; NOTHNAGEL, T.; PFEFFER, H.: *Alternaria*-Resistenz bei *Sinapis* (Familie *Brassicaceae*) - ein Problem. 53. Dt. Pflanzenschutztagung, 16.-19.09.2002, Bonn, Vortrag
- SCHRADER, O.: Molekular-zytogenetische Methoden in der Züchtungsforschung bei Gemüse. Öffentliche Sitzung der Abteilung Gemüse, Heil- und Gewürzpflanzen, GFP-Jahrestagung, 06.-08.11.2002, Bonn, Vortrag
- SCHRADER, O.; AHNE, R.; ZHAO, H.; BUDAHN, H.; PETERKA, H.: Hohe Karyotypvariabilität in somatischen Nachkommenschaften von zwei *Allium*-Bastarden. 6. GPZ-Vortragstagung, 27.02.-01.03.2002, Stuttgart-Hohenheim, Poster
- 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", 10.07.2002, Quedlinburg, Vortrag
- SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.: Plant cell, tissue and organ culture in plant breeding and breeding research. 2nd German-Vietnamese Workshop on Genetic Engineering and Bioinformatics, 16.-27.09.2002, Hanoi, Vietnam, Vortrag

SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.; NEUMANN, M.: Practical plant breeding and breeding research utilizing biotechnology. Symposium on key technologies for red and green biotechnology: Perspectives for German-Vietnamese cooperations, 24.09.2002, Hanoi, Vietnam, Vortrag

THU, P. T. L.; KLOCKE, E.; RYSCHKA, U., SCHUBERT, J.; KRÄMER, R.; SCHUMANN, G.: New strategies for creation of basic material of various Brassica species with resistance to TuMV. 10th IAPTC&B Congress, 23.-28.06.2002, Orlando, FL, USA, Poster

## Institut für Pflanzenanalytik

### Institute of Plant Analysis

#### Quedlinburg

DISTLER, D.: Rapid determination of volatile components in phytopharmaceuticals and cosmetics by headspace SPME-GC-analysis. The 2002 Younger European Chemist's Conference, 30.09.-02.10.2002, Heidelberg, Poster

DISTLER, D.; SCHULZ, H.: SPME-GC-Bestimmung flüchtiger Wertkomponenten in Medizinaldrogen und Phytopharmaka. Lebensmittelchemikertag 2002, 09.-11.09.2002, Frankfurt/Main, Poster

DISTLER, D.; SCHULZ, H.: Rapid determination of volatile components in phytopharmaceuticals and cosmetics by headspace SPME-GC analysis. 33rd Int. Symposium on Essential Oils (ISEO), 04.-07.09.2002, Lissabon, Portugal, Poster

HOBERG, E.; ULRICH, D.: Geschmacksverbesserung als Ziel in der Pflanzenzüchtung. XXXVII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) e. V., Thema: Qualität und Pflanzenzüchtung 04.-05.03.2002, Hannover, Vortrag

HOBERG, E.; ULRICH, D.: Sensorik in der Pflanzenzüchtung. BFE-Senatsarbeitsgruppentagung AG Sensorik, 21.-22.03.2002, Karlsruhe, Vortrag

HOBERG, E.; ULRICH, D.: Forschungstätigkeit an der Kultur Spargel. Fachtagung der Spargelerzeuger, 17.09.2002, Lindau, Vortrag

HOBERG, E.; ULRICH, D.; REISSBERG, D.: Gesundheitswert und Flavour der Erdbeere. 39. Wissenschaftlicher Kongress der Deutschen Gesellschaft für Ernährung (DGE), 14.-15.03.2002, Jena, Vortrag

JOUBERT, E.; SCHULZ, H.; SCHÜTZE, W.; ROHE, E.: Green rooibos - a break with tradition. 3rd South African New Crop Association Symposium, 25.-28.06.2002, Nelspruit, Südafrika, Poster

JOUBERT, E.; SCHULZ, H.; SCHÜTZE, W.; ROHE, E.: Green rooibos (*Aspalathus linearis*) - maximizing nature's antioxidants. Indigenous Plant Use Forum, 09.-12.07.2002, George, Südafrika, Poster

KRÜGER, H.: Variability of methyleugenol and estragole of basil varieties in field and greenhouse cultivation. 33rd Int. Symposium on Essential Oils (ISEO), 04.-07.09.2002, Lissabon, Portugal, Poster

KRÜGER, H.; PFEFFER, S.; DISTLER, D.; PANK, F.: Thymiananalytik für die Züchtung, Tagung der AG 17 "Arznei- und Gewürzpflanzen" der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V., 14.11.2002, BAZ Quedlinburg, Vortrag

QUILITZSCH, R.: Möglichkeiten und Nutzen von spektrometrischen Methoden in der qualitätsorientierten Züchtung bei Obst und Gemüse. XXXVII. Vortragstagung der DGQ "Qualität und Pflanzenzüchtung", 04.-05.03.2002, Hannover, Vortrag

QUILITZSCH, R.; SCHÜTZE, W.; HOBERG, E.: Application of NIR and MIR spectrometry for prediction of firmness and chemical components in selected vegetables and fruit. 5th Int. Conf. on Food Physics, 30.05.-01.06.2002, Mendel University of Agriculture and Forestry, Brno, Tschechien, Vortrag

SCHULZ, H.: Vorkommen und Analytik von Antioxidantien in Gewürzpflanzen und Teeprodukten. Bioanalytik Workshop, 08.-09.04.2002, Jena, Vortrag

SCHULZ, H.: Sicherheit von NIRS-Kalibrationsentwicklungen bei niedrigen Analytkonzentrationen, Erfahrungen mit Inhaltsstoffen von Medizinal- und Aroma-Pflanzen. 5. NIRS-Food-Symposium, 25.06.2002, Bonn, Vortrag

- SCHULZ, H.: Rapid and reliable analysis of essential oils applying various vibrational spectroscopy methods. 33rd Int. Symposium on Essential Oils (ISEO), 04.-07.09.2002, Lissabon, Portugal, Vortrag
- SCHULZ, H.: Effizientes Inhaltsstoff-Screening bei Medizinal- und Gewürzpflanzen. GPZ-Tagung "Genetische Ressourcen", 11.10.2002, Witzenhausen, Vortrag
- SCHÜTZE, W.: Variabilität der Glucosinolat-Verteilungsmuster bei *Brassicaceen*-Wildtypen, GPZ-Tagung "Genetische Ressourcen", 11.10.2002, Witzenhausen, Vortrag
- SCHÜTZE, W.; MARTHE, F.: Indolglucosinolate - Stoffe mit antikanzerogener Wirkung. Übersicht über das Potential einiger z. Z. im Anbau befindlicher Sorten. XXXVII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) und Vereinigung für Angewandte Botanik, Fachbereich Gartenbau der Universität Hannover, 04.-05.03.2002, Hannover, Poster
- SCHÜTZE, W.; MARTHE, F.: Composition and content of glucosinolates in *Brassica* species and progenies of interspecific hybrids during ontogenesis. 13th Crucifer Genetics Workshop, 23.-26.03.2002, Davis, CA, USA, Poster
- STRAKA, P.: Progress in genetic mapping in carrot, 29th Int. Carrot Conference, 13.02.2002, Bakersfield, USA, Vortrag
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: Analysis of molecular markers for the benefit of gene bank material evaluation. Annual Meeting of the GenRes 105 - The future of the European carrot: A programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild relatives, 05.-06.12.2002, Themi-Thessaloniki, Griechenland, Poster
- ULRICH, D.; HOBERG, E.: Instrumentelle und sensorische Analyse der Aromastoffe von gekochtem Spargel (*Asparagus officinalis* L.). XXXVII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) e. V., Thema: Qualität und Pflanzenzüchtung, 04.-05.03.2002, Hannover, Poster
- ULRICH, D.; HOBERG, E.: Aromaanalytik von Obst-Genotypen - Variabilität der sensorischen Eigenschaften. GPZ-Tagung "Genetische Ressourcen", 11.10.2002, Witzenhausen, Vortrag
- ULRICH, D.; HOBERG, E.: Konsequenzen der Genotypvariabilität pflanzlicher Rohstoffe für die Verarbeitung. InnoFood, 18.-19.10.2002, Bernburg, Vortrag
- ULRICH, D.; HOBERG, E.; NOTHNAGEL, T.; ROBERG, H.; BOULAROT, H.: Aroma-Monitoring bei Obst und Gemüse mit Hilfe von Schnellmethoden. XXXVII. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) e. V., Thema: Qualität und Pflanzenzüchtung, 04.-05.03.2002, Hannover, Poster

## Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof

### Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof

#### Sieboldingen

- BORNHOFF, B.-A.; HARST, M.: Kann GFP eine Antibiotikaselektion ersetzen? Erste Untersuchungen bei *Vitis*. 41. Arbeitstagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus bei der DLG, 17.-18.04.2002, Geisenheim, Vortrag
- BORNHOFF, B.-A.; HARST, M.; TÖPFER, R.: Transgenic grapevine as a tool for monitoring. VIIIth Int. Conference on Vine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Poster
- DETTWEILER, E.; EIBACH, R.: The two *Vitis* databases as tools for germplasm management. VIIIth Int. Conference on Vine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Vortrag
- DETTWEILER, E.; THIS, P.: EU-project CT96 No 81: European *Vitis* database and results regarding the use of a common set of microsatellite markers. VIIIth Int. Conference on Grapevine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Vortrag
- DETTWEILER, E.; THIS, P.: GenRes81 a basis for the preservation and utilisation of the *Vitis* genetic resources. XXVIIth World Congress of Vine and Wine, OIV, 24.-28.06.2002, Bratislava, Slowakei, Vortrag
- DETTWEILER, E.; THIS, P.: Résultats du programme Genres 081 concernant l'utilisation de marqueurs STMS. OIV Expertengruppe Rebenzüchtung, 19.03.2002, Paris, Frankreich, Vortrag

- DRIESEL, A. J.; LOMMELE, A.; DRESCHER, B.; TÖPFER, R.; BELL, M.; CARTHARIUS, I.; CREUTIN, N.; HUCK, J.-F.; KUBIAK, J.; REGNARD, P.; STEINMETZ, A.: Towards the transcriptome of grapevine (*Vitis vinifera*). VIIIth Int. Conference on Vine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Vortrag
- EIBACH, R.; HASTRICH, H.; TÖPFER, R.: Inheritance of aroma compounds. VIIIth Int. Conference on Vine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Vortrag
- EIBACH, R.; TÖPFER, R.: Success in resistance breeding "Regent" and its steps into the market. VIIIth Int. Conference on Vine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Poster
- FAES, G.; SALMASO, M.; SEGALA, C.; MOSER, C.; STEFANINI, M.; SALAKHUTDINOV, I.; ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R.; GRANDO, M. S.; VELASCO, R.: Genomic tools for marker assisted selection in grapevine. VIIIth Int. Conference on Vine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Vortrag
- 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. VIIIth Int. Conference on Vine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Vortrag
- HAUSMANN, L.; KÖGLMEIER, W.; DÜRING, H.; SALAKHUTDINOV, I.; ZYPRIAN, E.; KORN, B.; VELASCO, R.; TÖPFER, R.: High-density DNA arrays for grapevine research. VIIIth Int. Conference on Vine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Vortrag
- 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. 2. Genetik Tagung der Gesellschaft für Genetik, 25.-27.10.2002, Weimar, Poster
- ZYPRIAN, E.; EIBACH, R.; TÖPFER, R.: Comparative molecular mapping of fungal disease resistance factors in segregating populations of grapevine. VIIIth Int. Conference on Vine Genetics and Breeding, 26.-31.08.2002, Kecskemét, Ungarn, Vortrag
- ZYPRIAN, E.; EIBACH, R.; TÖPFER, R.: Genetische Analyse der Weinrebe zum Verständnis von Resistenz und Qualität. 1st German Meeting on Woody Plant Genomics, 06.-09.09.2002, Großhansdorf, Vortrag
- ZYPRIAN, E.; EIBACH, R.; TÖPFER, R.: Comparative molecular mapping in segregating populations of grapevine. 2nd Weimar Conference of Genetics, 25.-27.09.2002, Weimar, 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
Universität Kiel	Univ. Prof. Dr. habil. J. Grunewaldt	"Zell- und Gewebekulturtechniken in der Pflanzenproduktion", Vorlesung

#### Institut für Epidemiologie und Resistenzressourcen Institute of Epidemiology and Resistance Resources Aschersleben

Universität Giessen	PD Dr. F. Ordon	"Pflanzenzüchtung - Einführung", Vorlesung "Pflanzenbauliche Samen und Saatgutkunde", Übung "Übungen zur Pflanzenzüchtung" "Laborpraktikum zur Pflanzenzüchtung", Übung Seminar zur Pflanzenzüchtung "Aktuelle Themen der Pflanzengenetik und Pflanzenzüchtung", Seminar "Pflanzenzüchterisches Seminar für Diplomanden und Doktoranden", Seminar
---------------------	-----------------	---

#### 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
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. sc. 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 Analysemethoden", Vorlesung
Universität Rostock	Dr. H.-U. Jürgens	"Biotechnologie bei Pflanzen - Biochemische, physikalische und chemische Analysemethoden", 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**  
Qedlinburg

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
Staatlich-regionale Lehrerfortbildung Sachsen-Anhalt	Dr. D. Ulrich	"Riechen und Geruchssinn", Seminar

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

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

Havva Ilbagi      Trakya University, Tekirdag, Türkei, 03/2002  
Dr. Rossitza Rodeva      Bulgarian Academie of Sciences, Inst. of Genetics, Acad. D. Kostoff, Sofia, Bulgarien, 07-08/2002  
Dr. Elena Sukhacheva      Shemyahin und Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academie of Sciences, Moscow, Russia, 02-03/2002  
Bacchelor Xiarong Tao      Inst. of Biotechnology, Zhejiang University, Hangzhou, China, 06-08/2002  
Milena Kyuchukova      Bulgarien, Jambol, wv: Hale-BL-1. wch: -B Ap. 78; Doktorand, Institut für Gemüse- u. Zierpflanzenbau Großbeeren-Erfurt, Deutschland, 01.-02/2002

#### 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  
11-12/2002  
Dr. Nonka Bakardjeva      Institute of Plant Protection Kostinbrod , Bulgarien, 05/2002  
Dr. Maria Csösz      Cereal Research non-profit Company, Szeged, Ungarn  
Dr. Jacques Derron      Station fédérale de recherches en production végétale de Changins, Nyon, Schweiz, 05/2002  
Dr. Aglisca Edreva      Institute of Genetics, Sofia, Bulgarien, 06-07/2002  
Dr. Irina Egorova      All Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland  
04-12/2002  
Prof. Dr. Ahmed El-Laithy      National Research Center, Department of Plant Protection Acarology Unit Dokki, Kairo, Ägypten, 08-09/2002  
Dr. Jordanka Georgieva      Institute of Genetics, Sofia, Bulgarien, 06-07/2002  
Dr. Elena Gulytaeva      All Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland 12/2002  
Hans Linders      Ryk Zwaan Breeding Company, De Lier, Niederlande, 04/2002  
Dr. Ludmila Michailova      All Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland,  
11-12/2002  
Dr. Nina Mironenko      All Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland,  
11-12/2002



Dr. Richard Pickering Institute for Crop & Food Research, Christchurch, Neuseeland, 05/2002  
Dr. Natalia Solovyeva All Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland  
04-12/2002

**Institut für Obstzüchtung**  
**Institute of Fruit Breeding**  
**Dresden-Pillnitz**

Zsuzsanna Bekefi Research Institute for Fruit and Ornamentals, Budapest, Ungarn, 08/2002  
Dr. Maria A. Bueno INIA-CiFOR, Madrid, Spanien, 05/2002  
Dr. S. Vijag Thakur Parmar University of Horticulture and Forestry, Indien, 09-10/2002  
Dr. Hu Xiaoping Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry Yangling, Shaanxy,  
China, 09-10/2002

**Institut für landwirtschaftliche Kulturen**  
**Institute of Agricultural Crops**  
**Groß Lüsewitz**

A.C.M. Eugene Agbicodo Inst. f. Gartenbauökonomie der Univ. Hannover, Benin, 03/2002  
Olga Antonova N.I. Vavilov Institut für Pflanzenproduktion, St. Petersburg, Russland, 06-09/2002  
Cristian Aurori Babes-Boley Universität, Cluj-Napoca, Rumänien, 06-09/2002  
Ahmad Bilal Univ. of Agriculture Faisalabad, Ayub Agricultural Research Institute, Faisalabad,  
Pakistan, 04/2002  
Dr. Qin Chen Lethbridge Research Centre, Alberta, Canada, 07/2002  
Dr. Zhensheng Kang Plant Protection Department, Coltege of Horticulture Northwest Sci-Tech  
University of Agriculture and Forestry Yangling, Shaanxi, China, 09/2002  
Martin Kipkogei Lagat DSE-Regierungspraktikant, Nairobi, Kenia, 04/2002  
Dr. Lenuta Rakosy-Tican Babes-Bolyai Universität, Cluj-Napoca, Rumänien, 06-09/2002

**Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität**  
**Institute of Stress Physiology and Quality od Raw Materials**  
**Groß Lüsewitz**

Dr. Qin Chen Lethbridge Research Centre, Alberta, Canada, 07/2002  
Agnes Murphy Agriculture, Agri-Foods, Fredericton, Canada, 08/2002  
Prof. Zhao Huiyan Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry Yangling, Shaanxy,  
China, 09/2002

**Institut für gartenbauliche Kulturen**  
**Institute of Horticultural Crops**  
**Quedlinburg**

Magdi Ali Ahmed Department of Horticulture, University of Asyut, Asyut, Ägypten, 01/2001-  
11/2002  
Rathnayake Mudiyansele Dharmadasa Inst. für industrielle Technologie, Colombo, Sri Lanka, 09/2002

Ksenia Kromina	All-Russian Research Institute of Phytopathology, 143050 Golitzino, Moscow region, Rußland, 09/2001-01/2002
Fan Liu Beijing	Vegetable Research Center, China, 10-12/2002
Magdalena Simlat	Krakow Agricultural University, Dept. of Genetics, Plant Breeding and Seed Science, Krakow, Polen, 10/2002-07/2003
Jian Yuancai	Beijing Vegetable Research Centre, Beijing, China, 11/2002-02/2003
Dr. Irina Zamorzaeva-Orleansaia	Institute of Genetics and Cytology, Academy of Science of Moldova, Kishinev, Moldawien, 05-07/2002
Hong Zhao	Beijing Vegetable Research Centre, Beijing, China, 03/2001-02/2002
Shaosong Zhang	Biotechnology Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, China, 09-12/2002

**Institut für Pflanzenanalytik**  
**Institute of Plant Analysis**  
 Quedlinburg

Rinukshi Wimalasekera-Möller	z. Z. Universität Hannover, Deutschland, 03/2002 (sonst: Universität Sri Lanka)
------------------------------	--

**Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof**  
**Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof**  
 Siebeldingen

Murat Akkurt	Universität Ankara, Ankara, Türkei, 01/2001-12/2004
Dr. Maria José Carmona	Dpto. de Génetics Molecular de Plants, Centro National de Biotecnologia CSIC, Madrid, Spanien, 04/2002