

**Bundesanstalt für Züchtungsforschung  
an Kulturpflanzen**

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

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

**Groß Lüsewitz • Grünbach • Quedlinburg • Siebeldingen**

**Jahresbericht 2000  
Annual Report**

# I. Aufgaben der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen

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

---

Die Bundesanstalt für Züchtungsforschung (BAZ) erforscht die wissenschaftlichen Grundlagen zur Entwicklung dauerhaft gesunder und qualitativ hochwertiger Nahrungs- und Industriepflanzen. Sie unterstützt als Teil der Ressortforschung des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) das Programm für eine qualitätsgerechte und umweltverträgliche Agrarproduktion und erarbeitet wissenschaftliche Erkenntnisse als Entscheidungshilfen für die Erfüllung der politischen und administrativen Aufgaben des BMVEL.

Die Forschungsergebnisse tragen darüber hinaus zur Erweiterung des allgemeinen wissenschaftlichen Kenntnisstandes bei. Mit der gleichzeitigen Umsetzung von Forschungsergebnissen in praxisnahe Verfahren verbessert die BAZ die Möglichkeiten der mittelständischen Privatwirtschaft zur Züchtung von Kulturpflanzen mit erwünschter Resistenz gegen Schaderreger und hoher Produktqualität und stellt ihr zudem Basismaterial für die Entwicklung von Sorten zur Verfügung.

Die Forschungsschwerpunkte sind:

### 1. Züchtungsforschung zur Erstellung von dauerhaft gesundem Basismaterial:

- Analyse der genetischen und molekulargenetischen Ursachen der Resistenz gegen biotische Schaderreger sowie Toleranz gegen abiotische Schadfaktoren;
- epidemiologische Untersuchungen einschließlich der Virulenz- und Aggressivitätsanalyse der Pathogene im Hinblick auf Züchtungsstrategien;
- Erfassung der Energieausnutzung und Untersuchung des Nährstoffeffizienzvermögens;
- Erforschung morphologischer, biochemischer und physiologischer Grundlagen für die Ausprägung von Krankheitsresistenz und abiotischer Stresstoleranz.

### 2. Züchtungsforschung zur Bereitstellung von Ausgangsmaterial mit verbesserter Qualität für die Nutzung als Nahrungs- und Industriepflanzen:

- Erforschung der genetischen, physiologischen und biochemischen Grundlagen der Bildung wertgebender Inhaltsstoffe;
- Analyse der kulturpflanzenartspezifischen Qualitätskomponenten unter besonderer Berücksichtigung ernährungsphysiologischer Gesichtspunkte;
- Untersuchungen der Beziehungen zwischen Analytik und Sensorik.

The Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ) investigates the scientific systems which control the development of high quality and stable disease resistance in food and industrial plants. As part of the research sector of the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL) BAZ supports the BMVEL program on agricultural production satisfying the demands for high quality and protection of the environment, respectively. The BAZ produces the scientific basis to aid political and administrative decisions by the Ministry of Agriculture.

In addition, BAZ collects research data which contribute to an overall increase of scientific knowledge. BAZ transfers its knowledge into technologies which enable private plant breeders to develop pathogen-resistant, high quality varieties. This is mainly achieved by providing basic plant material.

BAZ research concentrates on the following areas:

### 1. Breeding research in order to provide basic plant material with stable disease resistances

- Analysis of the genetic and molecular-genetic basis of resistance and tolerance to biotic and abiotic stresses
- Epidemiological investigations including the determination of pathogen virulence and aggressiveness with regard to breeding strategies
- Studies on the efficient use of energy and nutrients
- Investigations of the morphological, biochemical and physiological basis of disease resistances and tolerances to abiotic stress factors

### 2. Breeding research to provide basic plant material with improved quality for utilization as food or industrial crops

- Investigations of the genetic, physiological and biochemical mechanisms for the synthesis of valuable compounds
- Analysis of quality components of cultivated plants under special consideration of nutritionalphysiological aspects
- Relationship between chemical analysis and sensory evaluation

**3. Züchtungsmethodische Arbeiten zur Verbesserung der Selektion:**

- Entwicklung von Testsystemen zur qualitativen und quantitativen Erfassung von Resistenz- und Qualitätsparametern;
- Erarbeitung von morphologischen, biochemischen und molekulargenetischen Markern zur Entwicklung markergestützter Selektionsverfahren.

**4. Züchtungsmethodische Arbeiten im Bereich der Nutzung und Erstellung der genetischen Variabilität:**

- Evaluierung und Nutzung genetischer Ressourcen zur Identifizierung von Resistenz- und Toleranzgenen;
- Entwicklung neuer Züchtungsstrategien zur Einlagerung komplex vererbter Eigenschaften in Kulturpflanzen.

Der Sitz der Bundesanstalt ist Quedlinburg. An 8 Standorten (Ahrensburg, Aschersleben, Braunschweig, Dresden-Pillnitz, Groß Lüsewitz, Grünbach, Quedlinburg und Siebeldingen) sind insgesamt 11 Institute eingerichtet. Von den rund 422 planmäßig Beschäftigten sind 83 als Wissenschaftler tätig; dazu kommen in allen personellen Bereichen 42 Mitarbeiter mit zeitlich befristeten Aufgaben.

**3. Development of breeding methods to improve plant selection**

- Development of test systems to determine the parameters of resistance and quality quantitatively and qualitatively, respectively
- Analysis of morphological, biochemical and molecular-genetic traits for marker-assisted selection

**4. Development of breeding methods to produce and utilize genetic variability**

- Evaluation and exploitation of genetic resources for identification of resistance and tolerance genes
- Development of new strategies to incorporate complexly inherited characteristics into cultivated plants

The headquarters of the BAZ are located in Quedlinburg. Eleven institutes have been established in 8 locations in Germany (Ahrensburg, Aschersleben, Braunschweig, Dresden-Pillnitz, Groß Lüsewitz, Grünbach, Quedlinburg, and Siebeldingen). 83 scientists are employed among a permanent staff of approximately 422. In addition, the permanent staff is supported by temporary employees.

## 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: Regierungsamtsrat Jörg Michael **Jahn**

### Institute / Institutes

#### Institut für Zierpflanzenzüchtung

#### Institute of Ornamental Plant Breeding

Anschrift/Address: Bornkampsweg 31 Tel.: (04102) 802-10 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. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Priv. Doz. Dr. rer. nat. Thomas **Debener**, Dipl.-Biologe

Dr. rer. hort. Frank **Dunemann**, Dipl.-Agraringenieur

Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Hinrik **Junge**, Dipl.-Chemiker

Dr. rer. hort. Jutta **Krüger**, Dipl.-Gärtnerin

Direktor und Professor Prof. Dr. rer. nat. habil. Walter **Preil**, Dipl.-Biologe

Dr. rer. nat. Annegret **Schum**, Dipl.-Biologin

Dr. rer. nat. Marcus **Linde**, Dipl.-Biologe (Projekt)

Mirco **Thiermann**, Dipl.-Biologe (Projekt)

Annette **Urbanietz**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt)

#### Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik

#### Institutes 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. Mitarbeiter/innen/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 Rätin Dr. agr. Marion **Nachtigall**, Dipl.-Biologin

Dr. rer. nat. Eckhard **Proll**, Dipl.-Biologe (bis 31.05.2000)

Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Frank **Rabenstein**, Dipl.-Biologe

Dr. rer. nat. Ernst **Reiss**, Dipl.-Chemiker  
Wissenschaftlicher Direktor Dr. rer. nat. habil. Jörg **Schubert**, Dipl.-Biologe  
Dr. agr. Rudi **Zielke**, Dipl.-Landwirt (bis 30.04.2000)

Alexander **Berestetski**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt ab 07.02.2000)  
Dr. Viktoria **Fomitcheva**, Dipl.-Biologin (Projekt)  
Dirk **Mattern**, Dipl. Biologe (Projekt ab 01.07.2000)  
Kerstin **Taubenrauch**, Dipl.-Agraringenieurin  
Annette **Kusterer**, Dipl.-Ing. (FH) f. Gartenbau (Projekt)

## 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

Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. rer. nat. Erika **Griesbach**, Dipl.-Biologin  
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 Oberrat Dr. rer. nat. Edgar **Schliephake**, Dipl.-Biologe  
Dr. agr. Ursula **Walther**, Dipl.-Landwirtin (bis 29.02.2000)

Dr. Elena **Dragavtseva**, Dipl.-Agraringenieurin (ab 01.04.2000)  
Dr. agr. Klaus **Graichen**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt bis 30.09.2000)  
Dr. Elena **Gultiaeva**, Dipl.-Agraringenieurin (ab 13.03.2000)

## Genbank Gene Bank

Anschrift/Address: Bundesallee 50 Tel.: (0531) 596-617 E-Mail: bafz-gb@bafz.de  
**38116 Braunschweig** Fax: (0531) 596-365

Leiter/Head: Wiss. Oberrat Dr. rer. hort. Lothar **Frese**, Dipl.-Agraringenieur

Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. sc. agr. Christoph **Germeier**, Dipl.-Agraringenieur  
Dr. agr. Katrin **Jakob**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt bis 15. 05. 2000)  
Dorothea **Ziegler**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt bis 15. 09. 2000)  
Ralf Holger **Krauß**, Dipl.-Geologe (Projekt seit 01. 05. 2000)

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding

Anschrift/Address: Pillnitzer Platz 2 Tel.: (0351) 2 61 62-14 E-Mail: bafz-oz@bafz.de  
**01326 Dresden** Fax: (0351) 2 61 62-13

komm. Leiter/Head (prov.) Direktorin und Professorin Dr. rer. nat. habil. Viola **Hanke**, Dipl.-Biologin

Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. agr. Barbara **Dathe**, Dipl.-Agraringenieurin  
Prof. Dr. agr. sc. Christa **Fischer**, Dipl.-Landwirtin

Christine **Grafe**, Dipl.-Agraringenieurin  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Monika **Höfer**, Dipl.-Biologin  
Wissenschaftlicher Rat Dr. agr. Mirko **Schuster**, Dipl.-Agraringenieur  
Dr. agr. Brigitte **Wolfram**, Dipl.-Gärtnerin (bis 31. 08. 2000)

Dr. agr. Ralf-Michael **Schönfeld**, Dipl.-Agraringenieur

## Institut für landwirtschaftliche Kulturen Institute of Agricultural Crops

Anschrift/Address: Rudolf-Schick-Platz 3a Tel.: (038209) 45-200 E-Mail: bafz-lk@bafz.de  
**18190 Groß Lüsewitz** Fax: (038209) 45-222

Leiter/Head: Direktor und Professor Priv. Doz. Dr. rer. hort. Peter **Wehling**, Dipl.-Agraringenieur

### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. agr. Ulrich **Darsow**, Dipl.-Landwirt  
Wissenschaftlicher Rat Dr. rer. hort. Bernd **Hackauf**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftlicher Rat Dr. agr. Matthias **Herrmann**, Dipl.-Landwirt  
Dr. agr. Hans **Lellbach**, Dipl.-Landwirt  
Wissenschaftlicher Rat Dr. sc. agr. Steffen **Roux**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftlicher Oberrat Eicke **Rudloff**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftliche Rätin 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

Anke **Linz**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, Projekt)  
Natalia **Makarova**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, DFG)  
Jana **Gramenz**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, Projekt)  
Dr. rer. nat. Bodo **Linz**, Dipl.-Biologe (Projekt ab 01. 09. 2000)  
Ina **Groeneveld**, Dipl.-Biologin (Projekt ab 01. 09. 2000)

## 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. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

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

## Institut für Resistenzgenetik Institute of Resistance Genetics

Anschrift/Address: Graf-Seinsheim-Str. 23 Tel.: (08122) 97 57-10 E-Mail: bafz-rg@bafz.de  
**85461 Grünbach** Fax: (08122) 97 57-97

komm. Leiterin/ Head (prov.) Direktorin und Professorin Dr. agr. Bärbel **Foroughi-Wehr**, Dipl.-Gärtnerin

### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Wissenschaftlicher Rat Dr. rer. nat. Heinrich **Brüning**, Dipl. -Biologe

Wissenschaftlicher Direktor Dr. agr. Volker **Lind**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftlicher Direktor Dr. agr. Hansjörg **Walther**, Dipl.-Agraringenieur  
Akym **Assani**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt)

## 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

komm. Leiter/Head (prov.): Direktor und Professor Dr. agr. Günter **Schumann**, Dipl.-Gartenbauingenieur

Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. rer. nat. Richard **Ahne**, Dipl.-Ingenieur  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Holger **Budahn**, Dipl.-Biologe  
Wissenschaftliche Direktorin 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  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Petra **Straka**, Dipl.-Biologin  
Dinka **Colditz**, Dipl.-Ingenieurin (Projekt ab 01.04.2000)  
Elke **Foltys de Garcia**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt bis 30.09.2000)  
Dr. rer. nat. Ute **Kästner**, Dipl.-Biologin (Projekt ab 01. 12. 2000)  
Jan **Langbehn**, Dipl.-Agraringenieur (Doktorand, Projekt bis 31. 05. 2000)

## Institut für Qualitätsanalytik Institute of Quality 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. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Wissenschaftliche Direktorin Dr. rer. nat. Edelgard **Hoberg**, Dipl.-Chemikerin  
Roselinde **Höfer**, Fachpädagogin für Biologie und Chemie (freigestellt für Hauptpersonalrat)  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Hans **Krüger**, Dipl.-Chemiker  
Dr. rer. nat. Rolf **Quilitzsch**, Dipl.-Physiker  
Dr. rer. nat. Wolfgang **Schütze**, Dipl.-Chemiker  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Detlef **Ulrich**, Dipl.-Chemiker

Dr. rer. nat. Boris **Steuer**, Dipl.-Chemiker (FNR-Projekt)

## Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of 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. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. rer. nat. Otto **Bachmann**, Dipl.-Biologe  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Erika **Dettweiler-Münch**, Dipl.-Agrarbiologin

Wissenschaftlicher Oberrat 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 Rätin Dr. rer. nat. habil. Eva **Zyprian**, Dipl.-Biologin  
Dr. Werner **Köglmeier**, Dipl.-Biologe

Beatrix-Axinja **Bornhoff**, Dipl.-Biologin (Doktorandin )  
Birgitta **Fischer**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, DFG)  
Dr. rer. nat. Ludger **Hausmann**, Dipl.-Biologe (Projekt)  
Andreas **Jung**, Dipl.-Biologe (Doktorand)  
Andreas **Kortekamp**, Dipl.-Biologe (Doktorand, DFG bis 15.12.2000)  
Ilkhom **Salakhutdinov**, Dipl. Biologe (Projekt ab 01.07.2000)  
Alexandra **Syring-Ehemann**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, bis 31.08.2000)

## 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 Rat 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: N.N.

##### 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: Günter **Wedler**, Dipl.-Agraringenieur (FH) bis 30.06.1999  
Hans-Jürgen **Pienz**, Dipl.-Agraringenieur ab 01.09.1999



## 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) 41-177

Leiter/Head: Wilfried **v. Heßberg**, Agraringenieur (FH)

## Mitglieder des Anstaltskollegiums\* Members of BAZ Board of Scientists

### Mitglieder ex officio

#### Members ex officio

Dir. u. Prof. Prof. Dr. habil. <b>W. Flamme</b>	Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Dir. u. Prof. in. Dr. <b>B. Foroughi-Wehr</b>	Institut für Resistenzgenetik
Dir. u. Prof. Univ.-Prof. Dr. J. habil. <b>Grunewaldt</b>	Institut für Zierpflanzenzüchtung
Dir. u. Prof. in. Dr. habil. <b>V. Hanke</b>	Institut für Obstzüchtung
Dir. u. Prof. Dr. habil. <b>T. Kühne</b>	Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik
Dir. u. Prof. Dr. habil. <b>M. Neumann</b>	Anstaltsleiter
Prof. Dr. habil. <b>G. Proeseler</b>	Institut für Epidemiologie und Resistenz
Dir. u. Prof. Dr. <b>G. Schumann</b>	Institut für gartenbauliche Kulturen
Dir. u. Prof. Dr. <b>H. Schulz</b>	Institut für Qualitätsanalytik
Dir. u. Prof. Dr. habil. <b>R. Töpfer</b>	Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
Dir. u. Prof. Priv. Doz. Dr. <b>P. Wehling</b>	Institut für landwirtschaftliche Kulturen

### Zugewählte Mitglieder

#### Elected Members

WissOR'n Dr. <b>C. Balko</b>	Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Dir. u. Prof. Dr. <b>R. Eibach</b>	Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
WissOR Dr. <b>H. Junge</b>	Institut für Zierpflanzenzüchtung
Dir. u. Prof. Dr. habil. <b>H. Peterka</b>	Institut für gartenbauliche Kulturen
WissOR Dr. <b>F. Rabenstein</b>	Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik
WissOR Dr. <b>D. Ulrich</b>	Institut für Qualitätsanalytik

### Ständig beratendes Mitglied

#### Permanent Advisory Member

**RAR J. M. Jahn** Hauptverwaltung

### Ständige Teilnehmer

#### Permanent Participators:

WissOR Dr. <b>L. Frese</b>	Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen (Genbank)
WissDir Dr. <b>K. Peter</b>	Anstaltsleitung

\* Stand 31. 12. 2000

## 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 Saatzucht AG, Einbeck

Dr. A. **Büchting**

Fa. N. L. Chrestensen, Erfurt

N. L. **Chrestensen**

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

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

Prof. Dr. W. **Diepenbrock**

Prof. Dr. G. **Forkmann**

TU München, Institut für Landwirtschaftlichen und Gärt-  
nerischen 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

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  
Bundessortenamt, Hannover

Präsident U. v. **Kröcher**

Präsident und Prof. Prof. Dr. F. **Klingauf**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft,  
Braunschweig

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

Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen,  
Quedlinburg

Vertreter des

Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und  
Landwirtschaft, Bonn

\* Stand 31. 12. 2000

### Personalvertretungen

#### Representations of the Personnel

### Hauptpersonalrat

#### Representative on the BML staff council

**Quedlinburg**

Roselinde **Höfer**

Neuer Weg 22/23

**06484 Quedlinburg**

Tel.: (03946) 47-239

Fax: (03946) 47-234

Gesamtpersonalrat  
BAZ Staff Council

<b>Quedlinburg</b>	Dr. Wolfgang <b>Schütze</b>	Neuer Weg 22/23 <b>06484 Quedlinburg</b>	Tel.: (03946) 47-281 Fax: (03946) 47-234
--------------------	-----------------------------	---	---

Örtliche Personalräte  
Local Staff Councils

<b>Ahrensburg</b>	Helmut <b>Seehaus</b>	Bornkampsweg 31 <b>22926 Ahrensburg</b>	Tel.: (04102) 802-77 Fax: (04102) 5-11-24
<b>Aschersleben</b>	Wiss. Rat Dr. H.-Ulrich <b>Leistner</b>	Theodor-Roemer-Weg 4 <b>06449 Aschersleben</b>	Tel.: (03473) 879-160 Fax: (03473) 27 09
<b>Dresden-Pillnitz</b>	Reinhild <b>Hofmann</b>	Pillnitzer Platz 2 <b>01326 Dresden</b>	Tel.: (0351) 2 61 62-29 Fax: (0351) 2 61 62-13
<b>Groß Lüsewitz</b>	Wiss. Oberrat Eicke <b>Rudloff</b>	Rudolf-Schick-Platz 3a <b>18190 Groß Lüsewitz</b>	Tel.: (038209) 45-314 Fax: (038209) 45-222
<b>Grünbach</b>	Maria <b>Graf</b>	Graf-Seinsheim-Str. 23 <b>85461 Grünbach</b>	Tel.: (08122) 97 57-10 Fax: (08122) 97 57-97
<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>	Petra <b>Stritzinger</b>	Geilweilerhof <b>76833 Siebeldingen</b>	Tel.: (06345) 41-151 Fax: (06345) 919050

## Personalübersicht 2000 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			1		5
Abteilung EDV	1			2					3
Bibliothek				2					2
Hauptverwaltung				2			20	6	28
Quedlinburg Zentrale Gesamt	3			8			21	6	38
<b>Standort Quedlinburg</b>									
Gemeinschaftliche Einrichtungen				3				10	13
Inst. f. Qualitätsanalytik	7	1		11			1		20
Inst. f. gartenbauliche Kulturen	13	2		23	1		1	1	41
Institute Quedlinburg Gesamt	20	3		37	1		2	11	74
<b>Genbank Braunschweig</b>									
	1	3		3				4	11
<b>Standort Ahrensburg</b>									
Verwaltung							3	4	7
Inst. f. Zierpflanzenzüchtung	7	3		12				13	35
Ahrensburg Gesamt	7	3		12			3	17	42
<b>Standort Aschersleben</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				2			1	9	12
Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik	9	3		16	1		1	2	32
Inst. f. Epidemiologie und Resistenz	8	3		12	5		1		29
Aschersleben Gesamt	17	6		30	6		3	11	73
<b>Standort Dresden</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				5			1	11	17
Inst. f. Obstzüchtung	6	1		15			1	4	27
Dresden Gesamt	6	1		20			2	15	44
<b>Standort Groß Lüsewitz</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				1	1		2	13	17
Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen	11	4	1	18	4		2	4	44
Inst. f. Stressphysiologie und Rohstoffqualität	6			9	1		1	1	18
Groß Lüsewitz Gesamt	17	4	1	28	6		5	18	79
<b>Standort Grünbach</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen							1		1
Inst. f. Resistenzgenetik	4	1		2				7	14
Grünbach Gesamt	4	1		2			1	7	15
<b>Standort Siebeldingen</b>									
Verwaltung				2			5	5	12
Inst. f. Rebenzüchtung Geilweilerhof	8	2	1	35	4		1	25	76
Siebeldingen Gesamt	8	2	1	37	4		6	30	88
<b>BAZ Gesamt</b>	<b>83</b>	<b>23</b>	<b>2</b>	<b>177</b>	<b>17</b>		<b>43</b>	<b>119</b>	<b>464</b>

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

### III. Bericht des Anstaltsleiters Director's Report

---

Die Ergebnisse wissenschaftlicher Arbeit werden im Kapitel IV durch die einzelnen Institute der Bundesanstalt für Züchtungsforschung detailliert vorgestellt. Sie sind Ausdruck erfolgreicher nationaler und internationaler Zusammenarbeit und spiegeln die Kompetenz der Mitarbeiter auf dem Gebiet der Züchtungsforschung wider. Dahinter stehen nicht unerhebliche Anstrengungen entsprechende Rahmenbedingungen zu gestalten, um gegenwärtigen und zukünftigen Anforderungen gerecht zu werden.

Die Arbeiten der BAZ orientieren sich an den Zielen einer nachhaltigen ökologischen Landwirtschaft. Mit den Forschungsprojekten, die sich an der Verbesserung der Resistenz unserer Kulturpflanzen gegen biotische und abiotische Schadeinflüsse, der Erschließung genetischer Ressourcen und der Sicherung bzw. der Verbesserung der Qualität pflanzlicher Produkte ausrichten, wird ein grundlegender Beitrag für die Züchtungsforschung geleistet. Mit dieser Zielstellung und für diese Zielstellung konnten im Jahr 2000 zusätzliche finanzielle Mittel eingeworben werden, nicht zuletzt auch durch Gewinn des InnoRegio-wettbewerbs und der Beteiligung im Rahmen des nationalen Programms „Genomanalyse im biologischen System Pflanze“ (GABI). Über beide Programme werden insbesondere Aktivitäten zur Biotechnologie gefördert. Für die Öffentlichkeit muss dabei weiterhin deutlich gemacht werden, dass Biotechnologie/Gentechnik in der Pflanzenzüchtung zum Methodenspektrum gehören und helfen können, Züchtung effizienter zu machen, jedoch keine Alternative zur Pflanzenzüchtung darstellen.



Qualität geht durch die Nase  
The way to quality is through the nose

Unter diesem Aspekt wurden mit den Freisetzungsversuchen an den Standorten Aschersleben, Groß Lüsewitz und Siebeldingen die Arbeiten zur Verbesserung der Krankheitsresistenz fortgeführt. Die Untersuchungen werden wesentlich ergänzt und begleitet durch ein vom BMBF gefördertes Projekt zur biologischen Sicherheit.

Im Jahre 2000 wurden wieder eine Reihe von Forschungsprojekten erfolgreich beendet. Die Ergebnisse fließen in die Politikberatung ein und konnten auch in Form von Methoden oder pflanzlichem Material wirksam gemacht werden.

Eigene Züchtungsergebnisse bei Apfel, Erdbeere und Himbeere wurden zum Sortenschutz beim Bundessortenamt angemeldet.

Bei einer Tagung (8. Ascherslebener Symposium) zum Thema „New aspects of resistance research on cultivated plants“ lag der Schwerpunkt auf Epidemiologie, Pathogenität, Charakterisierung und Diagnose phytopathogener Pilze. Wissenschaftler aus 8 Ländern konnten dabei in der BAZ begrüßt werden.

Das 6. Internationale Wartburg-Aroma-Symposium wurde 2000 maßgeblich durch das BAZ-Institut für Qualitätsanalytik ausgerichtet. Dieses Symposium versteht sich als Diskussionsforum für Probleme der Aromaforschung. Aus dem Forschungsgebiet der BAZ, das züchterische Verbesserung von Inhaltsstoffen und Geschmackskomponenten bearbeitet, wurden den

Fachkollegen aus 16 Ländern Ergebnisse zur Humansensorik und neue Schnellmethoden zur Analytik vorgestellt.

Die „Internationale Grüne Woche“ in Berlin gab Gelegenheit, im Rahmen der Präsentation des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten den Wert und die Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen darzustellen.

Erfreulicher Weise gab es auch im Jahr 2000 wieder einige Preise und Auszeichnungen für Mitarbeiter der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen. Besonders hervorgehoben werden soll hier die Verleihung des „Innovationspreises Gartenbau 2000“ des Bundesministers für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten; das Institut für Zierpflanzenzüchtung wurde damit für seine Arbeiten an *Euphorbia fulgens* geehrt.

Kooperationsbeziehungen und daraus erwachsende Zusammenarbeit sind fester Bestandteil in der BAZ. Es ist weiterhin ein wachsendes Interesse aus dem Ausland an der Tätigkeit der Bundesforschungsanstalt zu verzeichnen; in einigen Bereichen sind die Kapazitätsgrenzen für die Aufnahme von Gastwissenschaftlern erreicht.

Arbeitsmöglichkeiten und Betriebsabläufe konnten durch den Ausbau der Internet-Zugänge weiter verbessert werden. Mit dem Ausbau der zentralen Systeme, verbunden mit einem neuen G-WIN-Anschluss an das Wissenschaftsnetz, bestehen alle technischen Voraussetzungen für Ausbau und Verwaltung der Datenbanken und zur Präsentation großer Datenmengen.

Die Digitalisierung des Bibliotheksbestandes macht weitere Fortschritte. Es wird begonnen, die maschinenlesbaren Titel der z. T. dezentralisierten Buchbestände in einer zentralen Datenbank „Bibliothekskatalog“ zusammenzufassen, um ihn den Mitarbeitern via Internet zugänglich zu machen.

Eine entscheidende Maßnahme, die sich für die BAZ aus dem Rahmenkonzept ergab, war die vorgeschriebene Schließung des Instituts für Resistenzgenetik am Standort Grünbach zum 31.12.2000. Die Arbeiten dieses Instituts wurden abgeschlossen, z. T. eingestellt oder wurden auf andere Institute verlagert. Ausgeschiedenen Mitarbeitern sei auch an dieser Stelle gedankt. Das Rahmenkonzept sieht die Überführung der Bestände der BAZ-Genbank in Braunschweig nach Gatersleben zur Schaffung einer Gesamtdeutschen Genbank vor. Die Vorbereitungen für die Zusammenlegung laufen. Die BAZ-Genbank stellt ihr know how im Datenmanagement für die Einrichtung der neuen größeren Genbank zur Verfügung. Die Braunschweiger Gruppe wird künftig einen Beitrag für die In-situ-Erhaltung genetischer Ressourcen leisten und stärker bei der Evaluierung und Erschließung genetischer Ressourcen innerhalb der BAZ wirksam werden.

Im Juni 2000 konnte in Dresden-Pillnitz das rekonstruierte und neu eingerichtete Gebäude des Instituts für Obstzüchtung wieder in Betrieb genommen werden. Die Arbeitsbedingungen werden mit der Fertigstellung des Forschungsgewächshauses künftig einen sehr guten Stand erreichen.

Für den Neubau eines Instituts- und Verwaltungsgebäudes in Quedlinburg wurden die Bauanträge durch das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten (Bonn) genehmigt. Die Erteilung des Planungsauftrages wird erwartet.

The results of BAZ research are presented in detail under chapter IV in the reports of the various institutes of the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ). These reports demonstrate successful national and international collaboration and reflect as well the expertise that the BAZ staff has accumulated in the field of breeding research.

This process is accompanied by a sustained effort to establish a framework of research facilities adequate to meet the demands of today and tomorrow.

BAZ research is oriented towards the goal of achieving a sustainable and ecologically sound agriculture. With its current research projects, the majority of which are committed to improving crop resistance to diseases and environmental stresses, to the evaluation of genetic resources as well as to assuring high standards of crop quality, the research centre is making a fundamental contribution to breeding research. Directed by these goals and their material realization, BAZ was successful in attracting additional funding in 2000. In this respect, it was advantageous for the BAZ to have been one of the winners of the InnoRegio Contest as well as a participant in the national network of plant functional genomics research projects (GABI). These two programmes were particularly designed to support biotechnology projects. Nevertheless, it is essential to convey to the general public that, although biotechnology and genetic engineering belong to a range of methods applied to make plant breeding more efficient, they are no substitute for actual plant breeding itself.

Under this aspect, research efforts aimed at the improvement of disease resistance were continued with field experiments of GM crops at the BAZ sites of Aschersleben, Groß Lüsewitz and Siebeldingen. The experiments were supplemented through an accompanying project of biological risk assessment financed by the Federal Ministry of Education and Research.

In 2000, a number of research projects were brought to successful completion. The results flow into consultation for governmental policies and are translated into both methods and actual plant materials. A number of results from experiments in the breeding of apples, strawberries and raspberries were submitted to the Federal Office of Variety Protection for registration.

In this year's symposium, "New Aspects of Resistance Research on Cultivated Plants", the main focus was on phytopathogenic fungi: epidemiology, pathogenity, characterization and diagnosis. Scientists from 8 countries were guests of the BAZ on this occasion.

The BAZ Institute of Quality Analysis was largely responsible for the organization of the VI Wartburg Aroma Symposium in 2000. This symposium provides a forum for the discussion of topics in aroma research. Scientists engaged in BAZ research on the improvement of valuable plant compounds and substances responsible for aroma and taste communicated to an audience from 16 countries their results on human sensory analysis and new rapid analytical methods.

The Berlin Agricultural Fair (Grüne Woche) offered the BAZ through a collaborative exhibition of the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture an opportunity to demonstrate the value and the application of plant genetic resources.

The Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants takes pride in the fact that a number of its staff were awarded prizes in the year 2000. One prize stands out especially: the Minister of Food, Agriculture and Forestry awarded the "Innovation Prize of Horticulture 2000" to the Institute of Ornamental Plant Breeding for its achievements in *Euphorbia fulgens* research.

BAZ regards scientific collaboration and joint projects as an integral part of its work. In the year under review, BAZ continued to find a growing international interest in its activities. In some of its institutes, the capacities for accommodating visiting scientists have reached their limit.

An extension of Internet access has led to a further improvement of working conditions and has facilitated work processes. With the expansion of central systems due to the new G-WIN-

connection to the Science Network, all conditions have been met for the further development and management of databases and for the presentation of immense quantities of data. The digitalisation of the library stock is making progress. A beginning was made with the compilation of the titles of the partly decentralized book stocks in a central database as a “library catalogue” which will be made available to the BAZ staff via Internet.

A drastic consequence of the new research framework dictated by the governmental Restructuring Concept of Agricultural Research was the closure of the Institute of Resistance Genetics at the Grünbach site at the end of the year 2000. The institute’s projects were brought to a conclusion, partly discontinued or transferred to other institutes. We should like to express our thanks to all those colleagues who, in the wake of this closure, are no longer with the BAZ.

The Restructuring Concept has also scheduled the transfer of collections from the BAZ Genebank at Braunschweig to the Gatersleben Genebank with the intention of establishing a national genebank. Preparations for the merger are in progress. The process of establishing a new, expanded genebank benefits greatly from the BAZ Genebank’s know-how in data management. The Braunschweig group will focus its future activities on the in-situ conservation of genetic resources as well as on the evaluation and management of genetic resources within BAZ.

In June 2000, the Institute of Fruit Breeding was able to move back into its reconstructed and newly equipped building in Dresden-Pillnitz. With the completion of the institute’s greenhouse, working conditions there will soon be improved substantially.



Im neuen Labor des Instituts für Obstzuchtung  
In the new lab of the Institute of Fruit Breeding

In regard to construction proposals for the new BAZ laboratory and office building in Quedlinburg, the building plans have been approved by the Ministry of Food, Agriculture and Forestry (Bonn). The confirmation enabling BAZ to proceed with planning is now being expected.



## IV. Forschung Research

### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of 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 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 genetische Ressourcen zu erschließen. Dabei stehen Aspekte der gesunden Pflanze und der Produktqualität im Vordergrund.

Die Auswahl der zu bearbeitenden Zierpflanzen erfolgt unter dem Gesichtspunkt ihrer wirtschaftlichen Bedeutung und der Zugänglichkeit für eine züchterische Veränderung. Berücksichtigung finden insbesondere Vertreter aus den großen Produktionssegmenten „Gehölze“, „Stauden“ und „Unterglaskulturen“.

Mit dieser Vorgabe werden zur Zeit hauptsächlich bearbeitet: *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“ Zierpflanzenarten zunehmend an Bedeutung.

Als wesentliche Forschungsergebnisse sind zu nennen:

- *Rhododendron*: Verwendung von *Rhododendron micranthum* als Kreuzungselter zur Entwicklung kleinblütiger, „kalktoleranter“ *Rhododendron*-Formen.
- *Rosa*: Anwendung eines *Agrobacterium* vermittelten Transformationssystems mit somatischen Embryonen, die Regeneration von Rosen aus fusionierten Protoplasten, die Kartierung des Ro-



Abb.1: *Erica gracilis*-Genotypen mit langer Blühdauer bei Kultur im Freiland (Aufnahme vom 05. Januar)

Fig. 1: Long flowering genotypes of *Erica gracilis* grown outdoors (Photo taken on January 5<sup>th</sup>)

sengenomes, die Ermittlung der Populationsdynamik von Rosenblüten schädigenden unterschiedlichen Thripsarten, die Charakterisierung der lokalen Population der Erreger des Sternrußtaues (*Marssonina rosae*) bzw. des Mehltaus (*Sphaerotheca pannosa*) und die Selektion resistenter bzw. toleranter Rosengenotypen gegen diese beiden Erreger.

- *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 Ausgangsorten 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 (Abb.1)
- *Dahlia*: Genetische Analyse wirtschaftlich bedeutender Merkmale, zuchtmethodische Untersuchungen, Analyse der Abstammung der kultivierten Dahlie zur Resynthese und Verbreiterung der genetischen Basis und Untersuchungen zur Dahlien-Systematik.
- *Euphorbia*: Übertragung des „Verzweigungsfaktors“ aus *E. pulcherri-ma* in *E. fulgens*, so dass deren Nutzung als Topfpflanze große Marktchancen erhält.
- *Tibouchina*: Nach Bestrahlung mit Röntgenstrahlen die Induktion von Mutanten mit kurzen Internodien, die als kompakte Wuchsformen ohne Anwendung von chemischen Stauchemitteln verwendet werden (Abb. 2).
- Apfel: Kartierung des Apfelgenomes, vor allem der Mehltau- und Schorfloci, die Identifizierung von RAPD-Markern für die Mehltauresistenz aus *Malus zumi* und den Apfelschorflocus V<sub>f</sub>, die Identifizierung der Rasse 6 des Apfelschorfes und die Selektion von Leistungstypen, deren Sortenwert derzeit geprüft wird.

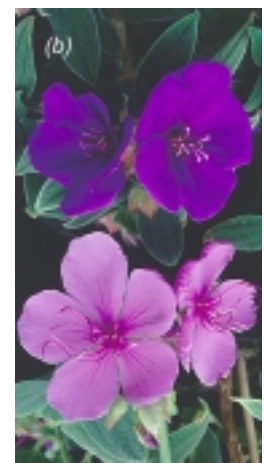
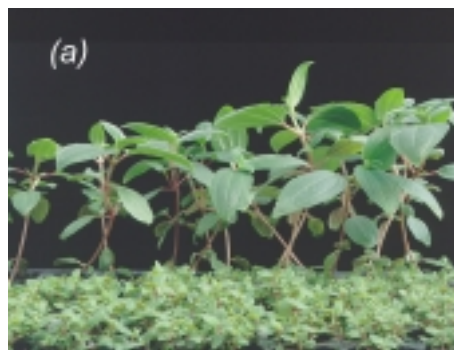


Abb. 2: Durch *in vitro* Mutagenese induzierte Mutanten von *Tibouchina urvilleana*  
a) Stecklinge einer Kompaktforn (vorne) im Vergleich zu der Ausgangsform  
b) Tetraploide Farbmутanten

Fig. 2: *In vitro* mutagenesis in *Tibouchina urvilleana*  
a) Cuttings of a dwarf type (in front) as compared with the starting material  
b) Tetraploid colour mutants.

Die Entwicklung der kalktoleranten Unterlagen für Rhododendron-Hybriden erhielt in 1999, die Herstellung von verzweigenden *Euphorbia fulgens*-Genotypen in 2000 den Innovationspreis Gartenbau des Bundesministers für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten.

The Institute of Ornamental Plant Breeding (IZZ) originates from the v. Sengbusch Research Station founded in 1948, and integrated into the Max-Planck-Society as Institute of 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 of Grapevine Breeding Geilweilerhof the former Institute of Horticultural Plant Breeding was in 1993 assigned as Institute of 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 of Fruit Breeding at Dresden-Pillnitz.

The Institute of 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* as cross parent to develop small flowering, „lime tolerant” *Rhododendron* types.
- *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*) and mildew (*Sphaerotheca pannosa*).
- *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 budbloomers.
- *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 (Fig. 1).
- *Dahlia*: Genetic analysis of economically important traits, testing of breeding methods, analysis of origin of the cultivated Dahlia for resynthesis and increasing the genetic basis, and investigation on the taxonomy of Dahlia.
- *Euphorbia*: the transfer of the „branching“ factor from *E. pulcherrima* into *E. fulgens* resulting in a high pot plant potential.
- *Tibouchina*: the selection of X-ray induced mutants with reduced internode length as prototypes for pot plants (Fig. 2).
- Apple: the genome mapping, the identification of RAPD markers for mildew resistance out of

*Malus zumi* and the apple scab locus  $V_f$ , and the selection of potential new varieties.

The institute was awarded the "Innovation Prize of Horticulture" by the Federal Minister of Food, Agriculture and Forestry in 1999 for the development of *Rhododendron* rootstocks with increased lime tolerance and in 2000 for the generation of branching *Euphorbia fulgens* genotypes.

## 1. Gentechnologie Gene Technology

### 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.; Blechert, O.; Schreiber, M.; Mattiesch, L.

#### 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 Arbeiten an der Feinkartierung des Resistenzgens *Rdr1* wurden fortgeführt. Dazu wurden erneute Resistenztestungen in den diploiden Nachkommenschaften durchgeführt um falsch klassifizierte Genotypen zu identifizieren und zusätzliche Nachkommen für die Spaltungsanalysen zur Verfügung zu stellen. Parallel wurde mit Hilfe der „bulked segregant“ Analyse nach zusätzlichen AFLP-Markern mit engerer Kopplung an *Rdr1* gesucht. Nach Testung von etwa 400 neuen Primerkombinationen konnten vier neue Marker mit enger Kopplung an *Rdr1* gefunden werden (Abb. 1). Von diesen liegen zwei telomerisch von *Rdr1* und bieten somit die Möglichkeit sich dem Gen von beiden Seiten zu nähern. Die Kopplung von zwei Markern ist mit 0,25 cM (T64) und 0,5 cM (GGC) dabei deutlich enger als die bisher isolierten Marker. T64, GGC und CAC wurden kloniert und sequenziert, um spezifische Primer für eine SCAR bzw. SSCP-Analyse herzustellen bzw. genomische BAC-Klone für die Positionsklonierung zu isolieren.

In Zusammenarbeit mit H. Kaufmann (Universität Hamburg) wurde die BAC-Genbank aus *Rosa rugosa* vervollständigt und enthält nun 27000 Klone mit einer durchschnittlichen Insertgröße von 100 kb. Der Anteil der Klone aus dem Plastidengenom liegt mit 2,3 % im unteren Bereich der in der Literatur für andere Banken beschriebenen Werte. Die Abdeckung der Bank von rund 4,6 Genomäquivalenten ist ausreichend um jede beliebige Einzelkopiesequenz mit einer Wahrscheinlichkeit von über 99 % aus der Bank zu isolieren.

Die BAC-Bank wurde zusätzlich mit den klonierten Markern T64, CAC und einem klonierten Ende eines bereits charakterisierten Klons gescreent und die neuen Klone weiter charakterisiert. End- und Teilsequenzen dieser Klone werden zur Zeit auf Überlappung mit dem bereits bekannten Kontig, sowie auf Spaltung in den diploiden Nachkommenschaften getestet. Erste Ergebnisse deuten darauf hin, dass mittlerweile ein Kontig vorhanden ist, das den Ziellocus um *Rdr1* bereits überspannt.

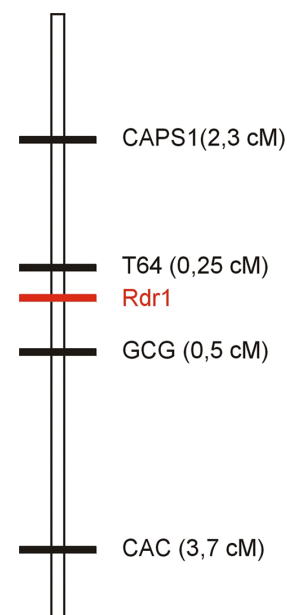


Abb. 1: Lokale Karte um das Rosenresistenzgen *Rdr1* mit eng gekoppelten molekularen Markern. Die Zahlen in den Klammern bezeichnen den Abstand der Marker von *Rdr1* in cM.

Fig. 1: Local marker map around the rose resistance gene *Rdr1*. Numbers in brackets describe the distance of markers in cM relative to *Rdr1*.

Abstract:

Mapping of the first resistance gene in roses, Rdr1, was continued in diploid segregating populations and four new markers with tight linkage to Rdr1 were found. The BAC-library of *Rosa rugosa* was completed and new clones around Rdr1 were isolated and characterised. Recent data indicate that clones spanning the locus around Rdr1 have been identified.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hamburg, Lörz, H.; Kaufmann, H.; Firma Rosen Tantau, Uetersen; Firma Kordes Söhne, Sparrieshoop; Firma Noack Rosen, Gütersloh; Universität Halle, Weber, E. (BAZ-6131)

**1.2. Induktion von Resistenzen gegenüber pilzlichen Schaderregern in Rosen durch Transformation mit Genen für antifungale Proteine**  
**Induction of resistances to fungal diseases in roses via transformation of genes for antifungal proteins**

Dohm, A.; Ludwig, C.; Schilling, D.; Debener, Th.

Zielsetzung/Aim:

In der Rosenzüchtung gewinnen aufgrund eines verstärkten Umweltbewusstseins der Verbraucher und einer veränderten Pflanzenschutzmittelgesetzgebung Krankheitsresistenzen als Zuchtziele immer größere Bedeutung. Neben Insekten, wie Thripsen und Läusen, sind die pilzlichen Krankheiten Sternrußtau und Mehltau besonders wichtig. Die Einkreuzung von Resistenzgenen aus Wildarten wird behindert durch die unterschiedlichen Ploidiestufen verschiedener Rosenarten und die mögliche Kopplung der angestrebten Resistenzen mit unerwünschten Merkmalen. Eine Alternative stellt das gezielte Einbringen von Resistenzgenen durch Transformation dar. Dieses Verfahren

bietet außerdem den Vorteil, dass rassenunspezifische Resistenzgene aus anderen Pflanzenarten oder sogar aus anderen Organismen eingebracht werden können, die vermutlich zu dauerhaften Resistenzen führen. Als potentiell nicht rassenspezifische Resistenzgene gegen Sternrußtau und Mehltau wurden verschiedene Gene für Ribosomen inaktivierende Proteine, Chitinasen und Glucanasen aus Gerste (von G. Jach, MPI Köln, zur Verfügung gestellt) sowie das T<sub>4</sub>-Lysozym-Gen (von Kl. Düring, MPB Köln, erhalten) verwendet.

Depending on an enhancing ecological awareness and a changing plant protection legislation in rose breeding resistances are becoming more and more important. Besides insects, like thrips and aphids, the fungal diseases blackspot and powdery mildew are of main economical importance. The integration of resistance genes via crosses with wild species is complicated due to varying ploidy levels in rose species and a possible linkage of resistance genes with undesired traits. Alternatively, resistance genes can be transferred via transformation. One advantage of this strategy is the possibility to include non race specific resistance genes from other plant species or even from other organisms. These genes are expected to ensure long term resistances. Potential candidates for non race specific resistance genes against blackspot and powdery mildew are genes for ribosome inactivating proteins, chitinases and glucanases from barley, which were kindly provided by G. Jach (MPI, Cologne) as well as the T<sub>4</sub>-Lysozyme gene, which was isolated by Kl. Düring (MPB, Cologne).

Ergebnisse:

Im Berichtsjahr 2000 wurde die Analyse der vorhandenen transgenen Pflanzen fortgesetzt und es wurden weitere transgene Pflanzen mit neuen Konstrukten hergestellt. Die Anzahl der bisher erstellten transgenen Rosengenotypen ist in Tabelle 1 zusammengefasst.

Tab. 1: Zusammenstellung der transgenen Rosengenotypen  
Table 1: Summary of transgenic rose genotypes

Funktion der integrierten Transgene	Herkunft der Gene	Anzahl unabhängiger transgener Pflanzen
β-Glucoronidase	<i>E. coli</i>	12
Ribosomen inaktivierendes Protein + Chitinase	Gerste	36
Glucanase + Chitinase	Gerste	13
Ribosomen inaktivierendes Protein + Signalpeptid	Gerste	28
Chitinase + Signalpeptid	Gerste	3
Lysozym	T4-Phage	7

Da die Pilzresistenz das interessanteste Merkmal der transgenen Pflanzen ist, wurden sie zunächst dahingehend analysiert. Die als erstes erfasste Pilzkrankheit war Sternrußtau, denn hierfür war bereits ein quantitatives Nachweissystem etabliert. In drei unabhängigen Wiederholungen wurden jeweils drei bis zehn Klonpflanzen pro Genotyp mit einer Sporensuspension der Dichte 10<sup>4</sup> – 10<sup>5</sup>

Konidien pro ml besprüht und der Infektionsverlauf über einen Zeitraum von drei Wochen hinweg verfolgt. Dabei wurden wiederholt die Anzahl kranker Blätter sowie die Ausprägung der Krankheitssymptome an einzelnen Blättern erfasst. Aus diesen Daten wurde im Vergleich zu zeitgleich inokulierten, nicht transformierten Kontrollpflanzen ein Krankheitsindex berechnet. Der quantitative

Nachweis ist wichtig, weil keine vollkommene Resistenz, sondern nur eine Verminderung der Anfälligkeit erwartet werden kann. Die Analyse der mit pGJ 42 (Ribosomen inaktivierendes Protein + Chitinase) und pGJ 40 (Chitinase + Glucanase) transformierten Pflanzen hatte bereits im Berichtsjahr 1999 gezeigt, dass diese keine verminderte Anfälligkeit gegenüber Sternrußtau aufweisen (Abb. 1), obwohl die Transgene exprimiert werden, wie über Northern Analysen nachgewiesen werden konnte (Abb. 2). Von den untersuchten transgenen Pflanzen exprimierten etwa 80 % die antifungalen Gene. Gleichzeitig konnte mit Hilfe eines *in vitro* Assays gezeigt werden, dass das Mycelwachstum von *Diplocarpon rosae*, dem Erreger des Sternrußtaus, deutlich vermindert war, wenn die antifungalen Proteine zugesetzt wurden. Aus diesen Beobachtungen leitete sich die Hypothese ab, dass der Kontakt zwischen Pilz und den im Cytosol angereicherten Proteinen nicht ausreichend oder zu einem zu späten Zeitpunkt während des Infektionsverlaufs erfolgte. Dementsprechend wurden transgene Pflanzen erstellt, die die antifungalen Proteine nicht im Cytosol anreichern, sondern in den extrazellulären Raum sekretieren, indem die Gene in den Konstrukten pGJ 28 und pGJ 36 mit einer entsprechenden Signalsequenz kombiniert wurden. Erste Analysen der Anfälligkeit dieser Pflanzen gegenüber Sternrußtau bestätigten die Hypothese. Mit pGJ 28 (Ribosomen inaktivierendes Protein + Signalpeptid) transformierte Pflanzen zeigten im Mittel eine Verminderung der Anfälligkeit auf etwa 60 % (Abb. 1). Ein ähnliches Ergebnis wird für die mit pGJ 36 (Chitinase + Signalpeptid) transformierten Pflanzen erwartet, so dass die angestrebte Kombination beider Gene in einer Pflanze eine ökonomisch relevante Reduktion der Pilzanfälligkeit erwarten lässt. Die Expression des T<sub>4</sub>-Lysozym-Gens in Rosen führte zu keiner Verminderung der Anfälligkeit gegenüber Sternrußtau (Abb. 1).

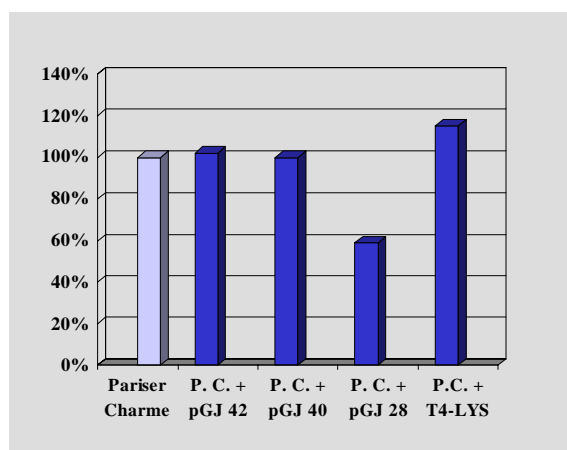


Abb. 1: Sternrußtau-Anfälligkeit transgener Rosen im Vergleich mit nicht transgenen Kontrollpflanzen

Fig. 1: Susceptibility of transgenic roses to blackspot compared with non transgenic control plants

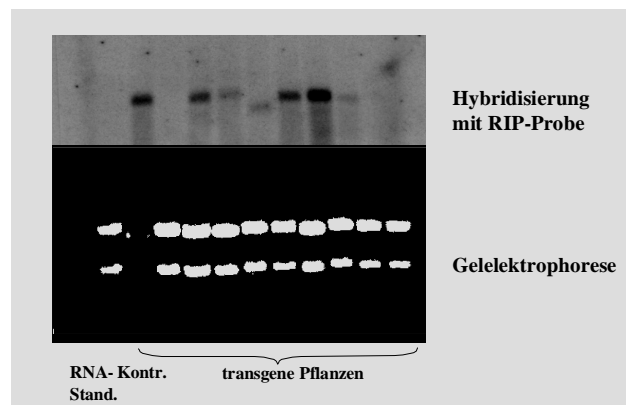


Abb. 2: Northern Analyse der transgenen Rosengenotypen

Fig. 2: Northern analysis of transgenic rose genotypes

Die Induktion von Pilzresistenz durch Transformation mit Genen für antifungale Proteine bietet Vorteile durch ihre rassen- und sogar art- und gattungsunspezifische Wirkung. Diese Strategie soll im weiteren für die transgenen Rosengenotypen untersucht werden. In laufenden Experimenten wird deren Anfälligkeit gegenüber *Botrytis cinerea* getestet. Außerdem sind Infektionsexperimente mit *Sphaerotheca pannosa*, dem Erreger des Echten Mehltaus, geplant.

Für die praktische Pflanzenzüchtung ist die Erhaltung wertbestimmender Merkmale in den transgenen Pflanzen, wie Fertilität oder Blütenstruktur, von ebenso großer Bedeutung wie ihre verbesserte Pilzresistenz. Dementsprechend werden alle transgenen Rosengenotypen im Gewächshaus kultiviert und hinsichtlich dieser Merkmale bonitiert. Einige transgene Pflanzen zeigen deutliche Abweichungen von den Kontrollpflanzen in Blatt- und Blütenformen. Im Mittel ist die männliche Fertilität der transgenen Pflanzen reduziert. Gleichzeitig weisen sie eine höhere Zahl an Blütenblättern auf, so dass offensichtlich männliche Blütenorgane zu Blütenblättern umgewandelt worden sind. Die beobachteten Abweichungen sind sowohl auf somaklonale Variation als auch auf die Transformation zurückzuführen.

Da ein wesentliches Argument der Gegner gentechnisch veränderter Pflanzen der Einsatz von Resistenzgenen gegen bestimmte Antibiotika als selektierbare Marker ist, müssen alternative Selektionsstrategien entwickelt oder auf die Selektion während der Regeneration der transgenen Sprosse verzichtet werden. Wird in unserem Transformationssystem kein Selektionsagens eingesetzt, sinkt der Anteil selektierbarer, transgener Sprosse unter den Regeneraten von etwa 3 % auf nahezu 0 %. Offensichtlich besitzen die nicht transformierten Zellen und Meristeme einen deutlichen Entwicklungsvorsprung, so dass sie die transformierten Zellen überwachsen, wenn sie nicht in ihrer Entwicklung behindert werden. Dementsprechend kann auf die Selektion nicht verzichtet werden. Als mögliche alternative Selektionsmarker wurden einerseits zwei Zucker, Xylose und Mannose, und andererseits die Reduktion der Eisenkonzentration im Nährmedium getestet. Während der teilweise oder vollständige Ersatz von Sac-

charose durch Xylose keinen negativen Effekt auf die Regeneration hat, wird die Entwicklung der somatischen Embryonen durch Zugabe von Mannose an Stelle von Saccharose vollständig unterdrückt. Aufgrund dieser Ergebnisse soll jetzt im weiteren getestet werden, ob die Transformation mit dem entsprechenden Gen Mannose für die Embryonen verfügbar macht und somit als alternativer Selektionsmarker dienen kann. Weiterhin konnte gezeigt werden, dass die Reduktion der Konzentration an Fe-EDTA auf ein Viertel der Konzentration im MS-Medium bei Rosen in *in vitro*-Kulturen deutliche Chlorosen hervorruft. Es wurden somatische Embryonen mit dem Fro2-Gen aus *Arabidopsis* transformiert, dass in *Arabidopsis* die Eiseneffizienz signifikant steigert. In laufenden Experimenten wird die Eiseneffizienz der transgenen Rosensprosse auf Nährmedien mit reduzierten Eisengehalten getestet.

In Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe von C. Poncet an der INRA, Antibes wurden Agrobakterien-Wildstämme, die von dieser Gruppe aus Rosen isoliert worden waren, mit einem pBin 19-Konstrukt + GUS-Intron-Gen transformiert. Mit diesen Wildstämmen wurden *in vitro*- Sprosse verschiedener Rosengenotypen infiziert und anschließend bewurzelt und in Erde überführt. Es zeigte sich, dass die Pflanzen systemisch mit den Agrobakterien infiziert waren, denn es konnte GUS-Expression der Pflanzen nachgewiesen werden. Zudem bilden sie vereinzelt Tumore. Die GUS-Expression tritt bevorzugt an den männlichen und weiblichen Blütenorganen auf, u.a. wurde wiederholt GUS positiver Pollen gefunden. Somit könnte diese Transformationsstrategie – die systemische Infektion von Pflanzen mit Agrobakterien und ihre spätere Nutzung als Kreuzungspartner – eine Alternative zum Agrobakterien vermittelten Gentransfer in somatische Embryonen darstellen. Die Umgehung der *in vitro*-Regeneration bedeutet eine deutliche Steigerung der Transformationseffizienz und es könnte auf Antibiotikaresistenzen als Selektionsmarker verzichtet werden.

#### Abstract:

In 2000, further transgenic plants with different combinations of genes for antifungal proteins were produced (Tab. 1). These plants were analysed for their resistance to blackspot. As Fig. 1 shows, the susceptibility to blackspot could not be reduced by cytosolic expression of the antifungal proteins pGJ40, pGJ42 and T<sub>4</sub>– though gene expression was proved by Northern analysis (Fig. 2). The secretion of the ribosome inactivating protein into the extracellular space (pGJ28), however, reduced the susceptibility against blackspot to 60 % in the mean. In running experiments the transgenic plants are tested for their susceptibility to botrytis and to powdery mildew.

Several transgenic genotypes show a varying leaf and flower morphology compared with control plants. Furthermore, their male fertility is slightly reduced. This variation is the result of somaclonal variation and of the transformation procedure.

In order to obtain a transformation system without use of antibiotics as selectable markers the reaction of somatic rose embryos to different sugar types and to reduced iron concentrations in the culture medium was tested. It could

be shown, that the supplementation of sucrose by mannose as well as iron deficiency inhibit shoot regeneration and therefore can be used as selective agents. At present, somatic embryos are transformed with the corresponding genes and the resulting shoots are tested for their efficiency on selective culture media. In addition, rose shoots were infiltrated with agrobacterium wild strains, which had been isolated out of roses and were transformed with an additional plasmid carrying a GUS(Int) gene by the group of C. Poncet (INRA, Antibes). The infiltrated shoots were rooted and transferred into the greenhouse. The resulting plants proved to be systemically infected with agrobacteria and produced pollen and pistils showing GUS expression. Therefore, this strategy could be a promising approach for an efficient transformation system without use of *in vitro* regeneration as well as antibiotics as selectable markers.

In Zusammenarbeit mit: Fa. W. Kordes' Söhne Rosenschulen, Klein Offenseth Sparrieshoop; Fa. Noack's Rosen, Gütersloh; Fa. Rosen Tantau, Uetersen; INRA, Antibes

BAZ (6136)

### 1.3. Genetische und molekulargenetische Charakterisierung von gartenbaulich wichtigen Merkmalen bei *Rhododendron*

#### Genetic and molecular characterization of horticulturally important traits in *Rhododendron*

Dunemann, F.; Illgner, R.; Radies, M.; Stange, I.

#### Zielsetzung/Aim:

Die wichtigste abiotische Schadursache bei *Rhododendron* ist die auf eine ausgeprägte Empfindlichkeit gegenüber hohen Kalkgehalten im Boden zurückzuführende Eisenmangelchlorose. Das Anbauggebiet für *Rhododendron* könnte ohne weitere Erhöhung des Torfverbrauches ausgedehnt werden, wenn kalktolerante Formen gezielt durch züchterische Maßnahmen geschaffen werden könnten. Neben genetisch-züchterischen Untersuchungen der Kalktoleranz und weiterer gartenbaulich interessierender Merkmale wie Blütenfarbausprägung und Stecklingsbewurzelungsfähigkeit wird mit Hilfe molekularer Markertechniken versucht, an der Merkmalsausprägung beteiligte Gene zu kartieren und Verfahren zur markergestützten Selektion von Basismaterial zu entwickeln.

Lime-induced iron chlorosis is the most important nutritional disorder in *Rhododendron*. The area of *Rhododendron* cultivation could be extended without further increase of peat consumption, if lime tolerant genotypes could be generated by systematic breeding approaches. In addition to a genetic analysis of the lime tolerance and other traits being important for breeders and growers molecular analyses are aimed at the identification of molecular markers and mapping of candidate genes.

Ergebnisse:

Die Arbeiten zur Konstruktion einer detaillierten Chromosomenkarte für großblütige immergrüne Rhododendren wurden abgeschlossen. Damit steht eine hochauflösende Genkarte für die Kartierung von Majorgenen und QTLs bereit. Die bereits existierende, aber noch relativ ungenaue Karte für die Population RD2 (Rh16 x 'Cunningham's White'), die auf der Grundlage von RAPD- und RFLP-Markern erstellt worden war, wurde mit Hilfe von etwa 300 zusätzlichen AFLP-Markerloci abgesättigt. Hierdurch war es möglich, eine nahezu komplette Genomabdeckung und eine Auflösung der Karte in die erwartete Chromosomengrundzahl von 13 zu erhalten. Mit einer Ausnahme ließen sich die getrennt errechneten elternspezifischen Karten mit Hilfe von „allelischen Brücken“ verbinden und damit einander zuordnen. Die Gesamtlänge der Karte für den Elter 'Cunningham's White' beträgt 820cM, die Karte für den Elter Rh16 ist etwa 100cM kürzer. Der durchschnittliche Markerabstand beträgt 2.5cM (Elter Rh16) bzw. 3cM (Elter 'Cunningham's White'). Die Kopplungsgruppe 13 des „kalktoleranten“ Elters 'Cunningham's White', auf der ein „starker“ QTL für Chlorosefestigkeit ermittelt werden konnte, der für markergestützte Selektionsaufgaben in Frage kommt, wurde um ca. 20cM verlängert. Hierdurch stehen zusätzliche mit dem QTL gekoppelte molekulare Marker zur Verfügung, die für eine geplante Erweiterung der QTL-Analysen genutzt werden können. Der mit dem QTL auf Gruppe 13 gekoppelte RAPD-Marker 502/503-400, der eine markergestützte Selektion auf diesen QTL erlaubt, wurde erfolgreich in einen SCAR-Marker umgewandelt. Die Sequenzierung dieses SCAR-Markerfragmentes aus der entfernt verwandten, hochgradig kalktoleranten Art *R. micranthum* ergab eine nahezu vollständige Identität auf DNA-Ebene. Einige in der Sequenz einzeln auftretende „single nucleotide polymorphisms“ konnten zur gezielten Schaffung eines CAPS-Markers („cleaved amplified polymorphic site“) verwendet werden. Hiermit sind weitere molekulare Markeranalysen des Merkmals Kalktoleranz in Nachkommenschaften aus Kreuzungen mit *R. micranthum* möglich.

Obwohl bei der vegetativen Vermehrung von Rhododendronsorten und -unterlagen zunehmend *in vitro*-Kulturtechniken eingesetzt werden, hat die herkömmliche Art der Vermehrung durch Stecklingsbewurzelung nach wie vor eine sehr hohe Bedeutung. Da bekannt ist, dass bei *Rhododendron* hinsichtlich des Merkmals „Stecklingsbewurzelung“ eine hohe genotypische Variabilität und sehr wahrscheinlich auch eine entsprechende Heritabilität vorliegt, sollte untersucht werden, ob die phänotypische Variation innerhalb einer Rhododendron-Kreuzungsnachkommenschaft so sicher erfasst werden kann, dass QTL-gestützte Kartierungsvorhaben für dieses Merkmal möglich sind. Diese Arbeiten zielen auf die Schaffung neuer, kalktoleranter Unterlagengenotypen mit hoher Bewurzelungseffizienz *in vivo* wie *in vitro*. Für den beschriebenen Ansatz wurde die Kartierungspopulation RD2 verwendet. Die Prüfung der Stecklingsbewurzelungsfähigkeit wurde in zwei getrennten Versuchsreihen unter Einbeziehung praxisüblicher Verfahren während des Winters 1998/99 und 1999/2000 im Gewächshaus durchgeführt. Es wurden durchschnittlich 10 Klone von jedem

der 70 RD2-Individuen geschnitten und randomisiert auf einem mit Folie überspannten Gewächshaustisch gesteckt. Die Auszählung der bewurzelten Stecklinge erfolgte jeweils am Ende des Winterhalbjahrs. Es zeigte sich dabei, dass die Reaktion der einzelnen Genotypen in beiden Jahren in etwa gleich war (Abb. 1). Dies wurde auch durch einen hochsignifikanten Korrelationskoeffizienten ( $r = 0.48$ ) bestätigt. Für beide Jahre getrennt durchgeführte QTL-Analysen führten zu einem interessanten Ergebnis: Auf der Kopplungsgruppe 12 des Elters 'Cunningham's White', der im Gegensatz zu Rh16 die weitaus bessere Bewurzelungsfähigkeit besaß (ca. 90 % gegenüber 25 % bei Rh16), wurden hochsignifikante QTL-Effekte in vergleichbaren Chromosomenabschnitten errechnet. Die elternspezifische Karte von Rh16 zeigte dagegen keinerlei entsprechende QTL-Effekte. Diese Ergebnisse lassen vermuten, dass ein Genomabschnitt identifiziert werden konnte, der eventuell ein für die Bewurzelungsfähigkeit von Stecklingen hauptverantwortliches Majorgen trägt.

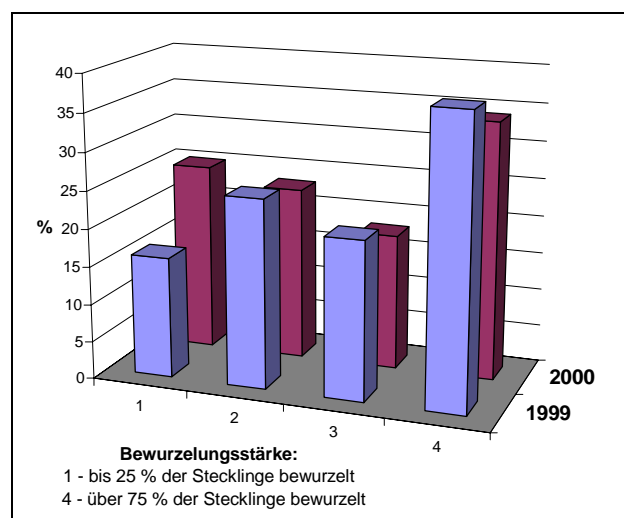


Abb. 1: Anzahl der RD2-Genotypen in Bewurzelungsklassen 1-4

Fig. 1: Number of RD2 genotypes in rooting classes 1-4

Abstract:

A saturated molecular linkage map has been constructed for large flowering evergreen rhododendrons. By using the AFLP marker technique, the existing but yet quite unprecise map was optimized. About 300 additional markers were used for the new map. Parent specific maps were constructed for 'Cunningham's White' and 'Rh16'. The total map length for 'Cunningham's White' is 820cM and about 720cM for 'Rh16', respectively. The average marker distance is in a range between 2.5 and 3cM. Thirteen linkage groups corresponding to the basic chromosome number could be linked by „allelic bridges“. The present linkage map is suited for further mapping work aimed at the identification of major genes, i.e. controlling flower colours, or the analysis of QTLs for polygenic traits. Based on the actual map, a QTL approach has been directed on the trait „rooting ability of cuttings“. This trait, which is important for rhododendron breeders and growers, is genetically controlled and shows a large ge-



notypic variability among cultivars and species. Two separate rooting experiment were performed during the winters 1999 and 2000 in a greenhouse. Ten cuttings of each of the seventy RD2 genotypes were investigated by using a practically usual rooting method. Rooting data of both years were correlated and allowed separate QTL analyses for the trait „rooting ability“. The results clearly indicate the contribution of „strong“ QTL effects on linkage group 12 possibly caused by the presence of a major gene located in this genomic region.

(BAZ-6126)

#### 1.4. Transformation von *Rhododendron* mit Genen zur Erhöhung der abiotischen Stresstoleranz Transformation of *Rhododendron* with genes for abiotic stress tolerance

Dunemann, F.; Illgner, R.; Radies, M.; Stange, I.

##### Zielsetzung/Aim:

Bei nahezu allen Arten der Gattung *Rhododendron* sowie zahlreichen weiteren Angehörigen der *Ericaceae* tritt in der gärtnerischen Kultur als physiologische Störung die kalkbedingte Eisenmangelchlorose auf. Ziel des Projekts ist es, gentechnische Lösungsansätze für eine verbesserte Wurzelansprache auf ungünstigen Böden und eine Erhöhung der Eiseneffizienz unter Stressbedingungen zu entwickeln. Die Bearbeitung der Aufgabe erfolgt in zwei parallel verfolgten Transformationsvorhaben auf der Basis eines zuvor entwickelten Agrobacterium-vermittelten Transformationssystems.

Lime-induced iron chlorosis is the most important nutritional disorder in large-flowering evergreen *Rhododendron* species and hybrids. In addition, lime-induced chlorosis affects numerous other horticultural and agricultural crops grown on calcareous soils throughout the world. The project is aimed at the improvement of the rooting system and the enhancement of iron efficiency under lime stress conditions by using an Agrobacterium-mediated gene transfer protocol developed previously.

##### Ergebnisse:

Für die Transformation von *Rhododendron* wurde am IZZ Ahrensburg ein modifiziertes Blattexplantat-Verfahren entwickelt. Dabei werden die Blattexplantate vor der Inokulation mit den Agrobakterien auf einem Regenerationsmedium bis zum Einsetzen einer starken Sprossregeneration vorkultiviert. Erst in dieser Phase wird die Transformation durchgeführt. Die dabei maximal zu erzielenden Transformationsraten liegen bei etwa 1-2 %.

Die Transformation mit Zielgenen erfolgt auf der Basis zweier sehr unterschiedlicher Strategien. Ein relativ unspezifischer Ansatz, der auf der Verwendung von verschiedenen *rol*- (root loci-) Genen aus *Agrobacterium rhizogenes* basiert, soll zu einem verbesserten Wurzelwachstum von transgenen *Rhododendron*-Unterlagen unter suboptimalen Bodenbedingungen führen. Diese Versuche sind soweit abgeschlossen, dass jetzt ein umfangreiches transgenes Pflanzenmaterial zur Verfügung steht, welches zur Zeit molekular und stressphysiologisch untersucht wird. Insgesamt sind aus 14 Einzeltransforma-

tionsereignissen mehr als 300 transgene Pflanzen im Gewächshaus vorhanden. Die meisten der transgenen Genotypen wachsen völlig normal und zeigen bei einem leicht modifizierten Blattphänotyp ein sehr umfangreiches Wurzelsystem (Abb. 1). Bereits bei der *in vitro*-Bewurzelung auf Standardmedium, aber auch bei Verwendung eines mit 10mM NaHCO<sub>3</sub> angereicherten Kalkstressmediums zeigte sich bei einigen *rolABC*-transgenen Genotypen eine signifikant bessere Bewurzelungsfähigkeit. Ob eine Übertragung der *in vitro* erhaltenen Ergebnisse auf reale Kalkstressbedingungen gegeben ist, soll in den für das Jahr 2001 geplanten Gewächshausversuchen untersucht werden.



Abb. 1: Ausgeprägte Wurzelsysteme von *rolABC*-transgenen *Rhododendron*-pflanzen

Fig. 1: Strong root systems of *rolABC* transgenic *rhododendron* plants

Molekulare Analysen von repräsentativen Stichproben der T<sub>0</sub>-Pflanzen wurden sowohl mittels PCR-Analysen als auch durch Southern-Blot-Hybridisierungen durchgeführt. Hierbei zeigte sich, dass die meisten Pflanzen mit der *rolABC*-Genkombination transformiert sind. RT-PCR-Techniken wurden erfolgreich zum Nachweis der Genexpression eingesetzt.

Der zweite Ansatz zur gentechnologischen Lösung des Eisenchlorose-Problems der immergrünen *Rhododendron* beinhaltet die Transformation mit spezifischen Genen des Eisenstoffwechsels der Pflanze. Eine Hauptkomponente der Eiseneffizienz von dikotylen Pflanzen (Strategie 1-Pflanzen) ist die vermehrte Bildung von Fe<sup>3+</sup>-Chelatreduktase (Fe-Reduktase) unter Eisenmangel-Stressbedingungen. Daneben ist die Reduktion von Fe<sup>3+</sup> für ein obligatorischer Schritt bei der Eisenaufnahme und Umsetzung in der Pflanze. Auch *Rhododendron*-pflanzen zeigen eine verstärkte Fe-Reduktaseaktivität bei Eisenmangel. Da vermutet wird, dass die aus dem Kalk entstandenen Bicarbonat-Anionen (HCO<sub>3</sub><sup>-</sup>) die Eisenaufnahmemechanismen beeinträchtigen, könnte die konstitutive Expression von beteiligten Schlüsselgenen eventuell eine positive Wirkung haben.

Das von N. Robinson und seiner englischen Arbeitsgruppe aus *Arabidopsis thaliana* isolierte FRO2-Gen, welches unter Eisenmangelbedingungen in *Arabidopsis*-wurzeln verstärkt exprimiert wird, konnte inzwischen erfolgreich in verschiedene *Rhododendron*-genotypen eingebracht werden. Zur Zeit stehen mehr als 20 transgene Linien aus Transformationen der Genotypen 'Cunningham's White', Rh 10, Rh 33 und Rh 37 zur Verfügung. Die ersten trans-

genen Pflanzen befinden sich bereits im Gewächshaus. Eine ebenfalls für gentechnische Ansätze sehr interessante Gruppe von Zielgenen ist für die Produktion von Fe<sup>2+</sup>-Transportproteinen verantwortlich. Insbesondere das Eisentransporter-Gen IRT1 aus *Arabidopsis thaliana* bzw. homologe Gene könnten zur Erhöhung der Eiseneffizienz beitragen. IRT1 hat ein dem FRO2-Gen vergleichbares Expressionsmuster, d. h. es wird unter Eisenmangelstressbedingungen verstärkt exprimiert. Eine von U. Eckhardt (Humboldt-Universität Berlin) isolierte cDNA mit sehr hoher Homologie zu IRT1 (LeIRT1), die in der Lage ist, entsprechende Hefemutanten zu komplementieren, wurde zur Erstellung eines für die Agrobakterien-vermittelte Transformation geeigneten Genkonstruktes verwendet und steht für weitere Rhododendron-Transformationen zur Verfügung. Es ist geplant, auch bereits vorhandene FRO2-Transgene zusätzlich mit LeIRT1 zu transformieren, um bereits auf Ebene der T<sub>0</sub>-Generation denkbare synergistische Wirkungen untersuchen zu können. Hierfür wurde das Konstrukt in den binären Vektor pLH7000 (L. Hausmann und R. Töpfer, Inst. für Rebenzüchtung) eingebracht, der eine Selektion auf das Herbizid „Basta“ erlaubt.

**Abstract:**

An Agrobacterium-mediated gene transfer technique was used for the transformation of evergreen, large flowering *Rhododendron* hybrids with several target genes. The transformation protocol is based on *in vitro* pre-cultured leaves taken from *in vitro* shoots. Dependent on the genotype, transformation rates between one and two percent have been obtained. Two different strategies have been followed in transformation experiments with target genes. In an unspecific approach rol genes from *Agrobacterium rhizogenes* were used. The focal point was layed on rolABC under the control of its own promoter. Severe growth retardation was observed only in two of 14 transgenic lines. The other lines showed only a slightly modified leaf morphology and strong root systems. *In vitro* rooting even on a lime enriched culture medium was significantly improved in some rolABC genotypes. In a second approach specific genes for the enzyme ferric reductase are being investigated. This enzyme is also in *Rhododendron* involved in plant strategies to an increased uptake of iron under low iron stress soil conditions, but may be negatively influenced by bicarbonate anions released from the lime salts. Attempts have been started to create transgenic plants with a constitutive expression of the FRO2 gene from *Arabidopsis thaliana*. Transfer of rol genes as well as the FRO2 gene in different *Rhododendron* rootstock genotypes was proved by DNA and RNA analysis.

In Zusammenarbeit mit: Humboldt-Universität Berlin, U. Eckhardt  
(BAZ-6143)

### **1.5. Erhöhung der Pathogenresistenz von kultivierten Cyclamen unter Verwendung gentechnischer Methoden**

#### **Enhancement of pathogen resistance of cultivated Cyclamen using gene transfer techniques**

Dunemann, F.; Illgner, R.; Stange, I.

**Zielsetzung/Aim:**

Die Cyclamenwelkekrankheit, hervorgerufen durch den Erreger *Fusarium oxysporum* f. sp. *cyclaminis*, ist die wirtschaftlich wichtigste Pilzkrankheit bei kultivierten Alpenveilchen. Da eine chemische Bekämpfung äußerst schwierig und außerdem wegen der veränderten Pflanzenschutzmittelgesetzgebung Restriktionen unterliegt, ist die Entwicklung resistenter Cyclamenarten anzustreben. Genetisch-züchterische Ansätze zur Übertragung von natürlich vorkommenden Resistenzgenen aus anderen Cyclamenarten werden aufgrund der erheblichen Schwierigkeiten bei der Artbastardierung von Cyclamen sehr langwierig sein. Es soll deshalb ein Transformationssystem bei *Cyclamen persicum* erarbeitet und genutzt werden, um eine gentechnische Lösung auf der Grundlage von unspezifischen Resistenzgenen wie z. B. Chitinase oder Thionin zu finden.

Wilting caused by the fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *cyclaminis* is the economically most important disease of cultivated *Cyclamen*. Due to a difficult chemical plant protection and the altered legislation of pesticides there is a need to develop resistant cultivars. A variety of not further characterized resistances seem to exist in other wild species of *Cyclamen*, however, because of the difficulties in interspecific hybridizations the introgression of the respective genes by breeding will be lengthy. Therefore, a transformation system for *Cyclamen persicum* will be developed and used for the integration of unspecific resistance genes as for example chitinases or thionines by gene transfer techniques.

**Ergebnisse:**

Im Laufe des Berichtsjahres wurden keine neuen Transformationsexperimente begonnen. Die Arbeiten konzentrierten sich auf die Anzucht von transgenen Cyclamenpflanzen im Gewächshaus, ihre phytopathologische und molekulare Analyse, sowie umfangreiche Kreuzungsaktivitäten während des Winters 2000.

Aus ersten Zielgen-Transformationsexperimenten stehen inzwischen sechs transgene Linien mit zusammen etwa 25 ausgewachsenen Cyclamenpflanzen zur Verfügung. Vier Linien konnten erfolgreich mit der ChitinaseA/RIP (Ribosomen-inaktivierendes Protein)-Kombination und zwei Linien mit dem *Arabidopsis*-Thioningen Thi2.1 transformiert werden. Versuche, die transgenen Originalpflanzen nachträglich *in vitro* zu klonen, erwiesen sich als äußerst langwierig und haben nur in einem Fall zu einem Erfolg geführt. Es wurde daher entschieden, die weiteren Analysen auf der Grundlage von samenvermehrten transgenen T<sub>1</sub>-Pflanzen durchzuführen. Um bereits vor den endgültigen *Fusarium*-Resistenztestungen, die aufgrund der geschilderten Ineffizienz bei der Verklonung der T<sub>0</sub>-Pflanzen nur auf der Grundlage von generativ vermehrten Nachkommenschaften im Gewächshaus realisierbar sind, eine vorläufige Aussage über das Resistenzverhalten von

transgenen Einzelpflanzen machen zu können, wurde ein Labortest etabliert. Hierzu wurden etwa 3 - 4 cm lange Blattstielsegmente, aber auch ganze Blätter mit vollständigem Blattstiel mit einer Sporensuspension zweier definierter Pilzisolat inokuliert. Anschließend wurde der Befallsverlauf kontinuierlich ermittelt. Die bisherigen Auswertungen ergaben in zwei Linien wiederholt eine signifikant niedrigere Befallsrate im Vergleich zu den nichttransformierten Ausgangsgenotypen. Auch wenn eine präzise Quantifizierung der Befallsreduktion auf der Basis relativ kleiner Pflanzenteile zur Zeit schwierig ist, wird davon ausgegangen, dass ein nicht unerhebliches Maß an Fusariumresistenz erzielt werden konnte. Die im Winter 2000 durchgeführten Testkreuzungen zwischen transgenen Cyclamengenotypen als Pollenspenden und kommerziell erfolgreichen Cyclamensorten haben zu etwa 20 Nachkommenschaften mit zusammen über 800 T<sub>1</sub>-Pflanzen geführt. Die bislang durchgeführten PCR-Analysen der sich zur Zeit im 2 bis 3-Blattstadium befindenden Sämlinge haben eindeutig gezeigt, dass eine genetische Weitergabe des bzw. der Transgene in die nächste Generation erfolgt ist. Die sich im Frühjahr 2001 anschließenden Fusariumtestungen werden zeigen, ob die auf der Basis von T<sub>0</sub>-Einzelpflanzen ermittelte Resistenzausprägung auch in den generativ entstandenen Nachkommen auftritt. Da es möglich ist, dass mit den verwendeten Konstrukten für die Expression von antifungalen Proteinen weitere ökonomisch wichtige Pilzarten erfasst werden können, sollen neben den Fusariumtestungen auch Evaluierungen hinsichtlich einer möglichen *Botrytis*-Resistenz erfolgen.

#### Abstract:

Transgenic Cyclamen plants have been obtained within a project to develop of *Fusarium*-resistant breeding material. Six transgenic lines consisting of a total of 25 flowering Cyclamen plants are available now from transformation experiments with gene constructs for antifungal proteins like chitinase, ribosome-inactivating protein and thionin. The work of the year 2000 concentrated on the molecular and phytopathological analysis of the transgenic plants. Up to now it was not possible to screen the T<sub>0</sub>-plants for resistance on a whole plant level. The clonal propagation of selected Cyclamen *in vitro* is a difficult and time consuming process and could successfully be applied only to one genotype. The strategy followed now is to investigate T<sub>1</sub> seedlings obtained after crosses between commercial cultivars and transgenic T<sub>0</sub>-plants used as pollen donor. Presently about 800 seedlings from 20 crosses are being investigated. PCR analysis has clearly shown, that a large portion of the seedlings do contain the target genes. Testing the resistance behaviour on a population level in the greenhouse will follow in early 2000. To get a first indication about a putative *Fusarium* tolerance or resistance, a small-scale test system has been established which is using leaf stem segments and whole single leaves for inoculations with the fungus. Applying this test to the original transgenic plants, in two lines a clear reduction of disease symptoms could be observed repeatedly.

(BAZ-6142)

## 1.6. Genetische und molekulargenetische Charakterisierung der Mehltresistenz 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 von Mehltresistenz 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, sowie die spätere Isolierung des Resistenzgens schaffen. Eine 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 Pl<sub>1</sub> locus will enable an effective marker-assisted selection as well as a future gene isolation. The phytopathological and molecular evaluation of monoonidial strains of the fungus will give results about putative physiological races of *Podosphaera leucotricha*.

#### Ergebnisse:

Mit dem Ziel, neue Resistenzquellen gegen Echten Mehltau aufzuzeigen, ist im Jahre 1998 ein Testsortiment, bestehend aus 24 überwiegend älteren Kultursorten mit bekannt geringer Anfälligkeit, sowie 13 *Malus*-Wildarten mit mehr oder weniger gut charakterisierter Resistenz in mehrfacher Ausführung veredelt worden. Die Veredelungen wurden zu gleichen Teilen im Freiland und in einem seitlich offenen Foliengewächshaus aufgefplant. In den Jahren 1999 und 2000 wurden die Pflanzen auf natürlich auftretenden Mehltaubefall mehrfach visuell untersucht. Die Ergebnisse des Jahres 2000 entsprachen im wesentlichen denen des Vorjahres. Zusätzlich zu den Felddaten sind in diesem Jahr auch erstmals Infektionsversuche mit fünf exemplarisch ausgesuchten Einsporisolen aus Ahrensburg, Naoussa (Griechenland) und East Malling (Großbritannien) durchgeführt worden. Eine Inokulation von *in vitro*-Pflanzen hat sich in diesem Zusammenhang als nicht sinnvoll herausgestellt, da sowohl Blattphysiologie als auch künstliche Umwelt einer Simulation von Freilandbedingungen nicht entsprachen. Alternativ stellte sich die Inokulation von angetriebenen Zweigen unter halbsterilen Bedingungen in einer Klimakammer als die beste Methode heraus. Dafür wurden einzelne Triebe im Anschluss an die Winterruhe in Erlenmeyerkolben mit

Wasser gestellt, welche sich in geschlossenen Glasgefäßen befanden. Sobald die ersten Blätter ausgetrieben waren, wurde mit Mehltau aus Einsporisolen inokuliert. Nach einer Kulturdauer von 10 - 14 Tagen im Klimaschrank bei 20 °C, 14 Stunden Licht und 70 % Luftfeuchte wurde der Befall unter Zuhilfenahme eines Stereomikroskopes ermittelt. Alternativ ist in den Sommermonaten auch eine Inokulation von Einzelblättern aus dem Freiland auf Benzimidazol-Agar in Petrischalen getestet worden. Nach einer Kultur unter den vorstehenden Bedingungen war auch hier eine Befallsevaluierung möglich. Die Ergebnisse hingen jedoch stark vom Zustand des zur Verfügung stehenden Blattmaterials ab. Insgesamt stellt diese Methode jedoch eine sinnvolle Ergänzung zu den Sprossinokulationen dar und soll im nächsten Jahr intensivere Anwendung finden. In Übereinstimmung mit den europäischen Partnern können aufgrund der vorliegenden Daten bereits jetzt Empfehlungen ausgesprochen werden, welche Kultursorten und Wildarten in zukünftigen Zuchtprogrammen verstärkt Verwendung finden sollten.

Für die Arbeiten zur Markeranreicherung im Bereich des Resistenzlocus  $Pl_1$  ist im Jahr 1998 eine spaltende Nachkommenschaft aus 'Idared' (anfällig) x '78/18-4' ( $Pl_1$ ) mit etwa 400 Einzelpflanzen erstellt und im darauffolgenden Jahr in einem Foliengewächshaus aufgepflanzt worden. Der natürlich auftretende Befall wurde fortlaufend erfasst. Auf der Basis von Boniturdaten des ersten Standjahres sowie einer Markeranalyse mit Hilfe des an  $Pl_1$  gekoppelten SCAR-Markern AT20-450 wurde eine AFLP-gestützte Markerabsättigung unter Verwendung der Bulk-Segregant-Analyse mit Pools aus je 20 ausgewählten resistenten und anfälligen Einzelpflanzen der Nachkommenschaft durchgeführt. Insgesamt sind bisher etwa 400 Primerkombinationen getestet worden. Unter den zwischen den DNA-Pools polymorphen Markern befanden sich zwei Primerkombinationen, die eine vollständige Übereinstimmung mit den phänotypischen Daten der Teilnachkommenschaft von 40 Genotypen zeigten. Unter Einbeziehung der Befallsdaten des zweiten Standjahres sind diese Markerkandidaten an weiteren 180 Einzelpflanzen getestet worden. Beide Marker erwiesen sich als enger an  $Pl_1$  gekoppelt als der vorliegende SCAR-Marker AT20-450 (Abb. 1). Um eine einfachere Handhabung in markergestützten Selektionsprogrammen zu erreichen, wurde damit begonnen, beide AFLP-Marker in SCAR-Marker umzuwandeln.

Im Rahmen der angestrebten phytopathologischen und molekulargenetischen Charakterisierung der Mehltaupilzes *Podosphaera leucotricha* werden seit zwei Jahren 39 Einsporisolen des Erregers in Dualkultur mit der als hochanfällig geltenden Sorte 'Gibb's Golden Gage' erhalten. Methoden zur Unterscheidung der Isolate auf phytopathologischer Basis sind optimiert worden. Hier hat sich vor allem die oben bereits beschriebene Methode der Inokulation von Einzelblättern auf Benzimidazol-Agar in Petrischalen als sinnvoll herausgestellt. Geeignete Apfel-Genotypen fanden sich im bereits erwähnten Testsortiment, welches ein sehr gutes Spektrum an unterschiedlichen Resistenzformen beinhaltet. Ausführliche Versuche sind für das kommende Frühjahr geplant.

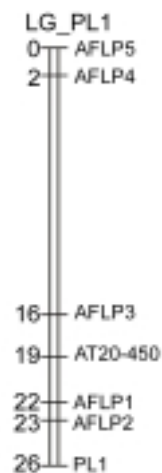


Abb. 1: Kopplungsgruppe des Mehltauresistenzgens  $Pl_1$   
Fig. 1: Linkage group of powdery mildew resistance gene  $Pl_1$

Auf molekulargenetischer Ebene hat sich die DNA-Isolierung des Pilzes gemeinsam mit dem befallenen Blatt als nicht geeignet herausgestellt, da der Anteil an Apfel-DNA in den Proben zu hoch war. Stattdessen wurden die Konidien mit Hilfe einer Vakuumpumpe von den befallenen Sprossen abgesaugt um anschließend eine DNA-Isolierung nach einem CTAB-Protokoll durchzuführen. Zur Charakterisierung der Einsporisolen wurde neben der RAPD-Technik bislang vor allem die AFLP-Technik verwendet. Die genetische Variabilität stellte sich dabei als relativ gering heraus. Innerhalb von 60 bisher getesteten Primerkombinationen konnten nur 12 Polymorphismen detektiert werden. Auf der Basis der bisher vorliegenden Daten wurde ein vorläufiger Stammbaum erstellt. Die vorliegenden Daten deuten darauf hin, dass die genetischen Unterschiede innerhalb eines Standortes bei *Podosphaera leucotricha* geringer sind als zwischen verschiedenen Standorten.

#### Abstract:

Resistance to powdery mildew caused by the obligate biotrophic fungus *Podosphaera leucotricha* is one of the major aims in apple breeding. To extend the genetic base of mildew resistance new sources of resistance have been detected within a test collection of 24 old apple varieties and 13 *Malus* species by scoring natural infection in the greenhouse and the field as well as using artificial inoculation tests in the laboratory. A marker enrichment around the major gene  $Pl_1$  has been done by using a bulked segregant analysis based on the AFLP technique. So far, within a progeny of about 400 individuals, two additional markers have been detected that are more closely linked to the  $Pl_1$  gene than the SCAR-marker AT20-450. For the characterization of *Podosphaera leucotricha* 39 monoklonal strains are maintained on *in vitro*-shoots of the variety 'Gibb's Golden Gage'. Phytopathological tests have been optimized and will be an important tool for further research on putative physiological races. A molecular characterization of the fungus has been started by using the AFLP technique. First results have indicated that the genetic diversity was generally low. The genetic variation between different locations seemed to be larger

than the variation within one area.

In Zusammenarbeit mit: INRA Angers (Frankreich), Lespinasse, 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.; [EU-Projekt FAIR5 - CT97 - 3898] (BAZ-6140)

### 1.7. Entwicklung molekularer Marker für polygen vererbte Schorf - und Mehlttauresistenz 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 unterschiedlichen 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:

Als Material für das Vorhaben steht eine Nachkommenschaft (C3-Population) aus der Kreuzung 'Discovery' x 'Prima' zur Verfügung (Abb. 1). Die Sorte 'Prima' enthält das Majorgen *Vf* für Schorfresistenz. In der Sorte 'Discovery' sind unbekannte polygene Resistenzen sowohl für Schorfresistenz als auch für Mehlttauresistenz vorhanden. Darüber hinaus besitzen beide Eltern das Resistenzgen *Vg* für Schorfresistenz. Die Pflanzen dieser Nachkommenschaft sind im Institut für Obstzüchtung (Dresden-Pillnitz) aufgepflanzt, wo sie auf Schorf- und

Mehltauresistenz bonitiert werden. Rassenspezifische Schorfresistenzdaten werden beim französischen Partner in Angers ermittelt. Es werden 150 Pflanzen aus der 250 Pflanzen umfassenden C3-Gesamtpopulation für die durchgeführten Untersuchungen verwendet.

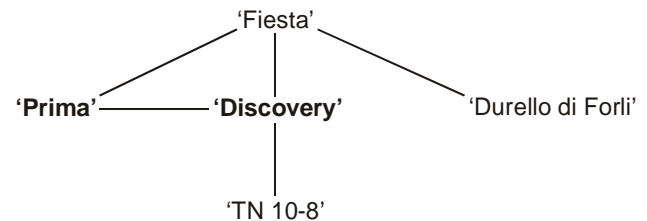


Abb. 1: Schema zur Erstellung der QTL-Kartierungspopulationen C1 – C4 im D.A.R.E. Projekt

Fig. 1: Scheme for the generation of QTL-mapping populations C1 – C4 within in the D. A. R. E. project

Die Kartierung erfolgt auf der Basis von AFLP- und Mikrosatellitenanalysen. Beide Methoden haben den Vorteil, dass sie eine schnelle Erstellung der für die Kartierung benötigten Daten gewährleisten und darüber hinaus sehr gut reproduzierbar sind. Um für die Untersuchung Primerkombinationen mit einer möglichst großen Ausbeute an polymorphen Markern auszuwählen, wurde ein Markerscreening mit 256 AFLP-Primerkombinationen durchgeführt. Aufgrund der Ergebnisse des Screenings wurden für die Untersuchung der C3-Nachkommenschaft 22 Primerkombinationen ausgewählt. Die für die Kartierung verwendeten Mikrosatelliten gehen hauptsächlich auf Arbeiten der Schweizer Partner von der ETH Zürich zurück. Bisher wurden 19 Mikrosatellitenloci auf Populationsbasis kartiert. Die Kartierung der verbleibenden 30 Mikrosatellitenloci soll bis zum Frühjahr 2001 abgeschlossen sein, sodass dann die endgültigen Kopplungskarten erstellt werden können. Hierzu werden separate Kopplungskarten für die beiden Eltern 'Discovery' und 'Prima' erstellt. Die verwendeten Mikrosatelliten dienen dabei als Ankerpunkte, um die erstellten Kopplungskarten mit den Karten der Nachkommenschaften C1, C2 und C4 im Rahmen des EU-Projektes vergleichen zu können.

Im Verlauf des Berichtsjahres wurden vorläufige Kopplungskarten für die beiden Eltern mit Hilfe der Kartierungssoftware „Joinmap“ erstellt. Die Karte von 'Discovery' besteht zur Zeit aus 16 größeren Kopplungsgruppen mit 134 AFLP-Markern und 14 Mikrosatellitenloci. Die Karte von 'Prima' besteht aus 14 größeren Gruppen mit 93 AFLP-Markern und 12 Mikrosatelliten. Das Genom des Apfels umfasst 17 Chromosomen, sodass die Anzahl der Kopplungsgruppen zur Zeit noch nicht der Anzahl der Chromosomen entspricht. Darüber hinaus sind eine Reihe von Kopplungsgruppen vorhanden, auf denen noch keine Mikrosatelliten charakterisiert sind. Um diese Lücken in den Karten der beiden Eltern zu schließen, werden zur Zeit weitere Mikrosatellitenanalysen durchgeführt. Es wird angestrebt, in den abschließenden Kopplungskarten zwei Mikrosatellitenloci pro Kopplungsgruppe zu kartieren, um eine optimale Vergleichbarkeit mit den Karten der anderen Partner zu erreichen und die Erstellung einer kombinierten Apfelkarte zu erleichtern.

Für die QTL-Analysen steht die Software MapQTL zur Verfügung. Auf Grundlage der vorläufigen Kopplungskarten wurde eine erste QTL-Analyse mit Mehлтаuboniturdaten aus den Jahren 1999 und 2000 vom Standort Dresden-Pillnitz durchgeführt. Bei der getrennten Verrechnung der Primärinfektionsdaten aus beiden Jahren konnten für den Elter 'Discovery' jeweils in beiden Jah-

ren starke QTL-Effekte für Mehлтаuresistenz auf der Kopplungsgruppe D6 ermittelt werden (Abb. 2). Dieses Ergebnis lässt den Schluss zu, dass auf der Kopplungsgruppe D6 sehr wahrscheinlich ein oder mehrere Faktoren lokalisiert sind, die einen deutlichen Einfluss auf die Mehлтаuresistenz von 'Discovery' haben.

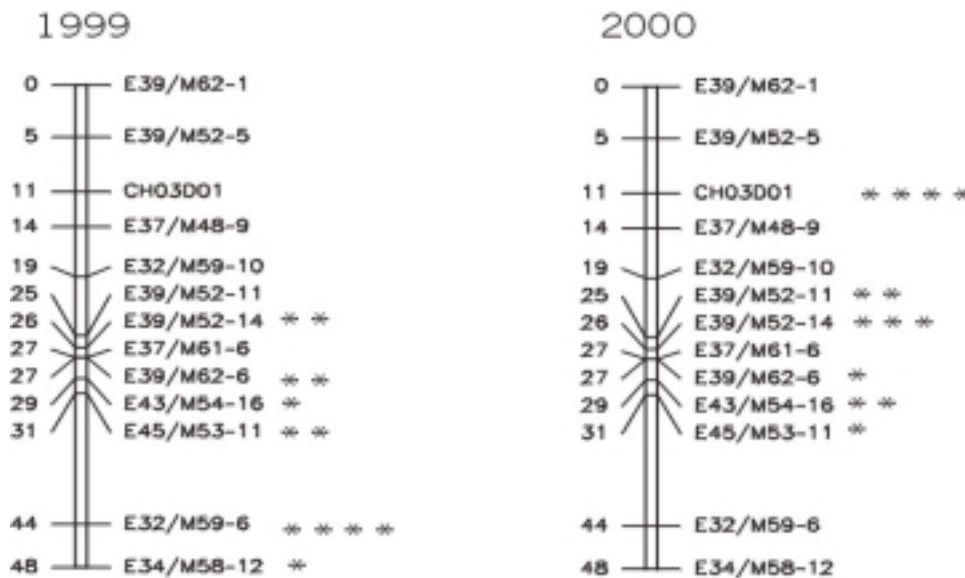


Abb. 2: QTL-Effekte für Mehлтаuresistenz auf der Kopplungsgruppe 6 des Elters 'Discovery'  
Fig. 2: QTL effects for powdery mildew resistance on linkage group 6 of parent 'Discovery'

#### Abstract:

A preliminary molecular linkage map has been constructed for cultivated apple using 150 individuals of the population C3 which has been „designed“ to allow the mapping of quantitatively inherited fungal resistances. Both parents of this progeny are monogenically and polygenically scab resistant. In addition, parent 'Discovery' is mildew resistant, but the genetic base of the resistance is yet unknown. Linkage mapping is being performed using AFLP as well as SSR marker technology. From an AFLP primer screening based on 256 combinations 22 primer combinations were selected for mapping. About 50 microsatellite loci are also being investigated. So far the parent specific maps are not yet resolved in the basic chromosome numbers of 17. However, mapping work is in progress, which will allow the construction of definitive maps during the next year. A first approach to use the preliminary QTL mapping of polygenes involved in powdery mildew resistance looks promising. Separate QTL calculations using the mildew scoring data from the years 1999 and 2000 suggest strong QTL effects on linkage group 6 of parent 'Discovery'.

In Zusammenarbeit mit: INRA Angers (Frankreich), Lespinasse, 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.; [EU-Projekt FAIR5 - CT97 - 3898] (BAZ-6140)

## 2. *In vitro*-Techniken *In vitro* Techniques

### 2.1. Protoplastenkulturen bei *Rosa* sp. - Protoplast culture of *Rosa* sp.

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

#### Zielsetzung/Aim:

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 Kulturreosen mittels somatischer Hybridisierung wurden schwerpunktmäßig mit drei diploiden Sternrußtau resistenten Genotypen der Wildarten *R. multiflora*, *R. wichuraiana* und *R. roxburghii* sowie den anfälligen Sorten 'Pariser Charme' und 'Heckenzauber' durchgeführt. Protoplasten beider Partner wurden aus Zellsuspensionskulturen isoliert und zur Unterbindung der Regene-

ration nicht fusionierter Protoplasten sowie homologer Fusionsprodukte entweder mit Röntgenstrahlen (300 Gy) oder den Antimetaboliten Iodacetat beziehungsweise Rhodamin 6G vorbehandelt. Nach PEG induzierter Fusion konnten eine Reihe von mutmaßlichen Hybridkalli regeneriert werden, aus denen sich bislang in einem Fall somatische Embryonen und Sprosse induzieren ließen (Tab 1).

Tab. 1: Regeneration nach Fusion von Protoplasten tetraploider Rosensorten und diploider Wildarten  
Table 1: Regeneration upon fusion between protoplasts of tetraploid rose cultivars and diploid wild species

Kulturreosensorte	Vorbehandlung	Wildrosenart	Vorbehandlung	Regenerate
'Pariser Charme'	Iodacetat Rhodamin 6G	<i>R. multiflora</i>	Rhodamin 6G Iodacetat	Kallus Kallus
'Pariser Charme'	Iodacetat Rhodamin 6G Iodacetat	<i>R. wichuraiana</i>	Rhodamin 6G Iodacetat 300 Gy Röntgen	Kallus Kallus Sprosse
'Pariser Charme'	Iodacetat	<i>R. roxburghii</i>	keine	Kallus
'Heckenzauber'	Iodacetat	<i>R. wichuraiana</i>	300 Gy Röntgen	Kallus

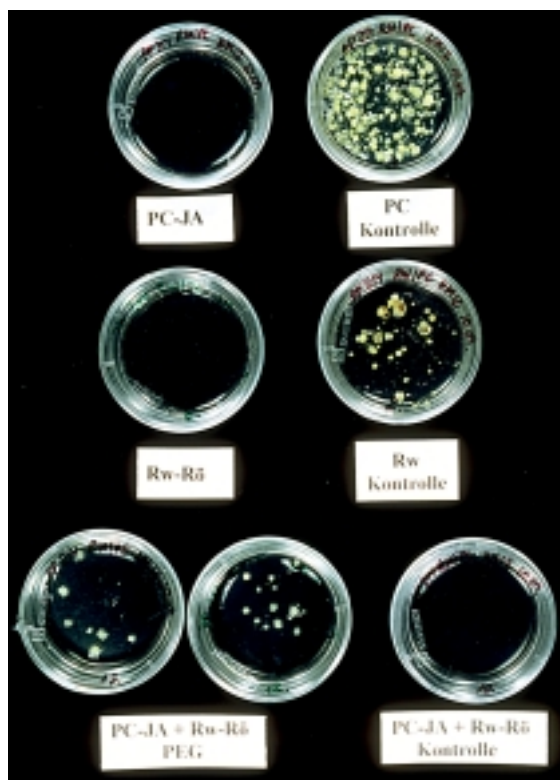


Abb. 1: Regeneration von Kallus nach einer Fusion von Protoplasten der Sorte 'Pariser Charme' (PC) und *Rosa wichuraiana* (Rw)

Fig. 1: Regeneration of callus from a protoplast fusion experiment between cv. 'Pariser Charme' (PC) and *Rosa wichuraiana* (Rw)  
Kontrolle = control, JA = iodoacetate treatment, Rö = X-ray treatment, PEG = polyethylene glycol treatment

Die Vorbehandlung der Protoplasten erlaubt die bevorzugte Regeneration heterologer Fusionsprodukte (Abb. 1), kann jedoch aufgrund variabler Sensitivität der Protoplasten die Proliferation nicht fusionierter Zellen sowie homologer Fusionsprodukte nicht in jedem Fall vollständig unterdrücken. Mutmaßliche Hybridkalli werden daher flowcytometrisch untersucht, um anhand ihres Ploidieniveaus interessierende Linien identifizieren zu können. Aus nicht mit PEG behandelten Kontrollprotoplasten regenerierter Kallus besitzt in der Regel die gleiche Chromosomenzahl wie der entsprechende Genotyp oder ist in selteneren Fällen aufreguliert. Aus solchen Kulturen regenerierte Pflanzen wiesen jedoch bislang ohne Ausnahme das ursprüngliche Ploidieniveau auf. Mutmaßliche Hybridkalluslinien, welche nach Fusion von Protoplasten eines diploiden und eines tetraploiden Partners erhalten wurden, zeigten dagegen ein breites Spektrum an Ploidiestufen von  $2n = 6x$  bis  $2n = 18x$  einschließlich verschiedener Formen von Aneuploidie. Die aus mutmaßlichem Hybridkallus regenerierten Sprosse zeigen eine deutliche Tendenz zur Abregulierung und sind in der Mehrzahl aneuploid.

Abstract:

For introgression of blackspot resistance into cultivars by means of somatic hybridization, experiments concentrated on diploid accessions of *R. multiflora*, *R. wichuraiana* and *R. roxburghii* as well as susceptible cultivars 'Pariser Charme' and 'Heckenzauber'. With the aim of inhibiting cell divisions of either unfused protoplasts or homologous fusion products, isolated protoplasts were treated either with X-rays, iodoacetate or rhodamine 6G prior to fusion. Upon PEG mediated hybridization of pretreated protoplasts, selective regeneration of fusion products was promoted (Fig. 1). Several putative hybrid callus lines were regenerated (Tab. 1), from which shoots were derived in one case so far.

(BAZ-2124)

## 2.2. Steuerung der somatischen Embryogenese und Organogenese in Bioreaktoren Control of somatic embryogenesis and organogenesis in bioreactors

Zielsetzung/Aim:

Der Einsatz von Bioreaktoren zur Bereitstellung von embryogenen und organogenen Kulturen für die Mutationsinduktion, Transformation oder die Pflanzenvermehrung stellt eine Weiterentwicklung bisheriger *in vitro*-Regenerationssysteme dar. Die Analyse physiologisch wirksamer Faktoren und Anpassung der Bioreaktorgefäße an die spezifischen Ansprüche der Kulturen ermöglicht die Automatisierung des Kulturverlaufes.

The application of embryogenic and organogenic bioreactor cultures in mutation breeding, transformation and plant propagation offers various advantages over conventional *in vitro* regeneration techniques due to possibilities of automation and saving labour. Analyses of physiologically important factors and adaptation of the bioreactor vessels to the specific requirements of the cultures will lead to improved protocols for automation of the propagation process.

### 2.2.1. Wachstum organogener *in vitro*-Kulturen von *Phalaenopsis* in modifizierten RITA-Gefäßen bei unterschiedlichen Immersionsbedingungen Growth of organogenic *in vitro* cultures of *Phalaenopsis* in modified RITA vessels under different immersion conditions

Preil, W.; Hempfling, T.; Gusick, C.; Schneiderei, M.

Ergebnisse:

Ausgehend von dem von CIRAD, Montpellier, eingeführten System RITA, das die intervallweise Benetzung von *in vitro*-Kulturen mit flüssigem Nährmedium ermöglicht, wurde ein vereinfachtes und kostengünstigeres System unter Verwendung von 5-Liter-Gefäßen entwickelt. Es besteht aus hintereinander geschalteten Gefäßpaaren, bei denen jeweils ein Gefäß als Mediumreservoir und das zweite als Kulturgefäß dient. Durch sterile Druckluft kann das Medium mehrmals täglich in das Kulturgefäß gepumpt und nach einer eingestellten Verweildauer rückgeführt werden (Abb. 1).

Dieses Kulturverfahren bewirkt bei langsam wachsenden *Phalaenopsis*-Kulturen eine deutliche Steigerung der Frischgewichtszunahme und Sprossvermehrungsrate im Vergleich zur traditionellen Kultur auf verfestigten Agrar-Nährböden. Nach Erprobung verschiedener Immersionsfrequenzen erwies sich die achtmal tägliche Überschichtung der Kulturen mit Nährmedium für jeweils fünf Minuten als die beste Variante.

Bei Einwaage von 25g Frischgewicht zum Versuchsbeginn wurden nach 16wöchiger Kulturdauer 835g Ausbeute erzielt. Dies entsprach 120 *Phalaenopsis*-Sprossen der Größensortierung von 1,5-2,5cm zu Beginn und 3090 Sprossen bei Versuchsende. Ein ähnliches Ergebnis wurde auch bei Verwendung von Sprossen der Größe <1,5cm ermittelt: Aus einem Inoculum von 25g Frischgewicht beziehungsweise 210 Sprossen entstanden nach 16 Wo-

chen 793g beziehungsweise 3080 Sprosse. Somit sind mit diesem Kultursystem Sprossvermehrungsraten bis zu 25 sowie über 30fache Frischgewichtszunahmen nach vier Monaten erreichbar. Untersuchungen zur Wurzelinduktion nach abgeschlossener Vermehrungsphase wurden begonnen.



Abb. 1: Fünf-Liter-Kulturgefäße zur automatischen Versorgung von *Phalaenopsis*-Kulturen mit flüssigem Nährmedium

Fig. 1: Five litre culture vessels for automatic supply of *Phalaenopsis* cultures with liquid medium

Abstract:

A modified temporary immersion system basing on RITA culture vessels (CIRAD, Montpellier) was developed by use of 5 litre glass vessels. Maximum propagation rate of *Phalaenopsis* shoots was achieved when eight immersions per day five minutes each were applied. Starting with an inoculum of 25g fresh weight and 120 shoots of 1,5 – 2,5cm size, respectively, 835g fresh weight and 3090 shoots, respectively, were obtained after 16 weeks culture period.

In Zusammenarbeit mit: Arbeitskreis Deutsche *In vitro* Kulturen (ADIVK), Stuttgart (BAZ-6103)

## 3. Resistenz Resistance

### 3.1. Erschließung neuer Resistenzquellen gegenüber dem Erreger des Sternrußtaus an Rosen Evaluation of new sources of resistance against blackspot

Blechert, O.; Dohm, A.; Felten, R.; Debener, T.

Zielsetzung/Aim:

Der Sternrußtau (*Diplocarpon rosae*) gehört zu den wichtigsten pilzlichen Krankheitserregern an Rosen. Da die Anwendung von Pflanzenschutzmitteln aufgrund eines verstärkten Umweltbewusstseins und einer veränderten Pflanzenschutzmittelgesetzgebung reduziert werden muss, ist die Entwicklung resistenter Rosengenotypen notwendig. Die überwiegende Zahl der heutigen Kulturrosen ist gegenüber dem Erreger des Sternrußtaus anfällig, in Wildarten sind jedoch genetisch bedingte Resistenzen vorhanden. Diese sollen erschlossen und in den geni-



schen Hintergrund der Kulturrose übertragen werden.

Blackspot is one of the main fungal pathogens of roses. Due to ecological reasons and the altered legislation of pesticides in plant protection, the development of resistant rose genotypes becomes more and more important. As resistance is absent in nearly all cultivated roses, new sources of resistance have to be found which mainly occur in wild species. Once identified, such resistance genes can be transferred to the genome of cultivated roses.

Ergebnisse:

Die 1999 vorläufig als gegen alle Rassen resistent eingestuft 32 Rosengenotypen wurden weiter charakterisiert. Dazu wurden die histologischen Methoden verbessert, die es nun möglich machen, Sternrußtaumycel unter der Kutikula visuell zu verfolgen (Abb. 1). Unter Einbeziehung von zusätzlich 12 Genotypen, die im Freiland keine Sternrußtausymptome zeigten, konnten 21 der insgesamt 45 untersuchten Genotypen als resistent, 17 als anfällig und 7 als intermediär eingestuft werden. Die Resistenz manifestiert sich hierbei in einer Unterdrückung der Konidienkeimung, einer hypersensitiven Reaktion oder in einer Abwehrreaktion ohne sichtbare Nekrosen. In den Fällen, in denen eine hypersensitive Reaktion zu beobachten war, traten auch Kalloseappositionen im Bereich der Befallsstellen auf. Einige Genotypen mit intermediärer Resistenz zeigten eine geringfügige Besiedlung der Wirtspflanzen ohne jedoch zur Sporulation zu kommen.

Erste Versuche, Rosen durch Infiltration von Sternrußtaukonidien in die Interzellularen zu infizieren, waren erfolgreich und spiegeln für einige Genotypen das gleiche Infektionsmuster wie nach einer konventionellen Inokulation über die Blattoberfläche wieder. Damit ergibt sich in Kombination mit verschiedenen histochemischen Tests die Möglichkeit, Resistenzmechanismen, die verschiedene Rosengenotypen aufweisen, genauer zu analysieren und so gezielt Genotypenkombinationen mit komplementären Mechanismen in der Züchtung einsetzen zu können.

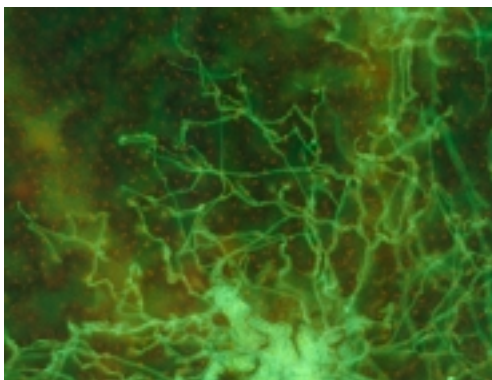


Abb. 1: Fluoreszenzmikroskopie der Rosensorte 'Heckenzauber', fünf Tage nach Inokulation mit dem Sternrußtauisolat *DortE4*

Fig. 1: Fluorescens microscopy of the interaction between the variety 'Heckenzauber' and the blackspot isolate *DortD4*, five days after inoculation

Abstract:

Refined histological methods enabled us to investigate different resistance phenotypes as displayed by 45 Rose genotypes from different species. Resistance occurs at different stages from the inhibition of spore germination to the elicitation of a hypersensitive response. In the near future these differences will be further investigated to identify suitable genotype combinations for resistance breeding in roses.

In Zusammenarbeit mit: Universität Dresden, Drewes-Alvarez, R.; Firma Kordes Söhne, Sparrieshoop; Firma Rosen Tantau, Uetersen; Firma Noack Rosen, Gütersloh; Europa Rosarium Sangerhausen, Brumme, H.; Dr. F. Ehrig BAZ, Institut für Pathogendiagnostik, Aschersleben (BAZ-6134)

### 3.2. Resistenzzüchtung gegen den Echten Mehltau bei Rosen verursacht durch *Sphaerotheca pannosa* (Wallr.) Lev.

**Resistance breeding against powdery mildew on roses caused by *Sphaerotheca pannosa* (Wallr.) Lev.**

Linde, M.; Debener, T.

Zielsetzung/Aim:

Der Echte Mehltau (*Sphaerotheca pannosa*) ist neben dem Sternrußtau der bedeutendste pilzliche Schaderreger bei Rosen im Freiland- und Unterglasanbau. Über das Aufspüren von Resistenzquellen gegenüber dem Echten Mehltau in Wildrosen und Zuchtsorten und deren Lokalisation im Genom durch genetische Kartierung soll Zuchtmaterial mit erhöhter Resistenz bereitgestellt werden.

Beside blackspot powdery mildew (*Sphaerotheca pannosa*) is the major fungal pathogen on roses grown outside and under glass. Based on the detection of sources of resistance to powdery mildew in wild rose species and cultivars and their localization in the genome with genetical mapping, breeding material with enhanced resistance will be produced.

Ergebnisse:

Vor dem Einsatz biotechnologischer Methoden wurde in einer Sammlung von Wildrosen und Zuchtsorten nach vorhandenen Resistenzträgern gegenüber *S. pannosa* gesucht. Bei der Bonitur des natürlichen Befalls der vorhandenen Arten im Freiland, mit besonderem Schwerpunkt auf die von Dr. Krüger in den letzten Jahren beobachteten Arten, wurde ein geringerer natürlicher Mehltaubefallsdruck für dieses Jahr festgestellt. Bei drei Bonituren im Zeitraum von Mai bis September konnte bei 33 von 71 Wildarten Mehltau festgestellt werden. Krüger et al. beobachteten im Zeitraum 1993-97 an 47 Arten Mehltaubefall.

Insgesamt wurden ca. 680 Blattproben von 81 Genotypen im Labor inokuliert. Dazu wurden diese entweder mit natürlich befallenen Blättern berührt („detached leaflet Technik“) oder Blattproben mit einer Konidien-Suspension, hergestellt mit Sporen der gleichen natürlich befallenen Rosenblätter, besprüht. Von den 67 Genotypen, für die mehr als zwei separate Inokulationen mit

jeweils beiden Methoden durchgeführt wurden, zeigten 47 in mindestens einer Inokulation Mehltaubefall. Nur 12 Arten zeigten eine Konidienproduktion in allen Experimenten. Insgesamt ergaben 54 % der wiederholten Inokulationen mit den Rassengemischen von *S. pannosa* das gleiche Ergebnis. Vergleichbare Resultate zwischen den Bonituren im Freiland und den Inokulationen im Labor wurden bei 41 % der Genotypen festgestellt. Die geringen Übereinstimmungen zwischen den verschiedenen Untersuchungen im Labor und zwischen Labor und Freiland sind u. U. auf die Verwendung bzw. den natürlichen Befall mit verschiedenen Rassengemischen zurückzuführen. Um in Zukunft aussagefähige Ergebnisse zu erzielen, wurde damit begonnen, Einsporlinien von *S. pannosa* auf Rosensorten *in vitro* zu etablieren. Dazu wurden 15 Proben von verschiedenen natürlich befallenen Rosensorten aus Norddeutschland und Dänemark auf Pflanzen *in vitro* übertragen. Daraus wurden bisher fünf Einsporlinien hergestellt.

In Zusammenarbeit mit Dr. M. Lyngkjaer, Risoe Natl. Lab., wurde begonnen, den Infektionsverlauf und die Resistenzmechanismen des Echten Mehltaus auf Rosen zu untersuchen.

#### Abstract:

A screening within the collection of rose species and cultivars in the field showed a lower degree of infection with *S. pannosa* as compared with the former years. Artificial inoculations of 680 leaf samples with both the detached leaflet technique and a suspension of conidia in water were carried out. Only 54 % of the 67 species which were inoculated more than two times showed the same results with both techniques. In twelve of those, production of conidia could be observed in all experiments. 47 genotypes susceptible in at least one inoculation were observed. Between the inoculations in the lab and those of the same rose genotypes in the field, corresponding results were found in 41 %. The divergent observations in the different experiments can probably be explained by the occurrence of mixed races of *S. pannosa*. At the same time, we began to establish single spore isolates on roses *in vitro*. Up to now, five isolates from 15 accessions from northern Germany and Denmark have been obtained.

In Zusammenarbeit mit: Risoe National Laboratory, Lyngkjaer, M.; Firma Kordes Söhne, Sparrieshoop; Firma Rosen Tantau, Uetersen  
BAZ-6145

## 4. Erstellung von Basismaterial Development of basic material

### 4.1. Grundlagen der Züchtung neuer Zierpflanzen - Principles of breeding new ornamental plants

Preil, W.; Ebbinghaus, R.; Seehaus, H.; Gusick, C.; Schum, A.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Einführung neuer Zierpflanzenarten in die gartenbauliche Produktion setzt die züchterische Bearbeitung von Wildformen voraus. Von besonderem Interesse sind

reichblühende, strauchig wachsende tropische Arten, aus denen Kompakt- und Zwergformen für die Topfkultur entwickelt werden sollen.

New ornamentals that shall be introduced in horticultural plant production, have to be improved by means of breeding. Free flowering tropical shrubs represent a valuable source, especially for the selection of dwarf types to be used as pot plants.

#### Ergebnisse:

Im Berichtsjahr 2000 wurden die Untersuchungen an *Tibouchina urvilleana*, *Tibouchina organensis* (Melastomataceae, Heimat: Brasilien) und *Clerodendrum ugandense* (Verbenaceae, Heimat: Uganda) weitgehend abgeschlossen.

*Tibouchina urvilleana* und *T. organensis*: Ziel des Forschungsvorhabens war es, bei Verwendung tetraploider Genotypen den experimentellen Umfang zur Entwicklung kompakt wachsender Zwergformen durch Röntgenbestrahlung von *in vitro*-Kulturen zu ermitteln. Die *Tibouchina*-dienten hierbei als Modell für zahlreiche gärtnerisch noch nicht genutzte, tropische Blütensträucher, bei denen ein ähnlicher Aufwand zu erwarten ist, um ein marktfähiges Produkt zu erzielen.

Die Versuche ergaben, dass bei fraktionierter Bestrahlung mit 3 x 15Gy die Strahlenschäden deutlich reduziert werden können, wenn zwischen jeder Teildosis Intervalle von 4 Stunden eingeschaltet werden, die Reparaturen an der DNA in den Zellen ermöglichen. Solchen Behandlungen wurden die *in vitro*-Kulturen bis zu sechsmal unterworfen. Dabei wurden zwischen der ersten bis vierten Bestrahlung sechswöchige Pausen eingelegt. Nach der darauf folgenden fünften und sechsten Bestrahlung erwies sich die Verlängerung der Pausen auf fünf Monate als vorteilhaft, weil hierdurch die Auslese von Zwergformen *in vitro* bereits vor der Überführung ins Gewächshaus erleichtert wurde. Die Ausbeute an kompakt wachsenden Mutanten stieg von 0,006 % nach der dritten Bestrahlung auf 0,8 % nach der vierten und auf über 1 bzw. 2 % nach der fünften und sechsten Behandlung.

Während bei *T. urvilleana* alle ausgelesenen Kompaktmutanten später blühten als die Ausgangsform und somit für die Praxis wertlos sind, konnten bei *T. organensis* früh- und reichblühende Formen mit niedrigem, halb hohem, hängendem oder pyramidalem Wuchs erzielt werden. Diese Mutanten erlauben eine Nutzung entweder als Beet-, Balkon-, oder Ampelpflanze. Die Blütenfarben der Mutanten weisen eine geringe Variation von tief violettblau bis violettrosa auf. Bedauerlicherweise konnte die Blütenhaltbarkeit gegenüber der Ausgangsform nicht verbessert werden.

Zwanzig Mutanten-Klone wurden im Dezember 2000 im „Blatt für Sortenwesen“ des Bundessortenamtes öffentlich zur Vergabe ausgeschrieben.

Mit den Untersuchungen konnte gezeigt werden, dass konsequent durchgeführte Mehrfachbestrahlungen von *in vitro*-Kulturen tetraploider Blütensträucher ein ausreichend großes Mutantenspektrum für die Auslese von Zwergformen liefern. Die Anwendung dieser Methode unterstützt die züchterische Bearbeitung insbesondere von solchen „Neuen Zierpflanzen“, deren verfügbare geneti-

sche Ressourcen für eine Kreuzungszüchtung allein nicht ausreichen.

*Clerodendrum ugandense*: Trotz ihrer schönen, an kleine blaue Schmetterlinge erinnernden Blüten, wird *C. ugandense* bisher nur wenig angebaut. Die Gründe dafür liegen in einigen Nachteilen dieser attraktiven Zierpflanze. So wird von der gärtnerischen Praxis herausgestellt, dass die Pflanzen stark wachsen, sich aber schlecht verzweigen, ferner, dass die Blüten beim Transport leicht rieseln, so dass nur knospige Ware transportfähig ist.

Diese Nachteile könnten auf züchterischem Weg überwunden werden, wenn ausreichend unterschiedliches Ausgangsmaterial für die Selektions- und Kombinationszüchtung zur Verfügung stünde. Ziel des Forschungsvorhabens war es daher, die genetische Diversität der in Europa erhältlichen Genotypen zu ermitteln. Überraschenderweise waren nur zwei Typen erhältlich, die sich deutlich voneinander unterschieden: ein schmalblättriger Klon mit hellblauen Blüten und ein rundblättriger, dunkler blühender Typ. Alle anderen Merkmale wie Blütengröße, Blütenzahl, Blühbeginn, Verzweigung und Entwicklungsgeschwindigkeit waren bei beiden Klonen sehr ähnlich.

Die Untersuchung der Chromosomenzahl ergab, dass es sich um oktaploide Formen mit  $2n = 8x = 184$  Chromosomen handelt. Somit ist dieses Material für die Züchtung und für grundlegende Untersuchungen der Variationsbreite von Einzelmerkmalen wenig geeignet. Dennoch konnten nach Kreuzungen erste Hinweise auf die Vererbung von gärtnerisch relevanten Eigenschaften erwartet werden.

Nach Kreuzung des breitblättrigen Genotyps mit der schmalblättrigen Form wurde in den vergangenen Jahren eine Stichprobe von 228 Sämlingen verklont. Die Blütenfarbe der Sämlingsklone variierte gering von hellblau über violettblau bis dunkelblau, wobei hohe Temperaturen die Farbintensität abschwächten. Eine größere Variation zeigten dagegen die Blätter hinsichtlich der Größe, Form und Zähnung. Kompakt wachsende Pflanzen mit kurzen Internodien wurden nicht gefunden.

Fünf Sämlingsklone, die sich gegenüber den Eltern durch erhöhte Blütenzahlen und etwas stärkere Verzweigung auszeichnen, wurden als Eliten ausgelesen. Die Blüte setzte nach dem Stutzen Mitte April bereits nach sechs Wochen ein. Mutterpflanzen dieser Eliten wurden an vier Institute zur Prüfung der Anbauwürdigkeit abgegeben. An den Versuchen beteiligen sich: die Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau, Hannover-Ahlem, das Gartenbauzentrum Straelen, die Bayerische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau, Veitshöchheim, sowie das Institut für Gartenbauwissenschaften der Humboldt- Universität, Berlin.

Obwohl bei den ausgelesenen Eliteklonen durch den Einsatz von Wachstumsregulatoren gute Marktqualitäten zu erwarten sind, sollte angestrebt werden, auf züchterischem Wege den Habitus zu verändern. Erhebliche Fortschritte könnten in kurzer Zeit erzielt werden, wenn die genetische Basis des Kreuzungsmaterials ausgedehnt würde, vor allem durch gezielte Sammlung geeigneter Formen in den natürlichen Verbreitungsgebieten in Uganda und Zimbabwe.

Abstract:

Research on *Tibouchina urvilleana*, *Tibouchina organensis* and *Clerodendrum ugandense* was finished in 2000. *T. organensis*: Twenty mutants originating from X-irradiation of *in vitro* cultures were released. Of most horticultural interest are dwarf mutants to be used as bedding plants with changed flower colour, shape and size.

*Clerodendrum ugandense*: Five elite clones from selected seedlings were released. The suitability of the clones for horticultural purposes will be tested in cooperations with four institutions in 2001.

In Zusammenarbeit mit: Arbeitskreis „Neue Zierpflanzen“ der Gartenbauversuchsanstalten (BAZ-6107)

#### **4.2. Entwicklung von kalktoleranten Genotypen bei wirtschaftlich wichtigen Gattungen der *Ericaceae*** **Development of lime tolerant genotypes in economically important genera of *Ericaceae***

Preil, W.; Marschke, J.

Zielsetzung/Aim:

Hohe Kalk- bzw. Bicarbonatgehalte im Boden hemmen das Wachstum bei vielen Vertretern der *Ericaceae*. Durch die Einführung kalktoleranter Genotypen können die Anbauprobleme in der Baumschulpraxis und beim Endverbraucher erheblich verringert werden. Es wird darüber hinaus erwartet, dass die Verwendung kalktoleranter Formen zur Reduzierung des Torfverbrauches und zur Schonung der Naturressourcen beitragen wird.

High content of lime or bicarbonate in the soil inhibits plant growth in many economically important members of *Ericaceae* family. The aim of the project is to select lime tolerant genotypes in order to reduce the use of peat in horticulture and to save natural resources.

Ergebnisse:

Zur Identifizierung vermuteter Bastarde aus 26 Kreuzungen eines kalktoleranten Genotyps von *Rhododendron micranthum* mit *Rh. hirsutum*, *Rh. ferrugineum*, *Rh. carolinianum* und *Rh. russatum* 'Enziana' wurden Mikrosatelliten-Marker verwendet.

Von besonderem Interesse waren Nachkommen mit matromorphem (muttergleichem) oder matroklinem (mutterähnlichem) Habitus aus Kreuzungen, bei denen *Rh. micranthum* als Vater diente. Von solchen Nachkommen kann angenommen werden, dass sie neben dem Habitus der Mutter zusätzlich über physiologische Eigenschaften des Vaters verfügen. Mikrosatelliten-Marker (SSR-Marker) ermöglichen eine schnelle Entscheidung darüber, ob eine matromorphe bzw. matroklime Pflanze einen echten Bastard mit genetisch fixierten Eigenschaften beider Eltern darstellt oder auf parthenogenetischem Wege oder durch Selbstbestäubung entstanden ist.

Nach der Untersuchung einer Stichprobe von 241 Pflanzen aus insgesamt 1827 Nachkommen konnten 182 Bastarde durch die Mikrosatelliten-Marker zweifelsfrei identifiziert werden (Tab. 1). Weitere 34 Pflanzen gingen auf Selbstbestäubungen oder Parthenogenese zurück, während in 22 Fällen keine klare Zuordnung getroffen werden konnte.

Tab. 1: Durch Mikrosatelliten-Marker identifizierte matromorphe *Rhododendron*-Bastarde  
 Table 1: Matromorphic *Rhododendron* hybrids identified by microsatellite markers

Kreuzung		Anzahl Bastarde
<i>Rh. carolinianum</i>	x <i>Rh. micranthum</i>	58
<i>Rh. ferrugineum</i>	x <i>Rh. micranthum</i>	34
<i>Rh. hirsutum</i>	x <i>Rh. micranthum</i>	59
<i>Rh. russatum</i> 'Enziana'	x <i>Rh. micranthum</i>	31

Von den 182 identifizierten, matromorphen bzw. matroklinen Bastarden konnten bisher 49 erfolgreich *in vitro* verklont werden. Stichproben dieser Klone wurden bereits zur Abhärtung ins Gewächshaus überführt, so dass ab März 2001 mit der Testung der Kalktoleranz auf mit CaCO<sub>3</sub> angereicherten Substraten begonnen werden kann. Die Überführung weiterer Bastarde in die *in vitro*-Kultur für die spätere Testung der Kalktoleranz wird fortgesetzt.

**Abstract:**

Investigating 26 progenies from crossings of a lime tolerant genotype of *Rhododendron micranthum* as the male parent with *Rh. hirsutum*, *Rh. ferrugineum*, *Rh. carolinianum* and *Rh. russatum* cv. 'Enziana', 182 matromorphic hybrids were identified by use of microsatellite markers (SSR markers). Among the matromorphic hybrids some individuals are expected to be limetolerant. The hybrids were cloned *in vitro* in order to test the lime tolerance in the greenhouse and the field in 2001.

In Zusammenarbeit mit: Hans Hachmann Baumschulen, Barmstedt, und INKARHO GmbH, Westerstede (BAZ-6125)

**4.3. Grundlagen der Züchtung von Topfsorten bei *Euphorbia fulgens***  
**Principles of breeding of pot plants in *Euphorbia fulgens***

Preil, W.; Ebbinghaus, R.; Moosmüller, A.; Bock, A.; Schneiderei, M.

**Zielsetzung/Aim:**

Der durch Pfropfung übertragbare „Verzweigungsfaktor“ bei *Euphorbia pulcherrima* wurde 1997 als ein Phytoplasma identifiziert. Nach der erfolgreichen Einschleusung des Phytoplasmas in *Euphorbia fulgens* eröffnen sich zahlreiche experimentelle Ansätze zur Nutzung der Phytoplasma-induzierbaren positiven Wachstumsänderungen bei Zierpflanzen. Ziel der Untersuchungen ist es, verzweigende und gleichzeitig virusfreie Topfsorten von *Euphorbia fulgens* herzustellen.

The graft-transmissible „branching factor“ of *Euphorbia pulcherrima* was identified as a phytoplasma in 1997. This endophyte enables experiments for application of phytoplasma-induced beneficial growth alterations in ornamental plants. It is the objective of the project to obtain free-branching and virus-free pot plants of *Euphorbia fulgens*.

**Ergebnisse:**

Im Berichtsjahr 2000 konnten nach Kreuzung ausgewählter *E. fulgens*-Genotypen und nach freier Abblüte aus ca. 3400 Sämlingen 56 Elitepflanzen ausgelesen und verklont werden. Als Voraussetzung für die Eliminierung von pathogenen Viren und die spätere Einschleusung des „Verzweigungsphytoplasmas“ sowie für die Mutationsinduktion wurde ein Teil der Eliten in die *in vitro*-Kultur überführt.

Die Einschleusung des „Verzweigungsphytoplasmas“ in virusfreie Mutterpflanzen durch Verwendung von *Cuscuta* als Überträger erwies sich bislang als schwierig. Nur in einem Fall konnte nachgewiesen werden, dass über *Cuscuta* das Verzweigungsphytoplasma in eine Phytoplasma-freie *E. pulcherrima* übertragen wurde.

Für die *in vitro*-Mutationsinduktion durch Röntgenbestrahlung wurden Versuche zur Bestimmung der Strahlenempfindlichkeit des *E. fulgens*-Materials an sechs Genotypen mit steigenden Strahlendosen (0, 10, 20, 30 und 40Gy) durchgeführt. Bei drei der untersuchten Genotypen des Standardsortimentes ('Albino', 'Astrid', 'Yellow River Dark') wurde eine LD<sub>50</sub> von ca. 20Gy ermittelt, während sich die übrigen drei als deutlich strahlenresistenter erwiesen. Für diese Genotypen ('Kuttlers Samtrot', 'Red Surprise', 'Yellow River Light') wurde eine LD<sub>50</sub> von 40Gy errechnet.

Diese Bestrahlungsversuche ergaben somit deutliche Hinweise auf die unterschiedliche Strahlenempfindlichkeit innerhalb des Sortimentes. Aus den Daten kann für künftige Bestrahlungen eine durchschnittliche Dosis von 30 Gy abgeleitet werden. Angaben zur induzierbaren Mutationshäufigkeit werden nach der Auswertung der Blüte der bestrahlten Pflanzen erwartet.

Versuche zur *in vitro*-Verdopplung der Chromosomenzahl dienten dem Ziel, Pflanzen mit größeren Blüten und kräftigerem Wuchs zu erzeugen. Hierfür wurden *in vitro*-Spross-Segmente diploider Pflanzen mit Colchizinkonzentrationen von 0,2 % und 0,4 % und unterschiedlichen Inkubationszeiten (1, 2 und 3 Tage) behandelt. Es konnten bei allen sechs Varianten Pflanzen mit erhöhter Ploidiestufe regeneriert werden. Mit Hilfe eines Durchflusscytometers wurden insgesamt 7 tetraploide Genotypen identifiziert. Daneben entstanden bei 13 Genotypen auch mixoploide Pflanzen mit diploiden und tetraploiden Zellen. Die *in vitro*-Polyploidisierung wurde somit als routinemäßiges Verfahren zur Erzielung von tetraploiden Pflanzen etabliert. Hierdurch können zukünftig tetraploide *E. fulgens*-Sortimente aufgebaut werden. Darüber hinaus ist es möglich, durch Kreuzung von tetraploiden mit

diploiden Pflanzen triploide Sorten zu erzeugen.

Abstract:

*In vitro* cultures of *Euphorbia fulgens* were established in order to eliminate viruses and to introduce the branching phytoplasma into virus-free plants. Furthermore, *in vitro* culture was used for chromosome doubling by colchicine treatment. The phytoplasma transfer via *Cuscuta* proved to be more difficult than has been expected before. In one case only, the transmission of the phytoplasma was demonstrated. X-irradiation of various genotypes showed a broad variation in radio sensitivity. For practical application an average dosis of 30 Gy is recommended. In order to achieve tetraploidy, colchicine concentrations of 0,2 and 0,4% were applied to shoot cultures for 1, 2 and 3 days. All variants resulted in tetraploid or mixoploid plants.

In Zusammenarbeit mit: Fa. Dümmler, Rheinberg (BAZ-6137)

#### **4.4. Erweiterung der genetischen Variabilität bei *Erica gracilis* durch Verwendung von Wildformen**

**Extension of genetic variability in *Erica gracilis* by use of wild types**

Preil, W.; Ebbinghaus, R.

Zielsetzung/Aim:

*Erica gracilis* zählt zu den bedeutendsten Zierpflanzen des deutschen Erwerbsgartenbaus. Die enge genetische Basis des Handelssortimentes ist für eine züchterische Weiterentwicklung allein nicht ausreichend und erfordert die Einbeziehung von Wildformen aus den Ursprungsgebieten Südafrikas.

*Erica gracilis* is one of the most important ornamentals in German horticulture. Due to the narrow genetic basis in standard varieties, wild types from South Africa are included in breeding programs for crop improvement.

Ergebnisse:

Lange Haltbarkeit der Blüten und Frosttoleranz gelten bei den Anbauern von *Erica gracilis* als herausragende Zuchtziele, um gegenüber *Calluna vulgaris* wettbewerbsfähig bleiben zu können. Vier Polycross-Sämlingspopulationen, die auf zweifache Rückkreuzungen mit südafrikanischen Wildformen von *Erica gracilis* zurückgehen, blühten im Sommer 1999 bei sechs AZERCA-Kooperationspartnern das erste Mal. Im Bremer Raum überstanden sie den Winter 1999/2000 ungeschützt im Freilandquartier und gelangten im Sommer 2000 erneut zur Blüte. Bei zwei Populationen überlebten die Frostperiode mehr als 20 % der Sämlinge, die im Sommer reichen Blütenbesatz ausbildeten und ihre Attraktivität bis Ende Dezember 2000 behielten. Dieser unerwartete Befund gab Anlass, nach der Sicherstellung von Elite-Pflanzen den Restbestand im Winter 2000/2001 ein zweites Mal im Freilandquartier auf Frosttoleranz zu testen. Durch die Überwinterung von spaltenden Nachkommenschaften im Freiland konnte eindrucksvoll gezeigt werden, dass nach Erweiterung der genetischen

Basis durch Einkreuzung von Wildformen aus den natürlichen Verbreitungsgebieten in Südafrika sowohl die Kältetoleranz als auch die Haltbarkeit der Blüten erheblich gesteigert werden kann. Die Untersuchung der Variationsbreite beider Merkmale wird fortgesetzt.

Abstract:

Four seedling populations originating from backcrosses with wild types of *Erica gracilis* from South Africa flowered in 1999 for the first time and spent the winter 1999/2000 in the field. More than 20% of the seedlings survived the frost period and flowered again in summer 2000. The flowers of elite plants kept their attractiveness until December. The results demonstrate that the variability of the traits „cold hardness“ and „keeping quality of the flowers“ was extended efficiently by introduction of new genetic sources.

In Zusammenarbeit mit: Sondergruppe AZERCA, Zentralverband Gartenbau e.V. (ZVG), Bonn (BAZ-6106)

#### **4.5. 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:

Nachdem in den vorhergehenden Jahren Methoden zur Erstellung von Ausgangsmaterial entwickelt und grundlegende genetische Untersuchungen durchgeführt wurden,

lag im Berichtsjahr der Schwerpunkt der Arbeiten auf der Bewertung des umfangreichen Basismaterials. Diese Bewertung sollte zu einer Auswahl potentieller Sortenkandidaten, der Selektion von Eltern für erweiterte Polycross-Ansätze und zur Klassifizierung von Merkmalsträgern mit ökonomisch relevanten Eigenschaften führen. Neben anderen Merkmalen wurden durchgehend die Bewurzungsfähigkeit von Stecklingen, der Mehltaubefall, die Blühdauer und der Pflanzenhabitus bewertet. Insgesamt 152 bzw. 139 Genotypen wurden in die Versuche einbezogen.

#### Stecklingsvermehrung

Für die kommerzielle Nutzung werden die verwendeten Dahlienpflanzen über Stecklinge vegetativ vermehrt. Dazu werden die Knollen so weit mit Substrat angehäufelt, dass der Stengelansatz frei bleibt. Die sich bei +15 bis 20 °C bildenden Triebe werden nach Ausbildung des dritten Blattpaares abgeerntet, in 5cm-Töpfe abgesteckt und unter Sprühnebel bewurzelt. Als „bewurzelt“ galten Stecklinge, deren Wurzeln das Substrat bis zum Topfboden durchwachsen hatten. Bonitiert wurde neben der Anzahl gesteckter und abgestorbener Stecklinge die Anzahl bewurzelter Stecklinge sowie die Bewurzungsdauer in Tagen. Gesteckt wurden 1896 Stecklinge von 152 Genotypen. Die durchschnittliche Bewurzungsdauer, gemittelt über alle untersuchten Genotypen, lag bei 32 Tagen. Innerhalb der jeweiligen Genotypen betrug das Minimum der durchschnittlichen Bewurzung 20, das Maximum 60 Tage. Nicht bewurzelte Stecklinge traten nur bei wenigen Genotypen auf, in 25 Genotypen betrug deren Anteil mehr als 10 %. Für die weitere Züchtung werden nur Genotypen selektiert, die eine hohe Bewurzungsfähigkeit aufweisen.

Neben der *in vivo* Stecklingsvermehrung ist auch die *in vitro* Pflanzenproduktion möglich. Eigene Untersuchungsergebnisse dazu liegen nicht vor.

#### Mehltaubefall

Der Befall von Dahlien mit echtem Mehltau (*Erysiphe cichoracearum*) hat im Laufe der zurückliegenden Jahre ständig zugenommen. Das Basismaterial wurde deshalb hinsichtlich des Mehltaubefalls intensiv bearbeitet und bonitiert. Die Boniturstufen umfassen die Stufe „0“, entsprechend befallsfrei, Stufe „1“, „2“ und „3“ mit zunehmendem Befall (Abb. 1). Von den 139 mehrfach bis zum Vegetationsende bewerteten Genotypen entfielen einer in Klasse „0“, 18 in Klasse „1“, 33 in Klasse „2“ und 35 in Klasse „3“. Die restlichen 52 Genotypen zeigten mäßigen bis starken Befall der Klasse „2“ und „3“, waren aber nicht eindeutig zuzuordnen.

#### Blühdauer

Nach strenger Selektion auf frühen Blühbeginn in den zurückliegenden Vegetationsperioden blühte das gesamte Material am 1. Juli 2000. Ebenso konnte die Abnahme der Anzahl Blüten im Langtag deutlich verringert werden. Insgesamt 14 Genotypen bildeten bis zum Ende der Vegetationsperiode viele Blüten aus, nur drei zeigten sehr schwache Blütenausbildung.

#### Pflanzenhabitus

Unter der Vorgabe „Sortenkandidaten“, wurden neben den berichteten Einzelmerkmalen die Straffheit des Wuchses, die Verzweigungsfähigkeit, die Blütenstiellänge, die Blütenform und der Blütenansatz am Blütenstiel bewertet. Eine besonders ausgeprägte Kombination aller Qualitätsmerkmale besaßen 22 der getesteten Genotypen.

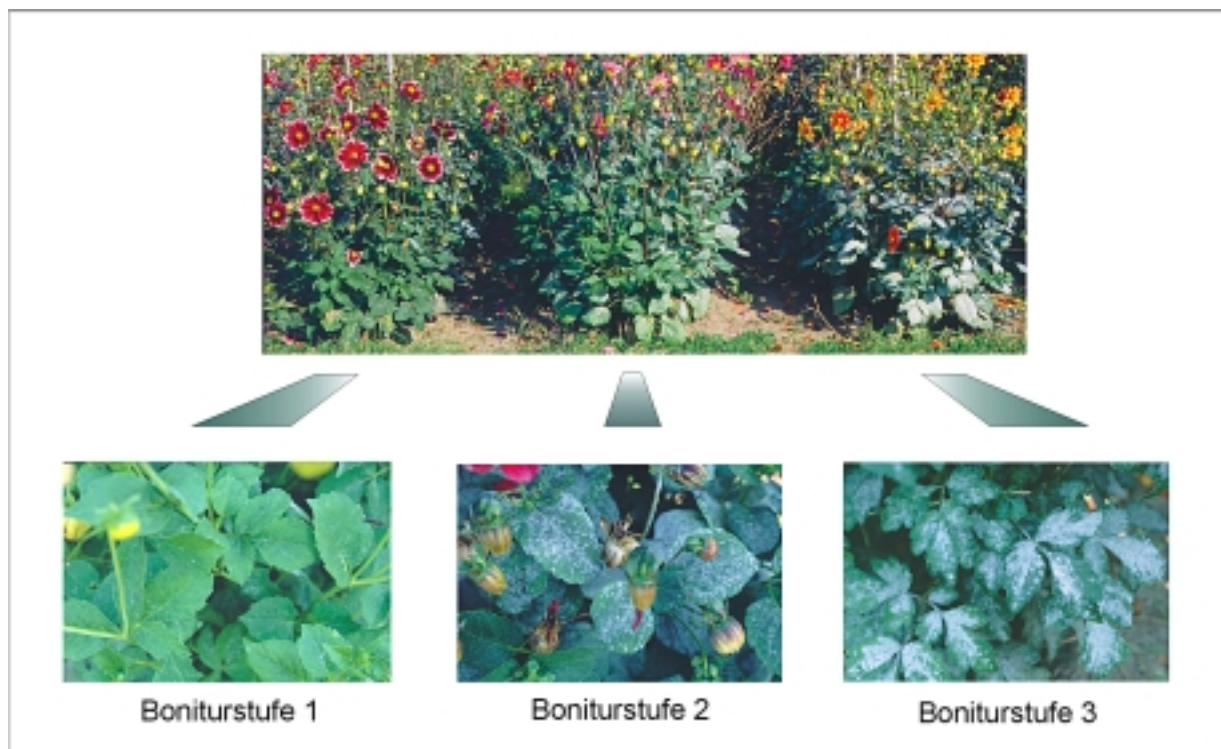


Abb. 1: Boniturstufen des Mehltaubefalls bei Dahlien

Fig.1: Classification of mildew in Dahlia

Abstract:

After raising of basic material in *Dahlia* the selection of potential variety types was started. Among 139 clones grown in two replications in the field each with 5 plants, about 100 were selected with a high rooting ability, 18 with very low mildew infection and 14 with intensive flowering up to the end of vegetation period. A total of 22 clones will be tested at different locations to verify their variety status. In addition, selections of genotypes with one or more superior traits were performed. These will be grown in isolated plots to combine economically interesting characters.

In Zusammenarbeit mit: Prof. Otto, Lüneburg.  
(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, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL), wobei sich die wissenschaftlichen Aufgaben aus den Anforderungen der fruchtartenspezifischen Institute der BAZ und den aktuellen Resistenzproblemen der züchterischen Praxis in Deutschland ableiten. 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, 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 Charakterisierung von Krankheitserregern als Voraussetzung für die Aufklärung von Pathogenese- und Resistenzvorgängen in Kulturpflanzen.

Wie in den zurückliegenden Jahren konzentrierten sich die Forschungsarbeiten auf Getreidekulturen, Kartoffel und einige Arznei- und Gewürzpflanzenarten. Konkrete Fragestellungen wurden darüber hinaus bei Gräsern, Kohl und Cyclamen bearbeitet.

Mit der Evaluierung einer ersten Auswahl von Zuchtlinien und Wildformen des Weizens auf Resistenz gegen *Fusarium culmorum*, *Stagonospora nodorum* und *Septoria tritici* wurde die Überführung dieses Themenkomplexes aus dem Institut für Resistenzgenetik Grünbach an den Standort Aschersleben abschließend vollzogen. Die Arbeiten werden zukünftig durch die Bereitstellung praktikabler, sicherer und empfindlicher Methoden zum serologischen Nachweis der Pilze in infizierten Pflanzen unterstützt. Die im Bericht vorgestellten Ergebnisse zur Detektion von *Fusarium*-Arten in Weizenkörnern – mit guten Korrelationen zwischen ELISA-Werten einerseits und Boniturnoten bzw. Mykotoxingehalt andererseits – sind hierfür ein erster wichtiger Schritt. Darüber hinaus wird gezeigt, dass die Kombination von ESEM-Rasterelektronenmikroskopie und Röntgenmikroanalyse völlig neue Möglichkeiten eröffnet, die pflanzliche Abwehrreaktion auf Pizbefall zu untersuchen.

Fortgesetzt wurden die Arbeiten zur Kartierung neuartiger Pilzresistenzgene in Kreuzungspopulationen aus *Hordeum spontaneum*-Herkünften und Kulturgerste. So konnte ein erster AFLP-Marker sowie 3 Mikrosatellitenmarker identifiziert werden, die mit einer neuen Resistenz gegen Zwergrost gekoppelt sind.

Neben Pilzen erweisen sich im Getreidebau Viren als immer bedeutsamer. Insbesondere Roggen- aber auch Weizenkulturen werden zunehmend von bodenbürtigen Viren, wie dem Soil-borne rye mosaic furovirus und dem *Wheat spindle streak mosaic bymovirus* befallen, die aufgrund ihrer Stabilität in den Dauerorganen des Pilzvektors *Polymyxa graminis* in gleicher Weise die Anbaugelände verseuchen können, wie das von den Gelbmosaikviren der Gerste bereits seit langem bekannt ist. Um diesem Problem durch Auffinden und Nutzung natürlicher Resistenzen in Zukunft begegnen zu können, wurden mit der Analyse der Virussituation an verschiedenen Befallstandorten, der Gewinn-



nung von *Polymyxa*-Isolaten und der Optimierung klimatischer Bedingungen für die Pilzentwicklung einerseits sowie die möglichst effiziente Virusübertragung andererseits erste Voraussetzungen geschaffen.

Mit der Entwicklung einer einfachen aber effektiven und reproduzierbaren Infektionsmethode, bei der pilzbewachsene Agarscheiben als Inokulum auf Rasenparzellen gelegt werden (Replika-Technik), ist ein großer Schritt in Richtung praxisrelevanter Resistenzprüfmethode für das Pathosystem *Laetisaria fuciformis* (Rotspitzigkeit) und *Lolium*- bzw. *Festuca* spp. gelungen (Abb.1). Die Methode hat sich unter Freilandbedingungen bewährt; Isolate mit hoher Aggressivität stehen für die Testung zur Verfügung.



Abb. 1: Infektion von Rasen-Testparzellen mit dem Erreger der Rotspitzigkeit mittels Replika-Technik

Fig. 1: Infection of grass plots with the fungus *Laetisaria fuciformis*, causing the red threat disease

Auch für Kümmel und den Pilz *Phomopsis diachenii* - als wichtigste Ursache der Doldenverbräunung (Abb. 2) - liegt die Resistenzprüfmethode nunmehr vor. Inokulations- und Boniturverfahren wurden sowohl für Freiland- als auch Gewächshausbedingungen erarbeitet; Sichtbonitur und ELISA-Befunde stimmen gut überein. Damit ist die methodische Basis für die Evaluierung und resistenzzüchterische Entwicklung von Material gegeben.

Mit dem Einsatz einer Software, welche die quantitative symptomsspezifische Farbprofilwertung ermöglicht, gelang der Durchbruch bei der Entwicklung eines zuverlässigen und objektiven Boniturschemas für das System Fenchel – *Passalora puncta*. Die visuelle Abschätzung von Befallsunterschieden hatte sich aufgrund der Fiederblättrigkeit des Fenchels und der äußerst geringen Pustelgröße in der Vergangenheit als unmöglich erwiesen.

Im Versuchsjahr 1999/2000 wurde die dreijährige Freilandprüfung zweier transgener Kartoffellinien abgeschlossen. Die Analyse von je 185 Knollen ergab eine Infektionsrate von 20 bzw. 30 % mit dem *Potato potyvirus Y* (PVY) gegenüber der zu 90 % infizierten nichttransgenen Form. Das entspricht den Ergebnissen der Vorjahre, zeigt die genetische Stabilität,

genügt jedoch nicht für eine züchterische Weiterführung des Materials. Neue aussichtsreiche Linien wurden ins Freiland überführt. Im Rahmen eines vom BMBF gefördertes Projektes wurden erstmals Arbeiten zur biologischen Sicherheit aufgenommen. Mögliche Einflüsse transgener Kartoffelpflanzen auf spontan im Bestand auftretende Viren, Pilze und Blattläuse sollen untersucht sowie Rekombinationsereignisse zwischen Transgen und Viren aufgespürt werden. In den epidemiologischen Untersuchungen zur Kartoffelschleimfäule wurde nachgewiesen, dass zahlreiche Unkrautarten *Ralstonia solanacearum* aufnehmen können. Die Übertragung des Bakteriums ist durch direkten Wurzelkontakt oder über den Boden auch von benachbarten Pflanzen aus möglich.



Abb. 2: Kümmeldolde, gesund und infiziert mit *Phomopsis diachenii*

Fig. 2: Caraway umbel, healthy and infected with *Phomopsis diachenii*

The research profile of the institute is determined by the scientific demands of the Ministry of 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 crop specific institutes and the 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:

The detailed research projects mainly focus on the needs of the crop specific institutes and the 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; 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.

As in the previous years research activities were focused on cereals, potato and several pharmaceutical and spice plants; further objects of interest were grass species, cabbage and cyclamen. With the evaluation of a first series of breeding lines and wild types of wheat for resistance to *Fusarium culmorum*, *Stagonospora nodorum* and *Septoria tritici* this research program was finally transferred from the former Institute of resistance Genetics Grünbach to Aschersleben. To support the future evaluation of genetic resources of wheat reliable and sensitive methods will be developed for serological detection of the fungi in infected plants. The reported results on detection of *Fusarium* spp. in wheat kernels, that show good correlation between ELISA values and the symptom scoring data and mycotoxin content, respectively, represent a first important step towards an efficient testing procedure. Apart from that, it was demonstrated that the combination of ESEM scanning electron microscopy and X-ray microanalysis offers completely new opportunities to investigate the plant defence reaction against pathogen attacks.

In 2000 the activities to map novel fungus resistance genes in crossing populations of *Hordeum spontaneum* and barley cultivars were continued and revealed a first AFLP- and 3 microsatellite markers linked to a locus conferring resistance to *Puccinia hordei*. In addition to numerous fungi it turned out in the last two years that viruses become more and more dangerous for cereal production. Particularly rye and wheat are getting infected by soil-borne pathogens like the Soil-borne rye mosaic furovirus and the *Wheat spindle streak mosaic bymovirus*. Due to their durable infectivity in the resting spores of the fungal vector *Polymyxa graminis* they can rapidly infest agricultural areas in a large scale as it was observed for the barley yellow mosaic during the last 2 decades. For being able to resist the problem in future by identifying and utilising natural resistances several research activities have been started to analyse the virus occurrence in different locations, to cultivate different *Polymyxa* isolates and to optimise the climatic conditions for fungus development as well as for efficient virus transmission from fungus to plants.

A significant step towards creating a resistance screening method was also made for the pathosystem *Laetisaria fuciformis* – *Lolium perenne*/*Festuca rubra* (red threat disease) by developing a simple, effective and reproducible infection method, called Replica-technique. Here, agar discs with axenic cultures of the fungus are placed on plots of grass populations to be tested (Fig. 1) and the infection process is visually followed and estimated according to defined criteria. The method is proved to be reliable under field conditions, highly aggressive isolates are available. Similarly, a resistance screening method is now available for the combination caraway – *Phomopsis diachenii* as the main causing agent of the umbel browning, too (Fig. 2). Visual scoring fits well with ELISA data for fungus detection under controlled and field conditions. This provides an excellent basis for evaluating genetic resources and developing basic material for the breeders.

A software package allowing to quantitatively estimate symptom specific alterations on fennel leaves was the crucial tool to achieve the breakthrough to create a scoring scheme for plants infected with *Passalora puncta*. Up to now, all attempts to estimate the disease level visually had failed due to the specific architecture of the fennel leaves and the very small size of the pustules.

Finally, in the experimental year 1999/2000 the 3 years testing period of transgenic potato plants for

resistance to *Potato potyvirus Y* was finished. Analyses of 185 tubers of each of two transgenic lines revealed an infection rate of about 20 and 30 %, respectively, compared to about 90 % for the non-transformed line. Although these data confirm the results of the previous years the achieved resistance level is not sufficient for including the material into breeding programs. New promising potato lines carrying either coat protein or polymerase specific sequences of PVY were grown for the first time in open ground. In parallel, a project to investigate certain biosafety aspects of field grown potato plants harbouring transgenes from viruses was started. The possible influence of the GMO on spontaneously occurring viruses, fungi and aphid species are to record and recombination events between viral genomes and the transgenes are to detect and analyse.

As it was experimentally shown, another very important pathogen of potato, *Ralstonia solanacearum* can be admitted by potato plants from infested soil or starting from infected plant species (e. g. weeds) via soil or by direct root contact. This makes the further spreading of brown rot disease very likely.

## 1. Resistenzforschung Resistance Research

### 1.1. Charakterisierung von PR (pathogenesis-related) - Proteinen der Gerste Characterization of PR (pathogenesis-related) proteins of barley Reiss, E.

Zielsetzung/Aim:

PR-Proteine sind Teil eines komplexen pflanzlichen Systems von Abwehrmechanismen, die durch die Erkennung des Pathogens ausgelöst werden und dessen Eindringen und Entwicklung limitieren sollen. Die Wirkungsweise dieser Proteine ist z.B. bei den hydrolytischen Chitinasen und  $\beta$ -1,3-Glucanasen sowie bei den die Proteinsynthese hemmenden Ribosomen inaktivierenden Proteinen (RIP's) offenkundiger als bei den PR-5 Proteinen (Thaumatin-ähnlichen Proteinen), deren Funktion noch weitgehend ungeklärt ist. In *Drechslera teres* infizierten Gerstenblättern wiesen wir acht Isoformen der PR-5 Proteine (PR-5a bis PR-5h, geordnet nach steigenden pI-Werten) über 2-D Elektrophorese und Detektion mit N-terminaler Mikrosequenzierung nach. Für drei stark saure PR-5 Proteine lagen bereits cDNA Sequenzen vor. Von vier weiteren Isoformen haben wir inzwischen die cDNAs kloniert und sequenziert.

PR proteins are part of a complex network of defence mechanisms which are activated upon perception of a pathogen and designed to limit its penetration and development. Some PR proteins possess known function, like the hydrolytic chitinases and  $\beta$ -1,3-glucanases and the ribosome-inactivating proteins (RIPs) that inhibit the protein synthesis, whereas the function of the PR-5 proteins (thaumatin-like proteins) is not known. In *D. teres* infected leaves of barley we detected eight isoforms of PR-5 (PR-5a to PR-5h) by N-terminal microsequencing following two-dimensional electrophoresis. The cDNAs of the three strong acidic isoforms are published. We have cloned and sequenced the cDNAs of four other isoforms.

Ergebnisse:

Im Berichtszeitraum wurde die cDNA-Sequenz von PR-5f ermittelt, dessen N-Terminus sich nicht von PR-5g unterscheidet. Zunächst wurde beim 3'-RACE Verfahren ne-

ben den Produkten, die wir zunächst willkürlich dem PR-5g zugeschrieben, auch ein cDNA-Fragment gefunden, das sich von den übrigen in seiner Sequenz etwas unterschied. Über 5'-RACE wurde diese cDNA verlängert und aus einer cDNA-Phagenbank *D. teres* infizierter Gerstenblätter die vollständige cDNA isoliert. Die cDNA-Sequenzen von PR-5g und PR-5f sind sich identisch zu 85% und auf der Proteinebene ergeben sich Differenzen in 8 Aminosäureresten und einer Deletion. Die Zuordnung der Sequenzen zu den Spots im Elektrophoresegele und damit auch die namentliche Zuordnung ließ sich schließlich über die errechneten pI-Werte vornehmen.

Die cDNA für PR-5f hat eine Länge von 927 Basen und kodiert für ein Protein mit 226 Aminosäureresten. Es weist ein typisches Signalpeptid bestehend aus 24 Aminosäureresten auf, welches vermutlich das naszierende Protein in das Endoplasmatische Reticulum dirigiert, wo es co-translational abgespalten wird. Das Fehlen weiterer, meist C-terminaler Sequenzmuster, die eine Retention oder eine Organellenadressierung signalisieren, zieht den „Default Pathway“ nach sich: die Exkretion der Proteine aus der Zelle in den Apoplasten. Die errechnete Molmasse für das reife Protein von 21,352 kDa liegt etwas unter dem aus dem Elektropherogramm abgeschätzten Wert, so dass von posttranslationalen Veränderungen, die für ausgeschleuste Proteine typisch sind, ausgegangen werden muss. Dafür spricht auch eine N-Glykosylierungsstelle am Asparaginrest (Aminosäure 164 in der Sequenz -T-N-Y-S-). Der errechnete pI-Wert beträgt 7,53. Die Peptidsequenz zeigt die für PR-5 Proteine typische Präsenz von 16 Cysteinresten in invarianten Positionen.

Raps- und Kartoffelpflanzen, die mit dem Gen für PR-5h transformiert worden sind, wurden für Resistenzprüfungen herangezogen.

Gegenwärtig werden einige andere cDNAs aus der Phagenbank infizierter Gerstenblätter untersucht, da ihre Sequenzen einen Bezug zur Abwehrreaktion der Pflanze vermuten lassen. Zu ihnen gehören auch cDNAs, die für Proteine kodieren mit Funktionen im Photosyntheseapparat wie z. B. die Gerstenanaloge für die Weizenproteine CAB und PsbP, die bereits mit der Kältetoleranz von Pflanzen in Zusammenhang gebracht wurden.

Abstract:

The cDNA of PR-5f was cloned and sequenced. The

corresponding protein has the same N-terminal sequence as PR-5g. Despite of this, it was possible to get two different sequences representing the two proteins PR-5g and PR-5f. The applied methods included 3'-RACE, 5'-RACE, and screening the  $\lambda$ -phage library of cDNAs from *Drechslera teres* infected barley leaves. Differences in the pI values allowed the assignment of the two sequences to the proteins. The deduced data define the signal peptide, the mol mass of the mature protein, and the N-glycosylation site.

Transformed oil seed rape and potato plants, having the PR-5h gene of barley, are produced to assay for changes in resistance to pathogens.

Among cDNAs of other infection-related proteins, we cloned also cDNAs coding for proteins with functions for the photosynthetic oxygen-evolving complex respectively light harvesting complex.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U.; Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Scholze, P. (BAZ-2138)

## 1.2. Untersuchungen zur Ausprägung, Vererbbarkeit und genetischen Stabilität der Resistenz transgener Kartoffelpflanzen gegen das *Potato virus Y* (PVY) im Freiland

### Investigations on expression, heredity and genetic stability of resistance to *Potato virus Y* (PVY) in transgenic potato plants under field conditions

Barchend, G.

Zielsetzung/Aim:

1999 wurde in einem Freilandversuch wiederholend das Resistenzverhalten von aussichtsreichen Transformanden der dh-Linie c, die mit dem Hüllproteingen des PVY transformiert worden war, getestet. Um die erzielte Resistenz der transgenen Linien beurteilen zu können, erfolgte im Frühjahr 2000 die Bestimmung der Virusbelastung der geernteten Knollen mit einer Augenstecklingsprüfung.

In a field trial the resistance of selected transgenic potato dh-lines (cp-mediated protection) to PVY was compared with that of different cultivars using various inoculation methods. The level of secondary virus infection was estimated by ELISA testing of tuber sprouts cultivated in a greenhouse.

Ergebnisse:

In mehrjährigen Freilandversuchen erfolgte die Prüfung des PVY-Resistenzverhaltens von 2 transgenen Linien vergleichend zu Sorten. Von den 1999 geernteten Knollen wurde mittels DAS-ELISA eine Augenstecklingsprüfung durchgeführt. Insgesamt wurden 2800 Knollen (2 Knollen pro geernteter Staude) auf das Vorkommen von PVY getestet. Das Infektionsniveau der nichttransformierten Ausgangslinie c (dhc) lag bei 87 %. Der anfällige Standard 'Hansa' war vollständig infiziert. In den extrem resistenten Sorten 'Bettina' und 'Ute' konnte kein PVY detektiert werden. Die transgenen Linien dht-39 und dht-

41 wiesen ein Infektionsniveau von 30 bzw. 23 % auf (Abb.).

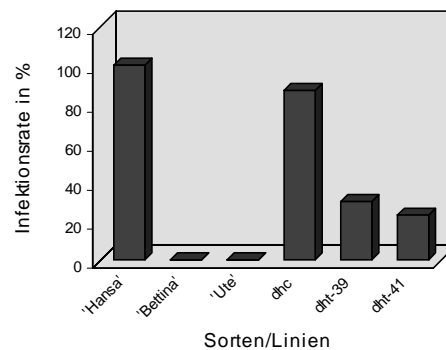


Abb.: Ergebnisse der PVY-Resistenzprüfung transgener Kartoffellinien; ELISA-Analyse sekundär mit PVY infizierter Augensteckling

Fig.: Results of PVY-resistance screening of transgenic potato lines; ELISA analysis of secondarily infected sprouts

Die Linien zeigten über mehrere Jahre eine deutliche Verbesserung des Resistenzverhaltens gegenüber der nichttransformierten Ausgangslinie in Abhängigkeit von den Infektionsbedingungen (Witterung, Blattlausflug und künstlicher Infektionsdruck). Eine weitere Prüfung der dht-39 und dht-41 ist nicht vorgesehen, da sich die gentechnisch erzeugte PVY-Resistenz zwar als stabil erwies aber keine Immunität vermittelt werden konnte.

In Vorversuchen in der Klimazelle wurde eine weitere aussichtsreiche transgene Linie (dht-102) selektiert und zwischenvermehrt. Im Versuchsjahr 2000/2001 kam erstmals die dht-102 in größerem Umfang zur Freisetzung. Ausgepflanzt wurden je 180 Knollen dieser Linie; vergleichend dazu die als extrem resistent eingestuften Sorten 'Bettina' und 'Ute' (je 45 Knollen). Als Infektionsquellen wurden 60 mit PVY infizierte Knollen der Sorte 'Hansa' aus dem Anbau 1999 ausgepflanzt. Im Versuchsjahr 2000 erfolgte keine zusätzliche Ausbringung von Aphiden. Eine Einschätzung des Resistenzverhaltens der dht-102 kann erst nach erfolgter Augenstecklingsprüfung (ca. 1500 Knollen) im Frühjahr 2001 erfolgen.

Abstract:

The results of ELISA-analysis indicated that the percentage of transgenic potato plants of the lines dht-39 and dht-41 infected with PVY was significantly lower than that of nontransformed plants. In conclusion, a final judgement of the PVY resistance of the two transgenic potato lines showed a partial resistance but not immunity. In 2000 we tested a novel transgenic line (dht-102) in the field, that had shown promising results under controlled conditions. The results of sprout testing will be available in march 2001.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U. (BAZ-2141)

### 1.3. Erste Ergebnisse zur Testung der Resistenz transgener Kartoffelpflanzen gegen das *Potato potyvirus Y* (PVY) unter Feldbedingungen

#### First results of screening transgenic potato plants for resistance to *Potato potyvirus Y* (PVY) under field conditions

Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Die Resistenz von vier transgenen Kartoffelklonen gegen das PVY sollte unter Feldbedingungen getestet werden.

Resistance of four transgenic potato lines to PVY should be tested under field conditions.

Ergebnisse:

In den vergangenen Jahren waren Kartoffelpflanzen gewonnen worden, die durch Expression eines verkürzten Nib-Gens des PVY sowohl Resistenz gegen das PVY und zum Teil auch PVA aufwiesen. Der Typ der Resistenz variierte von Immunität bis Recovery. Drei Linien mit Recovery-Resistenz und eine Linie mit Immunität wurden unter Freilandbedingungen am Standort Aschersleben angebaut. Die Pflanzung erfolgte Ende Mai. Als Infektionsquelle für die natürliche Ausbreitung des Virus wurden Streifen mit Kartoffeln der Sorte 'Hansa', infiziert mit dem Isolat CH605 des PVY<sup>N</sup>, angebaut (Abb. 1). Die Ausbreitung der Infektion erfolgte durch natürlichen Zuflug von Aphiden. Die primär infizierten Kartoffeln zeigten sehr starke Symptome (Abb. 1).



Abb. 1: Infektionsquellen für das PVY (Vordergrund) und zu testende transgene Kartoffelpflanzen (Hintergrund), Anfang Juli 2000.

Fig. 1: Sources of infection for PVY (background) and transgenic plants (background), July 2000.

Bereits sehr früh zeigte sich, dass die Ausbreitung der Aphiden nicht homogen war. Ein Unterschied in der Ausbreitung zwischen transgenen/nichttransgenen Pflanzen ließ sich nicht erkennen. Vielmehr war klar zu erkennen, dass sich die Läuse ausgehend von einer benachbarten Kleingartenanlage ausbreiteten. Ihre Populationsdichte war sehr hoch (Abb. 2), so dass mit einem guten Infektionserfolg zu rechnen war. Dieser ließ sich sehr schnell auf den anfälligen Kontrollen beobachten. Alle Pflanzen der drei Linien mit recovery-Resistenz wiesen primären Befall mit dem PVY auf. Von den Pflanzen der unter Gewächshausbedingungen immunen Linie Linda Nb58 wiesen 11% primären Befall mit PVY auf. Die transgenen Pflanzen zeigten im Vergleich zu den anfälligen Kontrollen und nicht transformierten Pflanzen jedoch kaum Be-

fallssymptome. Das Isolat, welches die immune Linie infizieren konnte, wurde auf Tabak übertragen und für die Testung des immunen Klon unter Klimakammerbedingungen verwendet. Mit ihm konnte auch unter diesen Bedingungen die Resistenz durchbrochen werden. Gegenwärtig wird untersucht, worauf das Durchbrechen der Resistenz basieren könnte. Somit scheint die recovery-Resistenz zumindest bei starkem Befallsdruck kein probates Mittel zu sein, Virusbefall zu verhindern. Auch wenn die Resistenz des immunen Klon mit heterologen Virusisolaten getestet und bestätigt werden konnte, scheint das Virus Adaptationsmöglichkeiten aufzuweisen. Die parallel getesteten Pflanzen mit natürlicher PVY-Resistenz wiesen keinen Primärbefall auf.

Alle Pflanzen werden in den nächsten Monaten in der Augenstecklingsprüfung getestet, um den sekundären Befall zu ermitteln und zu prüfen, ob es zu einer Recovery gekommen ist.



Abb. 2: Natürlicher Blattlausbefall Anfang Juli 2000 auf transgenen Kartoffelpflanzen.

Fig. 2: Appearance of aphids on transgenic potato plants, July 2000.

Abstract:

Under field conditions the resistance of several transgenic lines was tested. In 2000 a high density of aphids could be observed. Probably, they originated from small gardens located near the field plots, resulting in an uneven distribution of the aphids. All plants showing recovery resistance became infected easily. Eleven percent of the plants of the previously immune line showed primary infection. The isolate breaking this resistance was able to infect the immune line under greenhouse conditions, too. The mechanism of breaking resistance will be investigated.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U.; Institute of Plant Molecular Biology, Lab. Mol. Genet., Ceske Budejovice, Czech Republic, Matousek, J.; BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben, Mattern, D. (BAZ-2150)

#### 1.4. Einfluss transgener Kartoffelpflanzen mit Resistenz gegen das PVY auf Krankheitserreger- und Blattlauspopulationen

##### Impact of transgenic potato plants showing resistance to *Potato potyvirus Y* (PVY) on populations of pathogens and aphids

Mattern, D.; Schubert, J.

##### Zielsetzung/Aim:

Der Einfluss von transgenen Kartoffelpflanzen mit einer verkürzten Variante des Nib- sowie des Hüllproteingens des PVY auf die an Kartoffeln vorkommenden Viren, Pilze und Blattläuse sollte unter Freilandbedingungen untersucht werden. Das Material soll dazu dienen, mögliche Rekombinationseffekte zwischen transgener und viraler RNA aufzudecken, ohne dass ein entsprechender Selektionsdruck in Hinblick auf die Rekombination besteht.

The influence of transgenic potato lines with resistance to PVY, based on the coat protein encoding region (CP) or a truncated form of Nib of PVY, on populations of pathogens and their vectors under field conditions should be investigated. The material forms the basis of investigations on recombinations between transgenic and native viral RNA without a selection pressure.

##### Ergebnisse:

In einem Freilandversuch wurde die Resistenz transgener Kartoffellinien getestet, die in Vorversuchen eine erhöhte Resistenz gegen das PVY gezeigt hatten, jedoch nicht vollständig immun sind. Die Resistenz der Pflanzen beruht zum einen auf der Expression eines verkürzten Nib-Gens (Linda Nib, DH 59Nib) und zum anderen auf der des Hüllproteingens des PVY (DH CP 59).

Die Pflanzen wurden im Mai 2000 in drei unabhängigen Versuchsanlagen angebaut, um Aufschlüsse über mögliche homologe bzw. heterologe Rekombinationen zwischen PVY bzw. *Potato potyvirus A* (PVA) und der über eine Mutation markierten transgenen RNA zu erhalten. Weiterhin sollten mögliche Veränderungen des Pathogenspektrums (Viren, Pilze) bzw. der sie übertragenden Aphidenpopulationen in Abhängigkeit von der transgenen Kartoffellinie untersucht werden. Als Infektionsquelle für die natürliche Virusausbreitung bei den Untersuchungen zu Rekombinationserscheinungen wurden zwei unabhängige Blockanlagen mit einem Streifen der Sorte 'Hansa' umgeben, der mit einem Isolat des PVY<sup>NTN</sup> bzw. PVA infiziert wurde, wodurch bei entsprechendem Vorkommen von Aphiden ein hoher Infektionsdruck der Viren zu erwarten war. Die primäre Infektion mit PVA erwies sich als schwierig, da die Resistenz der Sorte 'Hansa' gegen PVA die Infektion nur weniger Pflanzen ermöglichte.

Die Infektion der Pflanzen für die Untersuchungen zu möglichen Verschiebungen des Dominanzspektrums von Viren bzw. Blattläusen erfolgte durch natürlichen Zuflug von Blattläusen, ohne dass künstliche Infektionsstreifen angelegt wurden. Als Kontrollvarianten wurden die Sorten 'Ute', 'Bettina', 'Linda' und 'Hansa' genutzt.

Die visuelle Bonitur ergab hinsichtlich Befall mit pathogenen Pilzen keine Unterschiede. Obwohl die Parzellen nicht mit Fungiziden behandelt worden waren, blieben sie im wesentlichen frei von Braunfäule. Der Blattlausbefall

zeigte ebenfalls keine signifikante Bevorzugung bzw. Vermeidung in der Besiedlung einer bestimmten transgenen Linie oder Sorte.

Alle Kartoffelpflanzen wurden im August/September serologisch (DAS-ELISA) auf Primärinfektion mit PVA, PVM, PVS, PVV, PVY und PLRV getestet. Die einzelnen transgenen Linien zeigten ein sehr differenziertes Resistenzverhalten gegenüber den verschiedenen Viren. Die transgenen Pflanzen mit dem verkürzten Nib-Gen zeigten bei einem geringen Infektionsdruck eine deutlich stärkere Resistenz gegen PVY als die Vergleichssorten. Bei einer Verstärkung des Infektionsdrucks kam es jedoch auch zu einem erhöhten PVY-Befall der transgenen Linien. Gleichzeitig stieg der Anteil von PVA infizierten Einzelpflanzen an, wohingegen der Prozentsatz PVM-infizierter Pflanzen in der Regel sank, was auf antagonistische Effekte schließen lässt. Die Augenstecklinge der geernteten Knollen aller Pflanzen werden im Januar/Februar 2001 nochmals auf die sechs Virusarten getestet. Damit können auch die infizierten Pflanzen erkannt werden, die im Überprüfungszeitraum aufgrund eines geringen Virustiters nicht nachgewiesen werden konnten bzw. nicht mehr zur Überprüfung zur Verfügung standen (frühe Abreife).

##### Abstract:

Plants of different transgenic potato lines that had been cultivated under field conditions were checked for their resistance to different potato viruses (i.e. PVA, PVM, PVS, PVV, PVY, PLRV) as well as any abundance of their aphid vectors in comparison to commercially grown potato varieties. The results of ELISA analysis indicated a correlation between infection pressure and the number of infected plants. No preference of virus species for transgenic plants could be detected so far. In contrast, there were no differences in the settlement by aphids between transgenic and nontransgenic potatoes. No obvious differences could be found between fungal species infecting transgenic and nontransgenic plants. Harvested tubers will be used for investigations of possibly recombination events between expressed transgenic RNA and the RNA of natural populations of viral pathogens.

In Zusammenarbeit mit: BAZ; Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben, Barchend, G.; Institut für Landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U.

(gefördert mit Mitteln des BMBFT, FKZ 03 12 318, BAZ-2158)

#### 1.5. Herstellung von Konstrukten für die transgene Induktion von Resistenz gegen das *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV)

##### Development of constructs for transgenic induction of resistance to *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV)

Schubert, J.

##### Zielsetzung/Aim:

Verschiedene Konstrukte sollten erstellt werden, um ihre Eignung, Resistenz bei *Brassica* gegen das TuMV zu induzieren, testen zu können.

Several constructs should be provided to test their usefulness to induce resistance in *Brassica* to TuMV.

Ergebnisse:

Das *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV) zählt zu den wichtigsten Erregern von Virose des Kohls und scheint in Deutschland auch im Raps verbreitet zu sein. Da natürliche Resistenzen bei *Brassica* kurzfristig nicht verfügbar sind, sollte nach Möglichkeiten gesucht werden, die Resistenz auf erprobte Weise über die „pathogen derived resistance“ gentechnisch zu verbessern. Die dafür erforderlichen Konstrukte wurden auf der Basis des Isolats Tu-2 erstellt, welches unter den vorhandenen Isolaten die höchste Virulenz aufweist.

Es wurden die Gene für das Hüllprotein und das Kernschlusskörperproteine b (RNA-Polymerase, N1b) kloniert und für die Erstellung der Konstrukte eingesetzt. Zur Anwendung kamen sowohl die aktiven Gene als auch Formen mit blockierter Translation. Da aus vorhergehenden Versuchen bekannt war, dass das N1b nur wirksam

wird, wenn es mit stabilisierenden Proteinen fusioniert wird, wurde auch eine Fusion mit dem green fluorescent protein (GFP) hergestellt. Das GFP soll ein einfaches Monitoring der Expression ermöglichen.

Die Gene befinden sich unter Kontrolle des 35S-Promotors/Terminators. Die Expressionskassetten wurden in binäre Plasmide der Serie pLH7000/9000 übertragen (Selektion mit Kanamycin oder Phosphinotricin). Diese wurden wiederum in verschiedene Stämme von *Agrobacterium tumefaciens* übertragen.

Getestet werden sollen die Transformationseffizienz (Konstrukt, *A. tumefaciens*-Stamm) und der Grad der vermittelten Resistenz (Genform).

Abstract:

Several constructs have been obtained, which contain the CP- or N1b-genes of TuMV either in their active or inactive form. Their transformation efficiency and ability to confer resistance can be tested now.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Klocke, E., Ryschka, U., Krämer, R.; Institut für Rebenzüchtung, Geilweilerhof, Siebeldingen, Hausmann, L.  
(BAZ-2149)

#### **1.6. Untersuchungen zum Resistenzniveau von Raps-sorten gegen das *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV) und seinem Vorkommen an Raps in der Nordharzregion**

**Investigations on the resistance level of oil seed rape cultivars to *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV) and on the occurrence of the virus in the North Harz region**

Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Für verschiedene Länder wird beschrieben, dass das TuMV ein erhebliches Befallsniveau im Raps erreichen kann. Die jährliche Befallsintensität ist jedoch starken

Schwankungen unterworfen. Es wird eine intensive Züchtung auf Virusresistenz auch unter Verwendung von molekularen Selektionsmarkern betrieben. Insbesondere wird das dominante Gen TuRB01 in die Züchtung einbezogen.

Um Vorstellungen zu erhalten, wie sich die Befallslage gestaltet, wurden Proben aus der Nordharzregion auf Virusbefall untersucht. Weiterhin wurde aktuelles Sortenmaterial auf Resistenz gegen die Virose getestet.

It was described for several countries that TuMV can reach high infestation levels. Annual levels of infection may vary considerably. Intensive breeding for resistance is performed. In order to receive information about the infestation situation in Germany several specimen from the North-Harz-region were tested. Further, some of the current varieties of oilseed rape were tested for resistance.

Ergebnisse:

Im Mai 2000 wurden im Umkreis von ca. 40 km um Quedlinburg und Aschersleben Proben aus verschiedenen Rapschlägen gezogen und mit Hilfe des ELISA auf Befall mit TuMV untersucht. Für Vergleichszwecke wurde auch auf Befall mit dem Turnip yellows luteovirus (TuYV, Synonym: *Beet western yellows virus*) getestet. Je Standort wurde nur eine willkürliche Probe genommen. Von den getesteten 114 Proben zeigten 4 Befall mit dem TuMV (3,5%). Zum Vergleich dazu wiesen 95% dieser Proben Befall mit dem TuYV auf.

Da sich die positiven Proben auf den Bereich südlich von Aschersleben beschränkten, kann man eine klimatische Komponente bei der Virusausbreitung vermuten. Dieses Gebiet ist klimatisch milder als der Harz, so dass die Blattläuse auf infizierten Wirten überwintern können. Dadurch wird die Infektionskette nicht unterbrochen, was essenziell für das nicht-persistent übertragene TuMV ist.

Da wir vermuteten, dass hinsichtlich der Resistenz gegen das TuMV auch Sortenunterschiede bestehen, wurde ein Feldversuch zur Überprüfung der Hypothese angelegt. Als Infektionsquelle diente die Rapsorte 'Mohican', von der ca. 50 % der Pflanzen mechanisch mit einem Gemisch verschiedener TuMV-Isolate infiziert worden waren. Sechs Wochen nach der Inokulation wurde die Ausbreitung der Infektion in den Parzellen untersucht. Die Ergebnisse sind in der Tabelle 1 dargestellt.

Bei Vorliegen entsprechender Infektionsbedingungen (Infektionsquelle, anfällige Sorte und Vektoren) kann sich die Infektion sehr schnell ausbreiten. Ein potenzielles Risiko für durch TuMV hervorgerufene Ertragsverluste ist somit gegeben. Die Ergebnisse lassen weiterhin den Schluss zu, dass es Resistenzunterschiede zwischen den Sorten gibt. Ihre Natur ist nicht bekannt. Eine weitere Bonitur soll im Frühjahr folgen. Dadurch kann eingeschätzt werden, wie stark die Resistenz der einzelnen Sorten ausgeprägt ist.

Tab. 1: Befallsintensität mit dem TuMV für verschiedene Rapssorten unter Freilandbedingungen  
 Table 1: Infection level with TuMV for different varieties of oilseed rape under field conditions.

Sorte	% befallene Pflanzen*
‘Mohican‘, mechanisch inokuliert	93,0
‘Amber‘	12,5
‘Apex‘	0
‘Artus‘	0
‘Boston‘	12,5
‘Bristol‘	37,5
‘Cannon‘	37,5
‘Express‘	25,0
‘Falcon‘	37,5
‘Laser‘	12,5
‘Lisek‘	37,5
‘Mohican‘	27,0

\* Schwellenwert:  $x + 2s$

Geplant ist die Einbeziehung weiterer Sorten in die Testung und die Aufklärung der Vererbung möglicher Resistenzen. Weiterhin soll in südlicheren Regionen Deutschlands der Befall von Raps mit dem TuMV überprüft werden, um Schlussfolgerungen über die Notwendigkeit einer züchterischen Bearbeitung ziehen zu können.

**Abstract:**

Investigations on distribution of TuMV in the region around Quedlinburg/Aschersleben revealed that approximately 4 % of the tested plants were infected. All infected plants were found in the climatically milder region south of Aschersleben.

Field trials showed that oilseed rape becomes easily infected with TuMV if a virus source is available. Differences in infection level among tested varieties of oilseed rape could be demonstrated.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Krämer, R. (BAZ-2149)

**1.7. Untersuchungen zur quantitativen Resistenz des Weizens gegen pilzlichen Schaderregern an Blatt und Ähre**

**Investigation of quantitative resistance of wheat to fungal leaf and ear pathogens**

Kastirr, U.

**Zielsetzung/Aim:**

Das Ziel dieser Arbeiten besteht darin nach Etablierung eines multiple Selektionssystem, welches im BAZ-Institut für Resistenzgenetik erarbeitet wurde, unterschiedliche genetische Weizenressourcen und Zuchtlinien hinsichtlich ihrer Resistenz gegenüber pilzlichen Pathogenen an Blatt und Ähre zu evaluieren und weitere Resistenzquellen für die praktische Züchtung zu erschließen.

The aim of this project is to establish a multiple system for selection of resistance to fungal leaf and ear pathogens on wheat, which was already developed (Institute of Resistance Genetics). The using of this system for the evaluation of resistance in different genetic wheat resources and breeding lines will open new resistance sources for the breeding research.

**Ergebnisse:**

Es wurden 61 Weizensorten und Zuchtlinien und 51 Wildformen geographisch unterschiedlicher Herkünfte in randomisierten Anlagen von Kleinparzellen angelegt. Die künstliche Inokulation mit *Fusarium culmorum* (FC), *Stagonospora nodorum* (SN) und *Septoria tritici* (ST) erfolgte durch Versprühen von Konidien suspensionen der Pathogene. Die Erfassung der Infektionsrate während der Krankheitsentwicklung wurde dreifach durchgeführt. Die durchschnittlichen Infektionsraten aller Genotypen wurden für jeden Krankheitserreger ermittelt (Tab. 1).

Tab. 1: Evaluierung von Weizengenotypen auf Resistenz gegenüber *Fusarium culmorum* (FC), *Stagonospora nodorum* (SN) und *Septoria tritici* (ST)  
 Table 1: Evaluation of wheat genotypes for resistance to *Fusarium culmorum* (FC), *Stagonospora nodorum* (SN) and *Septoria tritici* (ST)

Pathogen	Durchschnittliche Infektionsrate von Weizengenotypen (%)		
	gesamt (112)	Kulturformen (61)	Wildformen (51)
FC an der Ähre	30	30	30
SN an der Ähre	39	45	32
SN am Fahnenblatt	22	26	18
ST am Fahnenblatt	57	65	47

Die Unterschiede in den Infektionsraten des geprüften Materials sind gegenüber *F. culmorum* am geringsten. 62 % der Kulturformen und 61 % der Wildformen liegen unterhalb des Versuchsmittelwertes, wobei 14 % der Wildformen weniger als 10 % Pilzbefall zeigten. Die Anfälligkeitsunterschiede gegenüber *S. nodorum* variieren stärker. Unter 30 % im Pilzbefall der Ähre/des Fahnenblattes bleiben 20 %/33 % der Kulturformen und 53 %/63 % der Wildformen, davon 12 %/45 % der Pflanzen wurden zu weniger als 10 % infiziert.

Das Resistenzniveau gegenüber *S. tritici* ist am wenigsten entwickelt. Nur 29 % der Weizensorten, keine der geprüften Zuchtlinien und 35 % der Wildformen zeigen eine Infektionsrate unter 30 %. Nur 4 % der Wildformen bleiben im Befall unter 10 %.

Vergleichend zur Infektionsrate unter Freilandbedingungen wurde die Anfälligkeit der Weizenherkünfte an Blattabschnitten gegenüber unterschiedlichen *S. nodorum*-Isolaten unter definierten Klimabedingungen geprüft (Tab. 2).



Tab. 2: Evaluierung von Weizengenotypen auf Resistenz gegenüber *Stagonospora nodorum* im Blattschalentest (BST)

Table 2: Evaluation of wheat genotypes for resistance to *Stagonospora nodorum* in a *in vitro* test with detached leaves

Herkünfte	% infizierter Blattfläche		
	10 bis 25	26 bis 50	51 bis 70
112/in % gesamt	24/22	79/70	9/8
24/in % Sorten	2/8	20/84	2/8
37/in % Zuchtlinien	9/24	27/73	1/3
51/in % Wildformen	13/26	32/63	6/11

Die durchschnittlichen Infektionsraten der Kulturformen im BST korrelieren mit den Befallswerten am Fahnenblatt in der Freilandtestung, während die Wildformen unter diesen Infektionsbedingungen eine höhere Anfälligkeit zeigen. Es wurden Isolate unterschiedlicher Aggressivität nachgewiesen.

**Abstract:**

The characterisation of 61 cultivars and breeding lines and 51 wild types of wheat on resistance to *Fusarium culmorum* (FC), *Stagonospora nodorum* (SN) and *Septoria tritici* (ST) was carried out. The level of resistance to these pathogens was different. We found a particularly high variability of wheat susceptibility to *S. nodorum*. The level of resistance to *S. tritici* is low. Different isolates of *S. nodorum* were compared on detached leaves under controlled climatic conditions.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Resistenzgenetik, Walther, H.; Strube Saatzucht KG, Söllingen, Spanakakis, A.; Nordsaat Saatzucht GmbH, Saatzucht Langenstein, Böhnshausen, Unger, O.; IPK, Genbank, Gatersleben, Grau, M. (BAZ-2144)

**1.8. Entwicklung einer Methode zur Selektion auf Resistenz gegen *Laetisaria fuciformis* (McAlpin) Burdsall am Deutschen Weidelgras (*Lolium perenne* L.) und Rotschwingel (*Festuca rubra* L.) Screening of genetic resources for resistance to *Laetisaria fuciformis* on ryegrass and red fescue**  
Berestetski, A.; Kastirr, U.

**Zielsetzung / Aim:**

Im Rahmen dieses Projektes erfolgt die Charakterisierung von *Laetisaria*-Herkünften und die Prüfung ihrer Pathogenität, die Entwicklung einer künstlichen Infektionsmethode und die Prüfung der Resistenz von *Lolium*- und *Festuca*-Herkünften.

The project includes the characterisation of different isolates of *Laetisaria fuciformis* and the determination of their aggressiveness. In a second step a reliable method

for artificial infection of plants and resistance screening of ryegrass and red fescue cultivars will be developed.

**Ergebnisse:**

Im Rahmen der Erarbeitung einer Selektionsmethode auf Resistenz gegenüber der Rotspitzigkeit an Rasengräsern wurden folgende Untersuchungen durchgeführt:

**1. Vergleich unterschiedlicher Inokulationstechniken hinsichtlich des Infektionserfolges**

Das Infektionsniveau nach Inokulation mit Körnerkulturen ist gering und die Pflanzen werden sporadisch infiziert. Das Ausbringen von Pilzmyzelmaseraten ermöglicht einen höheren Infektionserfolg, ist aber sehr von den Umweltbedingungen abhängig. Die Replika-Technik (Einsatz der Pilzkultur von der Agarplatte) sichert die besten Infektionserfolge und reproduzierbare Ergebnisse.

**2. Untersuchungen zur Krankheitsentwicklung unter kontrollierten Bedingungen**

Es wurde der Einfluss der Pflanzenanzucht, -kultivierung und des Pflanzenalters, der Typ des Inokulums, die Wirkung der Temperatur auf Infektionsstärke (Abb. 1), Blattkolonisierung und Krankheitsentwicklung unter definierten Bedingungen untersucht. Im Rahmen dieser Arbeiten wurde ein Protokoll für eine reproduzierbare Infektionsmethode für den Vergleich unterschiedlicher Genotypen unter klimatisierten Bedingungen erstellt.

**3. Analyse der Populationsstruktur von *L. fuciformis* bezüglich der Aggressivität der Pathogenisolate**

Von Bedeutung sind in diesem Zusammenhang die Untersuchungen zur Aggressivität und Kompatibilität natürlich auftretender Pathogenpopulationen geographisch unterschiedlicher Regionen. Von 5 verschiedenen Standorten wurden je 30 Isolate von *L. perenne* und *F. rubra* charakterisiert.

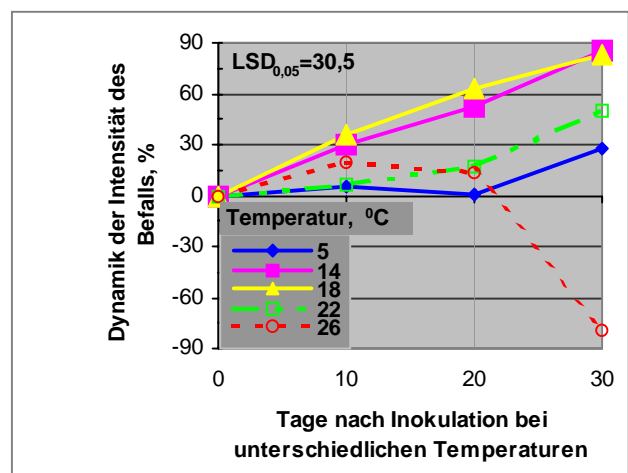


Abb.: Einfluss der Temperatur auf die Dynamik der Befallsintensität

Fig.: Effect of temperature on dynamics of disease intensity

Es wurden 4 Pathogengruppen unterschiedlicher Kompatibilität charakterisiert und Pilzisolat dieser Gruppen hinsichtlich ihrer Aggressivität verglichen und signifikant unterschieden. In den Populationen ist eine hohe Variabilität in der Aggressivität der Pilze nachweisbar.

#### 4. Evaluierung auf Resistenz gegenüber *L. fuciformis* unter Freilandbedingungen

Die unter definierten Bedingungen entwickelten Inokulationsmethoden wurden in Freilandversuchen erfolgreich angewandt. Der Infektionserfolg wird nach dem prozentualen Anteil infizierter Rasenfläche, der Ausbreitung der Befallsfläche und der Sklerotienbildung beurteilt.

Mit den vorliegenden Untersuchungen wurden die Grundlagen für eine unter kontrollierten Bedingungen durchführbare Selektion auf Resistenz gegenüber *L. fuciformis* geschaffen.

Abstract:

Comparing several types of inoculum have shown that the replica technique is a reproducible inoculation method. Main factors for red thread disease development were determined that allow to compose a protocol of artificial infection. The variability of *Laetisaria fuciformis* isolates on aggressiveness and other markers was demonstrated and the most aggressive ones could be used in selection process. The resistance evaluation to *Laetisaria fuciformis* under field conditions by artificial inoculation using different inocula was successful.

In Zusammenarbeit mit: Deutsche Saatveredlung, Salzkotten-Thüle, Schumann, C.; Saatzucht Steinach GmbH, Steinach, Eickmeyer, F.; Zelder bv, Gennep, Niederlande, Wolters, L.

(BAZ-9390, gefördert durch die AiF-10906B)

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

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

Gabler, J.

Zielsetzung/Aim:

Schaffung der methodischen Grundlagen für Resistenzscreenings bei einjährigem Kümmel. Entwicklung standardisierter Inokulationsmethoden, Boniturschlüssel und Erregernachweismethoden zur Erfassung des Resistenzniveaus. Vergleich der Anfälligkeit von Kümmel-Populationen nach künstlicher Infektion im Gewächshaus und unter natürlichen Befallsbedingungen.

Laying the methodical basis for resistance screenings of annual caraway. Development of standardised inoculation methods, scales for visual scorings and pathogen detection methods for assessment of the resistance level. Comparison of the susceptibility of caraway populations infected artificially in the greenhouse and under natural

infection conditions.

Ergebnisse:

Als optimale Inokulationsmethode erwies sich bei beiden Erregern Tauchen der Dolden in Inokulum gegenüber Sprüh- oder Tropfeninokulation. Unter den auf Pathogenität geprüften ca. 50 *Alternaria*- und ca. 40 *Phomopsis*-Isolaten neigten die reichlich sporulierenden zu stärkerer Aggressivität. Eine Optimierung der  $\alpha$ -Sporenbildung von *P. diacheni* gelang durch Schwarzlicht (bei 14 °C) und auch durch Zusatz von Kümmel-Samen zum Anzuchtmedium (bei 20 °C). Die  $\beta$ -Sporen waren weder keimfähig, noch infektiös. Das Tauchen vorgequollener Kümmel-Samen in *Phomopsis*-Inokulum führte zu einer Reduzierung der Keimfähigkeit um ca. 20 %. Aus Schüttelkulturen von *P. diacheni* hervorgegangenes Inokulum (Myzelhomogenat mit wenigen  $\alpha$ -Sporen) besaß nur geringe Infektiosität. Für Modellversuche wurden 4 Kümmel-Populationen und je 5 hoch aggressive Erregerisolate ausgewählt. In ersten Gewächshausversuchen mit den Varianten 'Phomopsis', 'Alternaria' sowie 'Phomopsis+Alternaria' ließen sich folgende Tendenzen erkennen: Abgetrennte Dolden und intakte Pflanzen ergaben in der visuellen Bonitur und im PTA-ELISA überwiegend gleichsinnige Resultate bezüglich der Rangordnung der Populationen. Außerdem zeigten die Populationen gegenüber beiden Erregern annähernd gleiche Abstufungen in der Anfälligkeit. 'Karzo' tendierte zu stärkerer, 'Ga 21/90' und 'Israel' zu schwächerer Anfälligkeit. Diese Unterschiede zeigten sich im PTA-ELISA meist deutlicher als in der visuellen Bonitur. Zwischen den ELISA-Werten ( $A_{405nm}$ ) und den Boniturnoten, insbesondere den Endboniturnoten, bestand eine enge positive Korrelation. Zum Vergleich mit den Gewächshausversuchen wurde ein entsprechender Feldversuch mit den drei o. g. und drei weiteren Varianten ('Natürlicher Befall', 'Fungizid-Behandlung' und 'Insektizid-Behandlung') angelegt. Hier diente die Anzahl erkrankter Dolden pro Pflanze als Maß der Befallsstärke. Signifikante Unterschiede im Befallsniveau bestanden zwischen den Populationen und den Varianten. Die Populationen 'Ga 21/90' und 'Israel' waren tendenziell am stärksten, 'Karzo' dagegen am schwächsten anfällig; 'Frankreich' nahm eine mittlere Position ein. Die Population 'Karzo' war unter natürlichen Bedingungen und im Gewächshaus bisher relativ stark anfällig gewesen, außerdem relativ frühblühend. Im Unterschied dazu wies sie in diesem Jahr einen deutlichen Entwicklungsrückstand auf: Während bei den anderen Populationen zum Zeitpunkt der künstlichen Infektion (28.06.00) bereits 70 - 90 % der Pflanzen blühten, waren es bei 'Karzo' nur ca. 50 %. Da bei Epidemiebeginn noch nicht blühende Pflanzen (über Populationen und Varianten betrachtet) signifikant schwächer befallen wurden als bereits blühende, könnte die geringe Anfälligkeit der Population 'Karzo' mit der Blühverzögerung zusammenhängen. Drei von vier Populationen erreichten das signifikant höchste Befallsniveau in der 'Mischinfektion' (nur 'Frankreich' in der 'Phomopsis-Variante'), das niedrigste in der 'Insektizid-Variante' (nur 'Ga 21/90' in der 'Fungizid-Variante'). Bei der Population 'Israel' wurde eine Ertragsermittlung vorgenommen. Zwischen dem

Befall und dem Ertrag in den einzelnen Varianten bestand eine negative Korrelation ( $r = -0,786$ ). Die höchsten Erträge entfielen auf die 'Fungizid-' und die 'Insektizid-Variante' (9 bzw. 7 g/Pflanze), der niedrigste auf die Mischinfektion (5 g/Pflanze). In der Mischinfektion war auch die TKG gegenüber der 'Fungizid-Variante' um ca. 10 % vermindert. Zwischen der Krankheitsentwicklung auf dem Feld und einigen Klimadaten, insbesondere Lufttemperatur und Niederschlag, wurde eine enge positive Korrelation festgestellt.

Abstract:

Dipping of caraway umbels into inoculum proved to be the optimal inoculation method for *Alternaria* spp. and *Phomopsis diachenii*. The formation of  $\alpha$ -spores of *P. diachenii* could be stimulated by black light and by addition of caraway seeds to the agar medium, too. Inoculum produced from shaker cultures of *P. diachenii* was weakly infectious. The response of 4 caraway populations infected artificially with isolate mixtures of both pathogens under greenhouse and field conditions was studied. In addition, the variants „natural infection“, „insecticide“ and „fungicide treatments“ were enclosed in the field experiment. Significant differences in the susceptibility between the populations were found.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Pank, F.  
(BAZ-2155)

### **1.10. 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 diseases on fennel (*Foeniculum vulgare* Mill. subsp. *vulgare* var. *vulgare*). Use of natural resistance**

Taubenrauch, K., Gabler, J.

Zielsetzung/Aim:

Der Anthraknoseerreger *Mycosphaerella anethi* [Anamorph *Passalora punctum* (Lacroix) 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 Fenchelaccessionen und die Entwicklung einer Resistenzprüfmethode.

The anthracnosis pathogen *M. anethi* causes economically 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 develop a resistance screening method and to assess differences in the susceptibility of fennel accessions.

Ergebnisse:

Zur Beobachtung der Krankheitsentwicklung wurde ein Feldversuch mit zeitlicher Differenzierung des Infekti-

onstermins und verschiedenen Inokulumkonzentrationen angelegt. Da der Erreger in Kultur kaum Konidien ausbildet, musste das Infektionsmaterial aus einem zweijährigen Bestand für die Sprühinokulation verwendet werden. Um Aussagen über die Ertragsminderung durch den *P. punctum* Befall und über den natürlichen Befallsdruck machen zu können, wurde der Versuch um eine Spritzmittelvariante und eine unbehandelte Kontrolle ergänzt. In Zusammenarbeit mit dem Bundessortenamt Hannover wurde außerdem ein Sortenversuch in Aschersleben und Quedlinburg angelegt, um vorhandene Resistenzen zu prüfen.

Die visuelle Bonitur ist durch die geringe Symptomgröße sehr schwierig, genaue Aussagen über das Ausmaß der geschädigten Blattfläche sind durch die feine Blattfiederung des Fenchels nicht möglich. Zur Entwicklung einer reproduzierbaren Boniturmethode und zur exakten Erfassung von Unterschieden in der Anfälligkeit wurde das Softwareprogramm 'BAfix' (GTA-Sensorik GmbH) eingesetzt. Bei der wöchentlichen Probenahme wurden Einzelblätter in definierten Blattetagen gepflückt und nach dem Einscannen mittels einer symptomspezifischen Farbprofilauswertung hinsichtlich ihrer Fläche und des Befallgrades erfasst. In Aschersleben trat eine starke natürliche Infektion auf. Die ersten Symptome von *P. punctum* waren durch die außergewöhnlich trockene Frühjahrswitterung und die verzögerte Pflanzenentwicklung bedingt erst Anfang August erkennbar. Der erste Doldenbefall wurde im Oktober registriert. Im Vergleich zu 1999 ist dies eine zeitliche Verschiebung von ca. 6 Wochen. Zwischen den Behandlungsvarianten der künstlichen Infektion gab es geringe zeitliche Verschiebungen, ein 50 % Gesamtpflanzenbefall wurde Ende August bonitiert, die natürliche Infektionsvariante erreichte eine Woche später diesen Wert. Durch den Fungizideinsatz ('Folicur') konnte die Blattmasse um ca. 14 Tage länger erhalten werden, eine Doldenschädigung blieb aus.

Alle angebauten Sorten wurden von *P. punctum* befallen, jedoch traten größere zeitliche Verschiebungen in der Krankheitsentwicklung auf. Die Sorte 'Bulgare' zeigte starken Ertragsausfall durch die frühzeitige Samenschädigung, weniger anfällig waren 'Frankreich', 'Magnafena', 'Berfena' und 'Großfrüchtiger'. Ohne stärkere Stängel- oder Doldenschädigungen blieben die sehr spät abreifenden Sorten 'Budakalasz', 'Soroksari' und 'Moravskij', die in diesem Jahr erst Mitte Dezember erntereif waren. Im nächsten Jahr sollen die Untersuchungen fortgeführt werden.

Abstract:

A high infection level caused by *P. puncta* was estimated in Aschersleben in 2000 but compared with 1999 the disease development was delayed by 6 weeks due to unusual weather conditions.

The visual scoring of the disease symptoms is very difficult. To support the visual scoring the computer programme 'BAfix'(GTA Sensorik) was used. In a field experiment with nine fennel cultivars 'Budakalasz', 'Soroksari' and 'Moravskij' were less infected and 'Bulgare' the most.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hannover, Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Hau, B.; BAZ,

Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Pank, F.; Forschungsvereinigung der Arzneimittelhersteller, Bonn, Christian, B., Kroth, E.; AGRIMED, Trebur, Schubert, E.; Landespflanzenenschutzamt 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)

**1.11. Entwicklung neuer Dill- und Majoransorten mit *Fusarium*- und *Alternaria*-Resistenz**  
**Development of new dill and marjoram cultivars with resistance to *Fusarium* and *Alternaria***  
Kusterer, A.; Gabler, J.

**Zielsetzung/Aim:**

Für die Züchtung von Dill und Majoransorten mit *Fusarium*- und *Alternaria*-Resistenz sollen die methodischen Grundlagen geschaffen werden. Hierzu zählen die Analyse des Krankheitskomplexes, die Gewinnung, Erhaltung und Differenzierung von Erregerisolaten, sowie die Erarbeitung praktikabler Resistenzprüfmethoden.

First steps to gain the aim of breeding resistant dill and marjoram cultivars are the analysis of the disease complex, isolation, cultivation and differentiation of the pathogenic isolates and the development of reliable and easy to perform methods for resistance screening.

**Ergebnisse:**

In den vergangenen Jahren konnten von symptomtragenden Pflanzen (Abb. 1) ca. 40 *Fusarium*-Isolate gewonnen

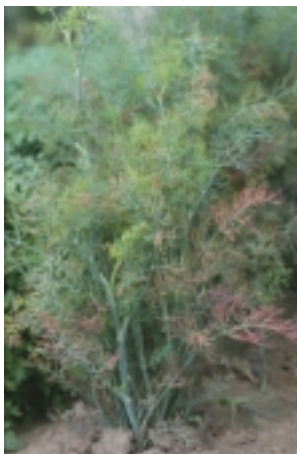


Abb. 1: Schadbild an Dillpflanzen im Freiland

Fig. 1: Symptoms of infected dill plants in the field

werden, von denen unter kontrollierten Bedingungen jedoch keines Pathogenität gegenüber Dill und Majoran zeigte. Dies legte die Vermutung nahe, dass *Fusarium* nicht die eigentliche Ursache der Krankheit ist. In diesem Jahr konnten die Ergebnisse aus dem Jahr 1999 bestätigt werden. Sowohl aus gesundem als auch aus krankem Freilandmaterial wurden verschiedene *Fusarium*-Isolate gewonnen, von denen sich in Gewächshhaustests keines als Pathogen erwies. Daraufhin wurden die Untersuchungen auch auf eine andere Klasse von Krankheitserregern (Viren) ausgedehnt.

Die Analyse auf möglichen

Virusbefall erfolgte durch Blattlausübertragungsversuche auf Dill. Hierzu wurden die Arten *Cavariella aegopodii*

und *Myzus persicae* verwendet. Die Virusübertragung mit *C. aegopodii* führte am Dill zur Ausbildung der Ausgangssymptome. Im Presssaft dieser Pflanzen konnten im Elektronenmikroskop isometrische und gestreckte Partikeln sichtbar gemacht werden (Abb. 2). Um welches Virus es sich bei den isometrischen Partikeln handelt, kann zur Zeit noch nicht abschließend gesagt werden. Einige Ergebnisse sprechen für das an Dill beschriebene *Carrot red leaf luteovirus*, andere widerlegen dies. Die Übertragungsversuche mit *M. persicae* verliefen bisher erfolglos.

Nach mechanischer Inokulation eines Testpflanzensortiments mit dem Presssaft von infiziertem Dill zeigten sich auf folgenden Pflanzen Symptome: Auf *Gomphrena globosa* und *Cenopodium quinoa* lokale Nekrosen, auf *Nicotiana clevelandii* Eichenblattmosaik, auf *N. occidentalis* Adernverbräunung und auf *N. benthamiana* Chlorosen.

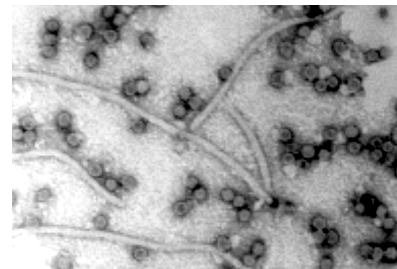


Abb. 2: Elektronenmikroskopische Aufnahme von Viruspartikeln aus dem Presssaft kranker Dillpflanzen

Fig. 2: Electron micrograph of virus particles from crude sap of infected dill plants

*C. quinoa* wurde genauer untersucht. Im Elektronenmikroskop zeigten sich gestreckt-flexible Partikeln, die mit *Celery mosaic virus* (CelMV) Antiserum und Parsley virus Y (ParVY) Antiserum dekoriert werden konnten. Im DAS-ELISA reagierte das Isolat in gleicher Weise, wobei die Reaktion mit ParVY Antiserum etwas stärker war. Zur Überprüfung der Diagnostika wurden 2 Isolate von CelMV und 1 ParVY Isolat eingesetzt, die jeweils mit den homologen Antiseren reagierten. Darüber hinaus zeigte das ParVY-Isolat auch eine, wenngleich schwächere Reaktion mit dem CelMV-spezifischen Antiserum. Das vorliegende Virusisolat aus Dill besitzt somit große Ähnlichkeit mit ParVY, die genaue Identifizierung wird mittels Sequenzvergleich erfolgen. Eine mechanische Inokulation von Dill mit diesem Virusisolat war bisher nicht möglich, es gelang jedoch mit *Myzus persicae* das Virus auf Dill zu übertragen. Die Symptome beschränken sich im Gewächshaus auf eine Wuchsdepression und gelbliche Blätter. Der Virusnachweis erfolgte mit dem DAS-ELISA.

**Abstract:**

The pathogenicity of numerous *Fusarium* isolates from symptom bearing dill plants could not be proven in subsequent tests on dill under greenhouse conditions. This disproved the original assumption of the breeders that the problems are caused by the wilting fungus. Therefore, viruses were considered to be involved. By means of the electron microscope elongated and isometric particles were detected in crude sap from apparently infected plants. Aphid transmission studies showed that the disease symptoms can be reproduced. The viruses will be identified by serology and sequence analysis.

In Zusammenarbeit mit: GHG Saaten GmbH, Aschersleben, (Drittmittelprojekt AiF, FUEGO 0036901L8, BAZ-2147)

### 1.12. 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.; Kühne, T.; Sakr, M.\*

Zielsetzung/Aim:

Infolge auftretender neuer Erregervirulenzen ist für die Resistenzzüchtung bei Gerste gegenüber Zwergrost (*Puccinia hordei*) gegenwärtig im Genpool der Kulturgerste nur noch das Resistenzgen Rph 7 verfügbar. Die Suche nach neuen Resistenzquellen erstreckte sich daher in den letzten Jahren zunehmend auch auf Wildformen, wie z. B. *Hordeum vulgare ssp. spontaneum*. Im Ergebnis umfangreicher Evaluierungsarbeiten wurden im Institut für Epidemiologie und Resistenz (BAZ) 40 vollresistente *H. spontaneum* Sippen selektiert, deren Resistenz nicht auf dem Rph 7 Gen beruht.

Im Rahmen dieses Forschungsprojektes sollen daher Resistenzgene aus Herkünften von *H. spontaneum* molekular kartiert und in praxisrelevante PCR-Marker transformiert werden.

As a result of new appearing virulences of leaf rust pathogen (*Puccinia hordei*) all known resistance genes but Rph7 have been overcome during the last years. Therefore, in the search for new sources of resistance wild types of barley (*Hordeum vulgare ssp. spontaneum*) become more and more attractive. In the Institute of Epidemiology and Resistance (BAZ) 40 resistant *H. spontaneum* varieties were selected which do not contain the resistance gene Rph 7.

The aim of the project is to create molecular markers linked to leaf rust resistance in selected *H. spontaneum* varieties. They should be converted into practical PCR-markers for further genome analysis.

Ergebnisse:

Die Analysen wurden mit einer Kartierungspopulation bestehend aus 75 DH-Linien der Kreuzung *H. spontaneum* 677 (resistent) x 'Krona' (anfällig) durchgeführt. Auf der Grundlage der bulked segregant analysis wurden mehr als 200 verschiedene Primerkombinationen getestet. Dabei konnten zahlreiche polymorphe AFLP-Marker selektiert werden. Der Polymorphiegrad lag in Abhängigkeit von den verwendeten EcoRI/MseI-Primern bei 20%. Anhand der Einzelpflanzenanalyse wurde bei einem Primer ein polymorphes DNA-Fragment von 350 bp detektiert, welches eine Kopplung zum Resistenzlocus erkennen lässt (Abb. 1).

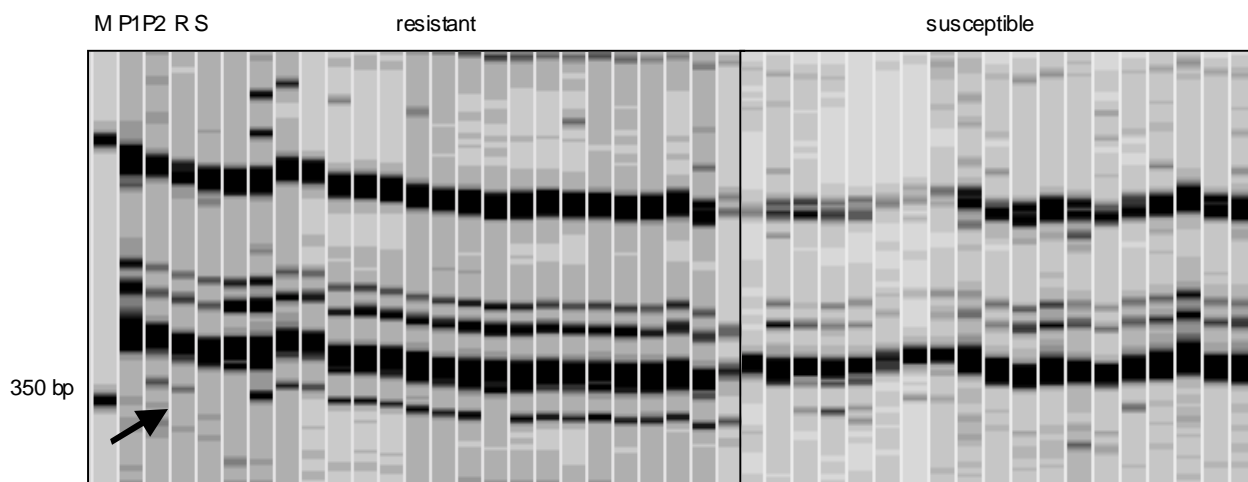


Abb. 1: AFLP-Muster von DH-Linien der Kreuzung *H. spontaneum* 677 x 'Krona' nach Amplifikation mit der Primerkombination E37M33 P1-'Krona' (anfällig); P2- *H. spontaneum* 677 (resistent); R - resistenter bulk; S - anfälliger bulk; M - 50-500 bp Marker

Fig. 1: AFLP-pattern of different doubled haploid lines from a cross *H. spontaneum* 677 x 'Krona'; generated by amplification using the primer E37M33 P1-'Krona' (susceptible); P2-*H. spontaneum* 677 (resistant); R-resistant bulk; S-susceptible bulk; M - 50-500 bp ladder

Dieser Marker wurde bei 36 von 50 resistenten DH-Linien (72%) nachgewiesen, jedoch zeigten auch 20% der als anfällig eingestuft Pflanzen diesen Marker. Das DNA-Fragment wurde nach Silberfärbung aus einem Acrylamidgel isoliert, reamplifiziert und nach Klonierung im pGEM-T Vektor sequenziert.

Basierend auf den Sequenzinformationen sollen PCR-Primer synthetisiert und für eine markergestützte Selektion getestet werden. Ausgehend von der Tatsache, dass die genetische Distanz vom Marker zum Resistenzgen noch

zu groß ist, wird nach weiteren enggekoppelten AFLP-Markern gesucht.

Parallel dazu wurden in der gleichen Kartierungspopulation Mikrosatelliten-Analysen durchgeführt. Für diese Untersuchungen wurden 21 Mikrosatelliten-Primer ausgewählt. Drei davon lassen eine Kopplung mit dem Resistenzlocus erkennen und sind auf Chromosom 2H lokalisiert. Nach Amplifikation mit dem Mikrosatelliten-Primer Ebmac 0521 konnte ein polymorphes DNA-Fragment in 82% der resistenten Pflanzen beobachtet werden (Abb. 2).

In Anbetracht der bisher vorliegenden Ergebnisse kann davon ausgegangen werden, dass es sich nicht um den Rph 16 Locus handelt. Anhand der Mikrosatelliten-Analyse ist zu vermuten, dass sich das relevante Resistenzgen auch auf Chromosom 2H befindet. Aus den Spaltungsanalysen ist abzuleiten, dass in diesem

Material vermutlich zwei Gene für die Zwergrostresistenz verantwortlich sind.

Mit der Suche nach enggekoppelten AFLP- und Mikrosatelliten-Markern, die für eine markergestützte Selektion geeignet sind, werden diese Arbeiten fortgesetzt.

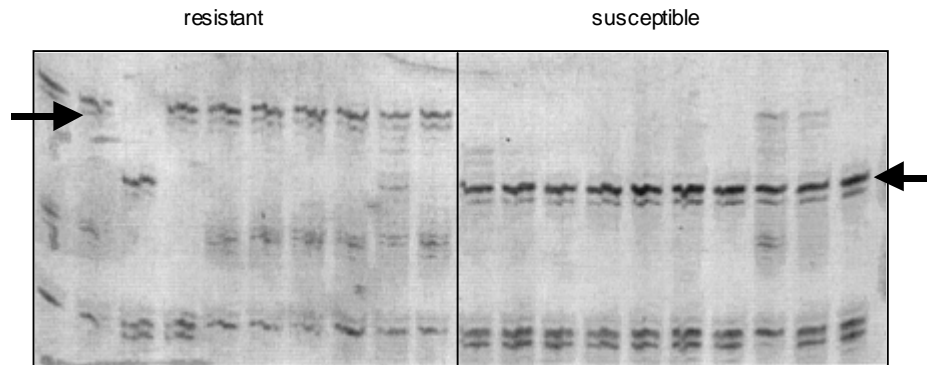


Abb. 2: Mikrosatelliten-Analyse von DH-Linien aus der Kreuzung *H. spontaneum* 677 x 'Krona' nach Amplifikation mit dem Primer Ebmac 0521

Fig. 2: Microsatellites profile of different dihaploide lines from a cross *H.spontaneum* 677 x 'Krona' generated by amplification using the primer Ebmac 0521

#### Abstract:

Bulked segregant analysis with more than 200 AFLP primers and 21 SSRs primers was used for finding of polymorphic markers linked to leaf rust resistance within a crossing population between *H. spontaneum* 677 (resistant) and 'Krona' (susceptible).

The obtained results of 75 doubled haploid lines show the polymorphic 350 bp DNA fragment with one AFLP primer. This marker is present in 72% of the resistant plants. This fragment was isolated from the gel after silver staining, reamplified, cloned and sequenced. Designed primers will be tested in future.

Microsatellites analysis using the primer Ebmac 0521 revealed a polymorphic fragment too that was found in 82% of resistant lines. Accordingly, this marker is considered to be linked to leaf rust resistance gene.

First results indicated that the resistance gene is located on chromosome 2H but it is different from Rph 16.

The investigations will be continued with the search for tightly linked markers for leaf rust resistance genes.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Walther, U.; \*Nationales Forschungszentrum, Abteilung für pflanzliche Zell- und Gewebekultur, Kairo (FZJ/ÖA-IB Projekt 21) (BAZ-2143)

#### 1.13.Röntgenmikroanalytischer Nachweis von Silizium in Blättern von Gerstenpflanzen

##### X-ray-microanalytical detection of silicon in leaves of barley plants

Ehrig, F.

#### Zielsetzung/Aim:

Schaffung methodischer Grundlagen für den Einsatz der Röntgenmikroanalyse in Kombination mit der ESEM-Rasterelektronenmikroskopie bei der Untersuchung pflanzlicher Objekte.

Elaboration of the methodical basis for the application of the X-ray microanalysis in combination with the ESEM scanning electron microscopy for investigations of plant objects.

#### Ergebnisse:

Mit der Röntgenmikroanalyse können chemische Elemente in der Probe detektiert (Spektralanalyse) und deren Verteilung dargestellt werden (Mapping). Die geringe Verbreitung dieser Methode bei der Untersuchung biologischer Proben ist vorrangig auf präparative Schwierigkeiten bei der Probenvorbereitung zurückzuführen. In der konventionellen Rasterelektronenmikroskopie können bei der Präparation nichtkalkulierbare Elementdislozierungen auftreten. Da bei der ESEM-Rasterelektronenmikroskopie auf eine Probenvorbereitung gänzlich verzichtet werden kann, sind Elementdislozierungen ausgeschlossen. Problematisch bei dieser Methode ist aber, dass die unpräparierten Objekte sehr empfindlich auf den Elektronenbeschuss während der Analyse reagieren, wodurch unterschiedliche Artefakte entstehen können. Wir versuchten deshalb, durch Veränderung der Geräteparameter die Strahlungsbelastung der Präparate zu minimieren. Zuerst wurde ein hochaufgelöstes Sekundärelektronenbild aufgenommen. Danach erfolgte die Aufzeichnung des Ele-

mentverteilungsbildes (Mapping). Anschließend wurde kontrolliert, ob es während des Mappings zur Artefaktbildung kam. Wenn keine oder nur geringe Artefakte, die mittels Bildbearbeitung kompensiert werden konnten, auftraten, wurde das Elementverteilungsbild auf das Sekundärelektronenbild projiziert. Nachfolgend werden die Ergebnisse anhand einiger Abbildungen dargestellt.

Zuerst wurden Röntgenspektren von verschiedenen Arealen der Oberfläche gesunder Gerstenblätter gewonnen. Neben Elementen wie Kalium, Natrium, Chlor und Phosphor, die in allen Proben in ungefähr gleicher Menge nachgewiesen wurden, konnten beim Silizium größere Konzentrationsunterschiede in verschiedenen Blattarealen gefunden werden. Eine hohe Siliziumkonzentration weisen langgestreckte Epidermiszellen auf, die sich in mehreren Reihen in Längsrichtung des Blattes erstrecken. Auf diesen Epidermiszellen befinden sich typische hakenförmige Trichome (Pfeil) (Abb. 1).

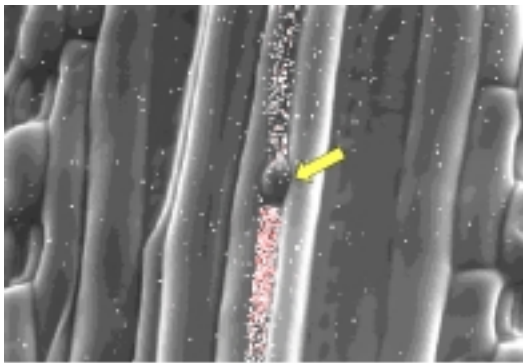


Abb. 1: Oberfläche eines gesunden Gerstenblattes ('Haisa'), hohe Siliziumkonzentration im Bereich einer Epidermiszelle mit Trichom (Pfeil)

Fig. 1: Surface of a healthy barley leaf ('Haisa'), high silicium concentration in the area of an epidermis cell with a trichom (arrow)

Die Dichte der Markierung ist der Siliziumkonzentration proportional. Die langgestreckten Epidermiszellen weisen eine deutlich höhere Siliziumkonzentration auf als die anderen Epidermiszellen.

Weiterhin wurden Gerstenblätter der Sippe BCC 1384 mit Zwergrostbefall (*Puccinia hordei*) untersucht, die neben Nekrosen auch Pusteln aufwiesen (Pfeil). Die Abbildung 2 zeigt den Übergang zwischen Nekrose (rechts) und unverändertem Blattgewebe (links).

Auffallend ist, dass die langgestreckten Epidermiszellen eine definierte Grenze zwischen Nekrose und unverändertem Gewebe bilden. Das Elementverteilungsbild zeigt, dass auch hier Silizium in hoher Konzentration nachweisbar ist. Ein ähnliches Bild wurde bei Nekrosen beobachtet, die auf Blättern des Knautgrases nach Infektion mit dem *Cocksfoot streak virus* entstanden. Auch hier bildeten die langgestreckten Epidermiszellen eine klare Grenze zwischen Nekrose und unverändertem Gewebe. Das Elementverteilungsbild dokumentiert auch in diesem Fall eine hohe Siliziumkonzentration in den langgestreckten Epidermiszellen. Diese Zellen können offenbar die Ausbreitung von Erregern auf die gesamte Blattspreite verhindern, wodurch krankheitsbedingte Blattverfärbungen bei Gräsern oftmals als Streifen auftreten.

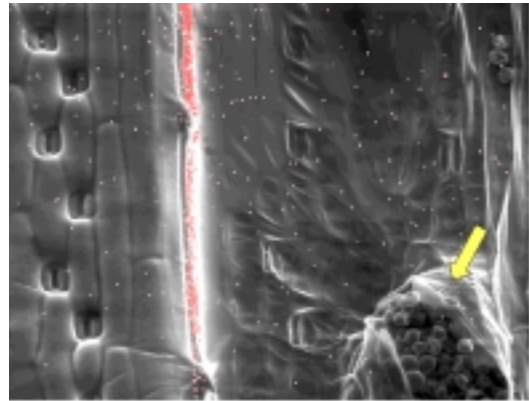


Abb. 2: Oberfläche eines Gerstenblattes nach Infektion mit Zwergrost (*Puccinia hordei*), befallenes (rechts) und unbefallenes (links) Gewebe, Grenze durch Epidermiszelle mit hoher Siliziumkonzentration, Pustel (Pfeil)

Fig. 2: Surface of a barley leaf infected with leaf rust (*Puccinia hordei*), infected (right) and uninfected (left) tissues are separated by an epidermis cell with high silicon concentration, pustule (arrow)

Zur Untersuchung gelangten außerdem Gerstenblätter der Sippe 491 mit Zwergrostbefall. Wiederholt wurden gekeimte Pilzsporen gefunden, deren Keimhyphen zu einer Spaltöffnung wuchsen (Pfeile) (Abb. 3).

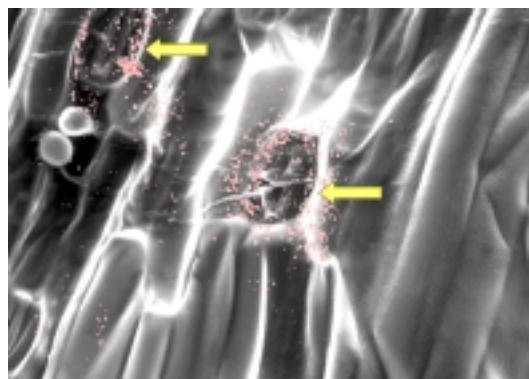


Abb. 3: Oberfläche eines Gerstenblattes ('491') nach Infektion mit Zwergrost (*Puccinia hordei*), kollabierte Sporen und Keimschläuche, Schließzellen der Stomata (Pfeile) mit hoher Siliziumkonzentration

Fig. 3: Surface of a barley leaf ('491') infected with the leaf rust (*Puccinia hordei*), collapsed spores and germ tubes; locking cells of the stomata (arrows) show high silicon concentration

Sowohl Sporen als auch Hyphen waren kollabiert. Appressorienähnliche Strukturen wurden in keinem Fall beobachtet. Die Spaltöffnungen, die von Pilzhypen attackiert wurden, wiesen eine hohe Konzentration an Silizium auf, während die Siliziumkonzentration in unbefallenen Spaltöffnungen nicht über der umliegenden Epidermiszellen lag. Möglicherweise ist diese Beobachtung Ausdruck einer Abwehrreaktion der Pflanze gegen das Eindringen des Pilzes in das Blattgewebe.

Blätter der Gerstensorte Salome mit mlo-Resistenz wurden mit Mehltau konidien (*Erysiphe graminis*) inokuliert. Die Sporen keimten, bildeten Keimschläuche und Appressorien, die aber überwiegend kollabiert waren (Abb. 4). In der Epidermis unter den Appressorien wurden wiederholt Papillen (Pfeile) beobachtet, in denen Silizium konzentriert war. Auch in diesem Fall kann die hohe Siliziumkonzentration mit einer Abwehrreaktion der Pflanze zusammenhängen.

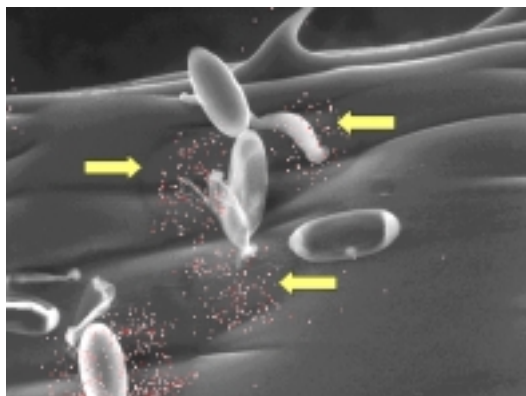


Abb. 4: Oberfläche eines Gerstenblattes (‘Salome’) nach Infektion mit dem Gerstenmehltau (*Erysiphe graminis*), gekeimte Konidien, Appressorien teilweise kollabiert, Papillen (Pfeile) mit hoher Siliziumkonzentration

Fig. 4: Surface of a barley leaf (‘Salome’) with powdery mildew (*Erysiphe graminis*), germinated spores, appressoria in a collapsed manner, papillae (arrows) with high silicon concentration

Die Röntgenmikroanalyse kann kombiniert mit der ESEM-Technik erfolgreich zur Untersuchung krankheitsbedingter Veränderungen der Elementverteilung in Pflanzen eingesetzt werden. Voraussetzung ist die Einhaltung schonender Untersuchungsmethoden sowie die kritische Wertung der Resultate.

**Abstract:**

By help of X-ray microanalysis we detected elongated epidermal cells in healthy barley leaves showing a high content of silicon. In addition, locally increased concentration of silicon, e.g. in papillae and stomata, was observed in leaves that were attacked by pathogenic fungi like *Puccinia hordei* and *Erysiphe graminis*. This is obviously a result of defence reaction.

(BAZ-2157)

## 2. Pathogendiagnostik Pathogen Diagnostics

### 2.1. 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 zum Erreger 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:**

An ausgewählten Unkräutern wurden Untersuchungen zum Wirtspflanzenkreis und zur epidemiologischen Bedeutung von *R. solanacearum* Rasse 3/Biovar 2 vorgenommen. Als Infektionsquellen dienten sowohl künstlich kontaminierter Boden als auch *Solanum nigrum* oder *S. melongena* Pflanzen, die mit dem Bakterium infiziert und in nicht kontaminierte Erde eingepflanzt worden waren. Die potenziellen Rezipienten wurden sowohl in Töpfe mit kontaminierter Erde als auch in Töpfe mit den infizierten *Solanumpflanzen* gesetzt. Im Verlauf der Vegetation wurden Proben von den Testpflanzen entnommen und auf das Vorhandensein des Erregers (Tab.) mittels Semiselektiv-Medium (SMSA), Immunfluoreszenz und Biotest untersucht. Wie die Daten belegen, können die aufgelisteten Unkräuter als Überhälter und damit auch als mögliche Infektionsquellen von *R. solanacearum* fungieren. In weiteren Versuchen sollen die Ergebnisse verifiziert und andere im Kartoffelanbau häufig vorkommende Unkräuter in die Untersuchungen einbezogen werden.

Pflanzenart	<i>R. solanacearum</i> Nachweis	
	kontaminierte Erde	infizierte Pflanzen
<i>Solanum nigrum</i>	+	+
<i>Urtica dioica</i>	+	+
<i>Lycopus europaeus</i>	+	+
<i>Spergula arvensis</i>	+	-
<i>Tussilago farfara</i>	+	-
<i>Galinsoga parviflora</i>	+	+

Tab.: Nachweis von *R. solanacearum* in Unkräutern  
Table: Detection of *R. solanacearum* in weeds



#### 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). As the results show the bacterium is able to multiply within the plants what means that in nature these species can maintain the pathogen in the absence of potato and serve as sources for infection in next season.

## 2.2. Klonierung des HC-Pro-Gens verschiedener Isolate des *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV)

### Cloning of the HC-Pro gene of different *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV) isolates

Schubert, J.

#### Zielsetzung/Aim:

Das HC-Pro-Gen verschiedener Isolate des TuMV sollte kloniert werden, um es zum einen für molekulare Untersuchungen zu Resistenzmechanismen als auch für die Differenzierung von Isolaten einsetzen zu können.

The HC-Pro gene of several isolates of TuMV was cloned. It will be used for molecular approaches to investigate mechanisms of virus resistance as well as for diagnosis.

#### Ergebnisse:

In Versuchen mit dem HC-Pro Gen des *Potato potyvirus Y* (PVY) hatte sich bereits gezeigt, dass es eine hohe Variabilität aufweist. Wir wollten diese beim TuMV untersuchen um zu prüfen, ob es möglich ist, ein PCR-basiertes isolatspezifisches Diagnosesystem zu entwickeln. Weiterhin soll das Gen für molekulare Arbeiten zur Untersuchung von Resistenzmechanismen eingesetzt werden.

Ausgehend von publizierten Sequenzen des TuMV wurden Primerpaare synthetisiert, die das Gen amplifizieren sollten. Es zeigte sich, dass die Amplifikation sehr schwierig war, bedingt durch die hohe Variabilität der das HC-Pro flankierenden Gene. Mit Hilfe verschiedener Primerpaare konnte das HC-Pro der meisten der getesteten Isolate amplifiziert und kloniert werden.

Die phylogenetische Analyse ist in der Abbildung 1 dargestellt.

Der Vergleich der Sequenzen zeigt, dass man zwei große Gruppen des TuMV unterscheiden kann. Es bleibt zu prüfen, welche Relevanz dies hinsichtlich des Wirtskreises hat. Es gibt Bereiche des Genoms, die geeignet sein könnten, isolatspezifische Primer zu entwickeln. Das würde es ermöglichen zu testen, ob es bei Mischinfektionen zu einer präferenziellen Vermehrung bestimmter Isolate kommt, was wichtige Rückschlüsse für die Resistenztestung zulässt.

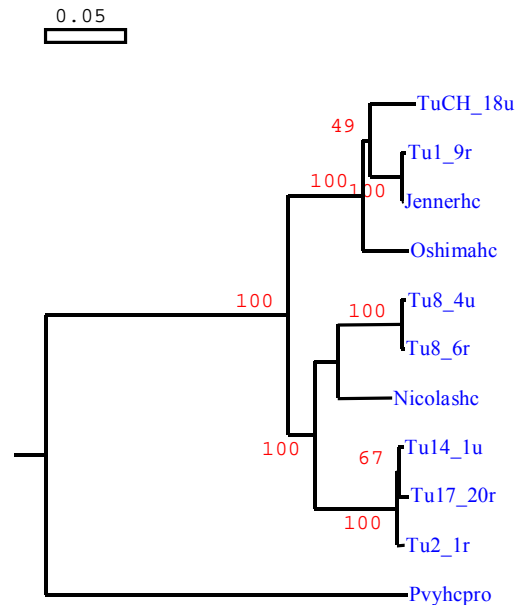


Abb. 1: Phylogenetische Analyse des DNA-Musters des HC-Pro-Gens verschiedener TuMV-Isolate. Das Phylogramm wurde mit der Sequenz des HC-Pro des PVY verankert. Bootstap-Wert: 500

Fig. 1.: Phylogenetic analysis of DNA sequence of HC-Pro gene of different TuMV isolates. The phylogramm was rooted with HC-Pro sequence of PVY. Bootstrap value: 500

#### Abstract:

The HC-Pro gene of several isolates of TuMV was RT-PCR-amplified and cloned. The high variability of this region was confirmed. Two groups of isolates can be identified (Fig. 1) Sequence variations will be used to develop specific detection/differentiation primers.

In Zusammenarbeit mit: Zhejiang University, Institute of Biotechnology, Huajiachi, Hangzhou, Zhou, X.; BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Krämer, R.

(BAZ-2150)

## 2.3. Untersuchungen zur Ätiologie von Blattnekrosen an Lagerkohl und Entwicklung von Nachweismethoden

### Investigation on the aetiology of leaf necrosis on stored white cabbage and development of detection methods

Rabenstein, F.

#### Zielsetzung /Aim:

Insbesondere während der Lagerung von Weißkohlköpfen im Kühlhaus treten häufig externe und/oder interne Nekrosen auf. Um die Äthiologie dieser Nekrosen aufzuklären, soll die Rolle von *Turnip mosaic virus* sowie anderer Viren, die Kohl infizieren, geprüft werden. Zusätzlich soll die Bedeutung von bakteriellen Pathogenen, wie *Xanthomonas*-Arten, als Ursache der Nekrosen untersucht werden.

Particularly during the cold storage of the white cabbage heads external and/or internal necrosis occur frequently. To elucidate the aetiology of these necrosis the role of *Turnip mosaic virus* and other plant viruses infecting white cabbage should be examined in this study. Additionally the impact of bacterial pathogens like *Xanthomonas* species causing necrosis should be investigated.

#### Ergebnisse:

Das *Turnip mosaic virus* (TuMV) erwies sich als das wichtigste Pathogen für Weißkohl (*Brassica oleracea* var. *capitata* L.) und in Abhängigkeit von der Sorte konnten Ertragsverluste bis zu 25 % festgestellt werden. Neben dem Einfluss auf den Ertrag wurde die Bedeutung des TuMV für die Entwicklung von Nekrosen auf den äußeren und inneren Blättern untersucht. Hierfür wurden zunächst drei Weißkohlsorten unter Feldbedingungen mit einem Gemisch von 8 Isolaten des TuMV inokuliert und die Bildung von Nekrosen nach unterschiedlichen Lagerzeiten ermittelt. Im Ergebnis der Untersuchungen mit verschiedenen serologischen Verfahren (Direct Tissue Blot Immunoassay (DTBIA) und DAS-ELISA) sowie mit biologischen und molekularbiologischen Methoden (IC-RT-PCR) konnte bei bestimmten Sorten eine Korrelation zwischen einer Infektion mit TuMV und dem Erscheinen von größeren externen und internen nekrotischen Läsionen (5 bis 15 mm Durchmesser) während der Lagerung festgestellt werden (Abbl 1).

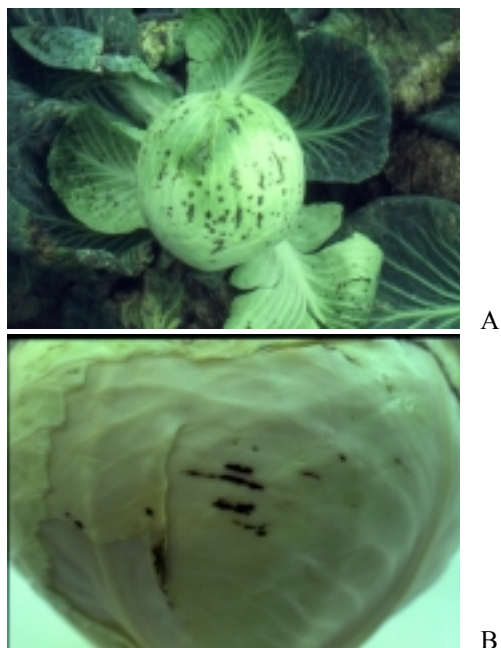


Abb. 1: Nekrotische Läsionen (Flächennekrosen) an äußeren (A) und inneren (B) Blättern von Kopfkohl

Fig. 1: Necrotic lesions on outer (A) and inner leaves (B) of cabbage heads

Andererseits war kein gesicherter Zusammenhang zwischen dem Auftreten von kleinen nekrotischen Flecken mit einem Durchmesser von ca. 1 mm auf der Kohlkopfoberfläche (pepper spotting) bzw. den Mittelrippen der Kopfblätter (vein streaking) und einer Virusinfektion zu ermitteln. Diese Symptome sind möglicherweise physiolo-

gisch bedingt und treten bei einzelnen Kohlsorten unterschiedlich stark auf. Andere Pathogene, wie *Turnip yellow mosaic virus* und *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* konnten ebenfalls nicht als wesentliche Ursache für das Auftreten von externen bzw. internen Nekrosen ermittelt werden, da diese Erreger serologisch unter Verwendung von polyklonalen Antisera bzw. ausgewählten monoklonalen Antikörpern nur vereinzelt in gelagerten Kohlköpfen nachgewiesen wurden. Demgegenüber ließ sich das Turnip yellows virus (TuYV, Synonym *Beet western yellows virus*) zu einem hohen Prozentsatz bereits zu Beginn der Lagerung in Kohlköpfen aus dem Freiland serologisch nachweisen, jedoch war kein Zusammenhang mit dem Auftreten von größeren Nekrosen feststellbar. Aufgrund der ungleichmäßigen Virusverteilung kann der DTBIA bei der Prüfung von Kohlkopfsorten nur als Vor-test eingesetzt werden. Die Ergebnisse sollten durch weitere Tests, wie IC-RT-PCR bzw. DAS-ELISA bestätigt werden. Weiterhin ließ sich das Vorkommen des TuMV in unterschiedlichen Kohlkopfbereichen durch mechanische Übertragung auf *Nicotiana glutinosa* bestätigen bzw. elektronenmikroskopisch auf zellulärer Ebene in den Bereichen nekrotisierter Blattsegmente feststellen.

Im Resultat weiterer Prüfungen waren die etablierten Kohlsorten unter natürlichen Infektionsbedingungen im Freiland sowohl gegen TuMV als auch gegen TuYV stark anfällig. Demgegenüber konnten insbesondere in Wild- und Primitivformen ausgeprägte Befallsunterschiede aufgezeigt werden, wobei insbesondere die Primitivform A-138 eine vollständige Resistenz gegen TuMV aufwies. Material mit hoher Resistenz gegen TuMV konnte in 7 Herkünften gefunden werden, während gegen TuYV lediglich die Arten aus der Gattung *Barbarea* resistent waren. Die Ergebnisse eines Freilandversuches aus dem Jahre 2000 sind in Tabelle 1 zusammengestellt.



Abb. 2: Kolonie von *Brevicoryne brassicae* an Weißkohl  
Fig. 2: Colony of *Brevicoryne brassicae* on white cabbage

Die Ursache für Resistenzen gegen das persistent übertragbare TuYV liegt offensichtlich im Saugverhalten der Aphiden, da an allen Arten der Gattung *Barbarea* eine verringerte Vermehrungsrate für *Brevicoryne brassicae* (Abb. 2), dem Hauptvektor für TuYV und TuMV an *Brassica* spec., beobachtet wurde (Tab. 2).

Das Ziel weiterer Arbeiten besteht u. a. in der züchterischen Nutzung dieser Resistenzdonoren, um wirksame Resistenzen gegen TuMV und TuYV, speziell in Kopfkohl, einzulagern.

Tab. 1: Prüfung von Herkünften aus der Familie *Brassicaceae* auf Resistenz gegen Turnip yellows virus (*Beet western yellows virus*) und *Turnip mosaic virus*

Table 1: Examination of accessions of the family *Brassicaceae* on resistance to Turnip yellows virus (*Beet western yellows virus*) and *Turnip mosaic virus*

Akzessionen/Herkunft	Anzahl geprüfter Pflanzen	Turnip mosaic potyvirus		Turnip yellows luteovirus	
		MW	IR	MW	IR
Chinakohl Sorte 'Asko' / D	35	0,580	100	1,843	45,7
Rosenkohl Sorte 'Oliver' / GB	36	0,880	22,2	0,699	27,8
Weißkohl Sorte 'Krautman' / NL	35	0,556	54,3	2,289	77,1
<i>Barbarea intermedia</i> / Genbank Gatersleben	35	0,121	2,8	0,361	2,8
<i>B. verna</i> / Genbank Gatersleben	30	0,420	20,0	1,400	6,7
<i>B. vulgaris</i> / Genbank Gatersleben	35	0,152	2,9	0,978	2,9
<i>Brassica fruticulosa</i> / GB	34	0,353	29,4	1,600	85,3
<i>B. oleracea</i> var. <i>Capitata alba</i> (Weißkohllinie 216) / D	35	0,619	71,4	1,250	68,6
<i>B. oleracea</i> -Primitivform (A-138) Canarische Inseln	66	-	0	0,496	37,0
<i>B. oleracea</i> -Primitivform (A-141) Canarische Inseln	107	0,337	6,6	1,114	50,3
<i>B. oleracea</i> -Primitivform (A-195) / Kanarische Inseln	36	0,150	2,8	0,240	33,3
<i>B. oleracea</i> -Primitivform (A-201/1) / Kanarische Inseln	32	0,492	50	1,064	53,1
<i>B. oleracea</i> -Primitivform (A-203) / Kanarische Inseln	36	0,195	5,5	0,321	36,1
<i>B. oleracea</i> -Primitivform (A-206) / Kanarische Inseln	35	0,200	5,7	0,670	31,4

MW = Mittelwert der im ELISA positiven Einzelpflanzen, IR = Infektionsrate in %, grau = resistentes Material

Tab. 2: Mittlere Befallsintensität von Kohl-Akzessionen durch *Brevicoryne brassicae* im Freiland in den Jahren 1999 und 2000

Table 2: Average infestation intensity of cabbage accessions by *Brevicoryne brassicae* in open land in the years 1999 and 2000

Art bzw. Sorte oder Herkunft	1999	2000
Oliver	5.6*	6.2
A138/1	3.2	4.3
A141/1	4.6	5.0
A201/1	3.0	4.1
<i>Barbarea intermedia</i>	n. t.	1.0
<i>B. verna</i>	1.0	1.0
<i>B. vulgaris</i>	1.0	1.0
<i>Brassica fruticulosa</i>	(4.3)	(2.7)

\* Boniturschema: 1 = ohne Befall, 3 = bis 10 Aphiden/Pflanze, 5 = bis 100 Aphiden/Pflanze, 7 = bis 500 Aphiden/Pflanze, 9 mehr als 500 Aphiden/Pflanze

#### Abstract:

*Turnip mosaic virus* (TuMV) was found as one of the most important pathogens of white cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata* L.). The virus may cause yield losses up to 25% and necrotic disease symptoms in susceptible white cabbage cultivars. The impact of TuMV infections on the development of necrotic lesions on outer and inner leaves was investigated during cold storage of the heads with different virus detection methods. Three white cabbage cultivars, cultivated under field conditions, were infected with a mixture of 8 TuMV isolates and harvested in autumn. Our results suggested that there exists a correlation between TuMV infection and the occurrence of larger necrotic external and internal lesions (5 to 15 mm) during cold storage. In contrast, small ne-

crotic spots approximately 1 mm in diameter distributed across the head leaf surface (pepper spotting) and appearing on the leaf midribs (vein streaking) have probably a physiological origin. Other pathogens like *Turnip yellow mosaic virus* and *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* could be detected only very rarely in the necrotic areas or spots. On the other hand Turnip yellows virus (synonym *Beet western yellows virus*) was detected with high incidence in the whole heads independently of the occurrence of necrotic lesions. Using DTBIA it was shown that TuMV is unevenly distributed inside the halved cabbage heads of different varieties. Therefore this assay can be only applied as a pre-test for the examination of cabbage cultivars and the results should be confirmed by additional tests like IC-RT-PCR and/or DAS-ELISA. Furthermore the incidence of TuMV in necrotic lesions of cabbage heads was validated by mechanical inoculation of *Nicotiana glutinosa* plants. Virus particles were also localised in necrotic lesions of cabbage leaf segments by electron microscopic examinations.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen Quedlinburg, Krämer, R. und Marthe, F.; Institut für Epidemiologie u. Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G.; Marnar GZG Saaten AG, Marne, Löptien, H. (BAZ-2153)

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

Cereal and grass species of the family *Poaceae* can become infected by a considerable 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. They 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:

Serologische Nachweismethoden auf der Basis von polyklonalen Antiseren (PAS) wurden für eine Anzahl Getreide- und Gräserarten infizierende Viren weiter entwickelt bzw. verbessert. Insbesondere wurden neue PAS gegen Bymo-, Rymo- und Tritimoviren sowie gegen das Soil-borne rye mosaic virus (SBRMV) hergestellt. Das milbenübertragbare *Ryegrass mosaic virus* ist serologisch nicht mit den ebenfalls durch Gallmilben übertragbaren *Oat necrotic mottle virus* (ONMV) bzw. dem *Wheat streak mosaic virus* (WSMV) verwandt. Andererseits zeigten im DAS-ELISA die Antiseren gegen ein amerikanisches WSMV Isolat bzw. gegen zwei europäische Isolate dieses Virus eine deutliche Kreuzreaktion mit einem neuen Isolat des ONMV aus Wiesenrispe (*Poa pratensis*). Bisher vorliegende Sequenzierungsdaten ergaben, dass ein tschechisches und ungarisches Isolat des WSMV sowohl am 3'-Ende (2 kb) als auch in der P3-Region

untereinander sehr ähnlich sind. Beide europäischen Isolate besitzen in den bisher untersuchten Genombereichen zu den WSMV Isolaten aus den USA eine Identität von ca. 90 %. Obwohl für das ONMV bisher keine ausreichenden Sequenzen zur Verfügung stehen, kann man aufgrund der serologische Verwandtschaft zum WSMV schlussfolgern, dass es taxonomisch dem neuen Genus *Tritimovirus* angehört, und nicht wie bisher den Rymoviren zuzuordnen ist.

Sowohl für das SBRMV als auch für WSMV konnte ein Nachweis in Pflanzen mittels IC-RT-PCR entwickelt werden. Für eine Massentestung von Zuchtmaterial auf Anfälligkeit gegen Viren stehen aber nach wie vor serologische Methoden im Vordergrund. Erste Untersuchungen zur Evaluierung von 60 Akzessionen gegen beide Viren wiesen bisher keine Resistenzen gegen WSMV in Winterweizen, -roggen und Triticale nach. Lediglich die Hybridroggenarten 'Amado', 'Dino' und 'Uso' waren gegen zwei europäische Isolate des WSMV nicht anfällig. Diese Resistenzen müssen jedoch mit weiteren Isolaten überprüft werden.

Da mit PAS Isolate des *Wheat dwarf virus* aus Gerste bzw. Weizen nicht differenziert werden können, wurde für die Gewinnung monoklonaler Antikörper (MABs) Mäuse mit einem gereinigtem Viruspräparat aus Gerste (Freilandmaterial) immunisiert. Ebenfalls wurden Mäuse mit gereinigtem SBRMV immunisiert, um gegebenenfalls Isolate aus Weizen bzw. Roggen mit MABs zu differenzieren.

##### Abstract:

New polyclonal antisera to bymo-, rymo, and tritimoviruses as well as to Soil-borne rye mosaic virus were produced in rabbits. A close serological relationship was found between *Wheat streak mosaic virus* (WSMV) and *Oat necrotic mottle virus* (ONMV). A Czech and Hungarian isolate of WSMV were partially cloned and sequenced. Both isolates show a high degree of sequence identity at their 3'-ends and in the P3 coding region. Their identity to several WSMV isolates from USA is about 90 %. On basis of a close serological relationship between WSMV and ONMV it was concluded that latter is a member of the new genus *Tritimovirus*. First results for evaluation of 60 accessions of winter wheat, rye and triticale showed only in three hybrid rye varieties plants with resistance to two WSMV isolates.

In Zusammenarbeit mit: USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Lincoln, USA, Stenger, D. C.; French, R.; Martin-Luther-Universität, Halle/Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz, Fuchs, E.; BBA, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie u. biologische Sicherheit, Braunschweig, Huth, W. (BAZ-2156)

## 2.5. Entwicklung serologischer Methoden zum Nachweis von *Fusarium*-Arten in Gersten- und Weizenkörnern

### Development of serological methods for detection of *Fusarium* species in barley and wheat grains

Rabenstein, F.

Zielsetzung / Aim:

*Fusarium*-Arten kommen weltweit an Getreide vor und verursachen an Ähren eine als „Partielle Taubährigkeit“ bezeichnete Erkrankung, die infolge der in den Körnern akkumulierten Mykotoxine ein Risiko für die Gesundheit von Mensch und Tier darstellt. Die am häufigsten an Gerste und Weizen gefundenen Arten sind *F. culmorum* und *F. graminearum*. Für eine Resistenzbewertung von Zuchtmaterial sind, insbesondere für Gerste, Nachweismethoden erforderlich, die nicht nur die Anwesenheit von *Fusarium*-Arten anzeigen, sondern auch eine Quantifizierung der Pilzmenge in den Körnern erlaubt. Um eine bessere Bewertung des Befalls mit *Fusarium*-Arten vornehmen zu können, sollen zunächst auf der Basis von polyklonalen Antiseren und später mit monoklonalen Antikörpern serologische Methoden entwickelt werden, die einen Nachweis in Proben aus Feldversuchen ermöglichen.

*Fusarium* species occur world-wide on cereals as causal agents of „head blight“ (scab) of small grain cereals. They are capable to accumulate several mycotoxins some of which of notable impact to human and animal health. The species predominantly found in wheat and barley are *F. culmorum* and *F. graminearum*. For resistance evaluation of breeding material, especially on barley, detection methods are required that are not only capable to prove the presence of *Fusarium* spec., but also to estimate their content in grains. To this aim serological detection methods first based on polyclonal antisera and later on monoclonal antibodies have to be developed, which allow the determination of *Fusarium* content in samples from field experiments.

Ergebnisse:

Um eine bessere Resistenzbewertung von Zuchtmaterial nach Befall mit Fusarien vornehmen zu können, wurde ein PTA (plate trapped antigen)-ELISA weiter entwickelt, der in Kornproben aus Feldversuchen einen Nachweis der gebildeten Myzelmenge ermöglicht (Abb. 1).

Hierfür wurde aus 8 *Fusarium*-Antiseren ein Serum ausgewählt, das spezifisch nur mit *Fusarium*-Arten reagierte, aber keine Kreuzreaktionen mit Myzelextrakten anderer Pilzarten aufwies. Die schwache Reaktion des Rohserums mit gesunden Weizen- bzw. Gerstenkörnern konnte durch Absättigung mit Extrakten aus gesunden Gerstenpflanzen beseitigt werden. Eine Steigerung der Nachweisempfindlichkeit war durch Optimierung des Extraktionspuffers möglich. Bei Wintergerstensorten war es mit diesem Test möglich nach künstlicher Inokulation mit *F. culmorum* den Infektionsverlauf in einem Feldexperiment mit drei Wiederholungen zu verfolgen. Erwartungsgemäß konnte mit dem PTA-ELISA sowohl der Einfluss der Anzahl der Inokulationen (1 bis 3) als auch der Effekt der Sporen-

konzentration ( $1 \times 10^6$ ,  $2 \times 10^6$  bzw.  $3 \times 10^6$  Keime/ml) sichtbar gemacht werden.

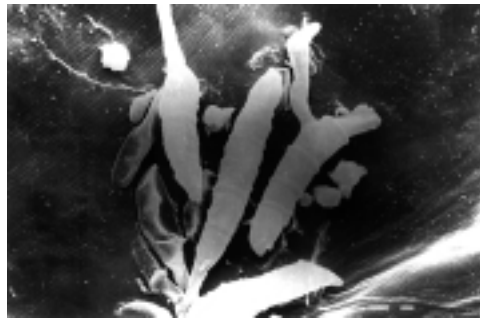


Abb. 1: Keimende Konidien von *F. culmorum* auf einem Weizenkorn

Fig. 1: Germinating conidia of *F. culmorum* on a wheat grain

Weiterhin wurde ersichtlich, dass die mehrzeiligen Sorten anfälliger als zweizeilige sind und somit stärker geschädigt wurden. Als Beispiel sind die Ergebnisse für die Sorten 'Astrid' (zweizeilig) und 'Elfe' (mehrzeilig) nach drei Inokulationen mit  $1 \times 10^6$  Sporen/ml in Abbildung 1 dargestellt.

Überdies konnte über den gesamten Zeitraum der Probenahme in Extrakten aus intakten Ähren höhere Antigenmengen gefunden werden als in den Proben aus einzelnen Ährchen (Abb. 2). Somit kann die Verwendung intakter Ähren als Ausgangsmaterial für den Pilznachweis empfohlen werden.

Vergleichende Untersuchungen zwischen der Anzahl der mit *F. culmorum* befallenen Gersten- und Weizenkörner, die nach Inkubation auf feuchtem Filterpapier ausgezählt wurden, mit den im PTA-ELISA ermittelten Werten, ergaben Korrelationskoeffizienten von  $r = 0,88$  bzw.  $r = 0,91$ .

Weiterhin konnte in ersten Experimenten nach Inokulation einer hochanfälligen Roggenlinie mit 30 unterschiedlich aggressiven *F. graminearum*-Isolaten eine sehr gute Korrelation zwischen ELISA- und Boniturwerten ( $r = 0,97$ ) ermittelt werden. Zwischen ELISA-Werten und Mykotoxingehalt (DON-ELISA) betrug die Korrelation  $r = 0,82$ . Weitere Untersuchungen sind jedoch notwendig, um diese Ergebnisse zu bestätigen und gegebenenfalls andere Mykotoxine einzubeziehen. Ebenso müssen die vorläufigen Resultate für die Korrelationen bei Triticale zwischen serologisch ermittelter Myzelmenge und Ährenbonitur ( $r = 0,64$ ) sowie für die Myzelmenge und DON-Gehalt ( $r = 0,88$ ) durch weitere Untersuchungen bestätigt werden.

Die Erfassung und Auswertung der Daten von Sommergerste sind noch nicht abgeschlossen.

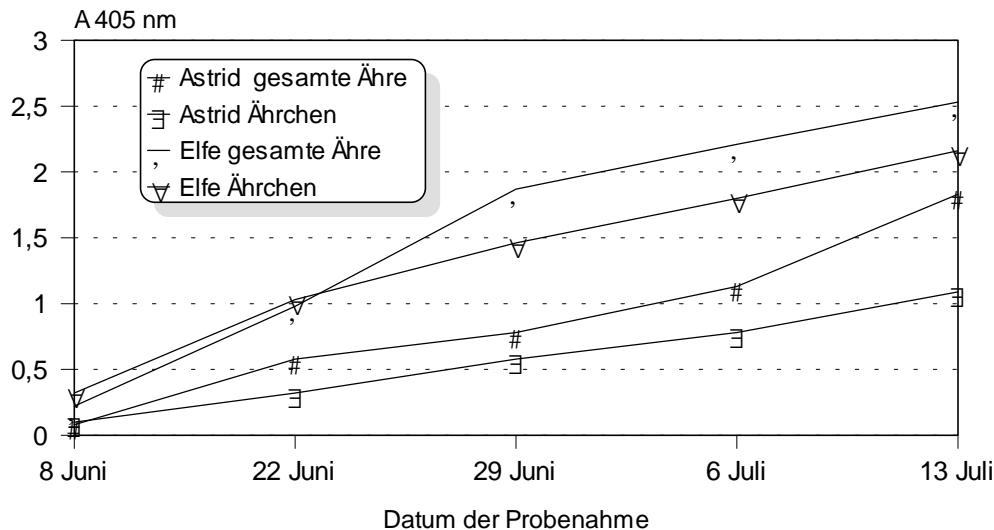


Abb. 2: Nachweis von *Fusarium*-Exoantigenen mittels PTA-ELISA in gesamten Ähren oder Ährchen der Wintergerstensorten 'Astrid' und 'Elfe' nach drei Inokulationen mit  $1 \times 10^6$  Sporen/ml

Fig. 2: Detection of *Fusarium* exoantigens by means of PTA-ELISA in entire ears or spikelets of the winter barley varieties 'Astrid' and 'Elfe' after three inoculations with  $1 \times 10^6$  spores/ml

#### Abstract:

A plate trapped antigen (PTA)-ELISA with a high throughput rate was further optimized to detect *Fusarium* exoantigens in barley, rye, triticale and wheat grains. For sample preparation 0.1 g grain powder was mixed with 0.9 ml of different extraction buffers and the mixtures were incubated over night at 4 °C. The best variant of all combinations was used to optimize the quantification of *Fusarium* antigens in barley, rye and triticale grains.

The optimized PTA-ELISA was successfully applied for the detection of *Fusarium* spec. in cereal grains from field plot experiments. The correlation coefficients between the number of infected grains and the corresponding ELISA values ranged between  $r = 0.64$  and  $0.97$ . The assay was also useful to follow the infection process in winter barley and to measure the influence of number of repeated inoculations per plot as well as the effect of the inoculum concentration on final infection rate. In a first experiment we also found a close correlation between the results of the mycotoxin assay and the ELISA readings for detection of *Fusarium* exoantigens in rye and tricale grains.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. Resistenzgenetik Grünbach, Lind, V.; Technische Universität München Freising-Weihenstephan, Zinkernagel, V., Wosnitza, A.; Universität Hohenheim Stuttgart, Miedaner, T., Heinrich, N., Oettler, G. (BAZ-2152)

#### 2.6. Entwicklung von Methoden zum Nachweis von Viren in *Polymyxa* species und Untersuchungen zum Auftreten von Biotypen des Vektorpilzes Development of methods for detection of viruses in *Polymyxa* species and investigations on occurrence of biotypes of the fungal vector

Kastirr, U.; Kühne, T.

##### Zielsetzung / Aim:

Zum Nachweis von Pflanzenviren in den pilzlichen Vektoren der Gattung *Polymyxa* sollen sensitive Methoden erarbeitet werden. Mittels biologischer, serologischer und molekularbiologischer Methoden ist zu prüfen, ob in der Gattung *Polymyxa* Biotypen auftreten, die sich bezüglich ihrer Virusübertragung unterscheiden.

The objective of the project is to develop sensitive methods for detection of plant viruses in fungal vectors of the genus *Polymyxa*. With the help of biological, serological and molecular biological methods the occurrence of distinguishable biotypes within *Polymyxa* species, which differ in their virus transmission ability, is to be analysed.

##### Ergebnisse:

Im Rahmen der Biotypenanalyse von *Polymyxa graminis* wurden zunächst an bekannten Befallsstandorten eine Analyse zum Auftreten von *Polymyxa* übertragbaren Viren vorgenommen. Die Differenzierung der Virusarten erfolgte mittels DAS-ELISA und IC-RT-PCR mit spezifischen Primern (Tab.1).

Wie Tabelle 1 zeigt, können die Furoviren Soil-borne rye mosaic virus (SBRMV), *Soil-borne wheat mosaic virus* (SBWMV) und das Bymovirus *Wheat spindle streak mosaic virus* (WSSMV) Roggen- und Weizenpflanzen einzeln befallen; es werden aber auch Mischinfektion mit dem SBRMV und WSSMV beobachtet.

Tab. 1: Nachweis von *Polymyxa*-übertragbaren Viren in verschiedenen Befallsgebieten mittels IC-RT-PCR in Winterroggen (WR) und Winterweizen (WW)

Table 1: Detection of *Polymyxa*-transmissible viruses in different locations by IC-RT-PCR in winter rye (WR) and winter wheat (WW)

Befalls-Gebiete	Kultur	Virusnachweis mittels IC-RT-PCR		
		SBRMV	WSSMV	SBWMV
S-A 1	WR		+	
S-A 2	WR	+		
M-V 1	WR	+		
M-V 2	WR	+	+	
Glentorf	WR/WW	+		
Eilte	WR/WW	+	+	
Eickeloh	WR/WW	+		
Engelhausen	WR	+		
Italien 2	<i>Triticum durum</i>			+

Von den genannten Standorten wurden *P. graminis*-Isolate gewonnen und unter klimatisierten Kulturbedingungen ein Testsystem für die optimale Pilzentwicklung erarbeitet. Weiterhin wurde die Kulturdauer ermittelt, bei welcher eine maximale Virusübertragung durch den pilzlichen Vektor in infizierten Bodenproben erzielt wird (Tab. 2).

Tab. 2: Nachweis des SBRMV-Befalls an Roggen nach Vektorübertragung in infizierter Erde unter klimatisierten Kulturbedingungen

Table 2: SBRMV infection of rye after vector transmission in infested soil under controlled conditions

Wochen nach Inokulation	Anzahl getesteter Pflanzen	
	gesamt	davon % infiziert
4	10	20
5	10	50
6	10	40
7	10	60
8	10	70
9	76	74

Nach Einsaat in infektiösen Boden wurde die höchste Übertragungsrate (74 %) durch den pilzlichen Vektor nach 8 bis 9 Wochen erreicht.

Für die weitere Charakterisierung wurden die Virusisolate hinsichtlich ihrer Nukleotidsequenz in einem Abschnitt der RNA1 verglichen. Die Isolate von vier Standorten waren in diesem Bereich identisch, eines zeigte eine abweichende Sequenz.

Um unterschiedliche Biotypen von *P. graminis* identifizieren zu können, soll in einem nächsten Schritt die Wirtsspezifität und die Aggressivität der gewonnenen Isolate ermittelt werden. Weiterhin ist zu untersuchen, in welchem Maße sie in der Lage sind, die verschiedenen Furo- und Bymoviren auf die jeweiligen Wirtspflanzen zu übertragen. In einem ersten Versuch mit 8 Winterweizen- und 10 Winterroggensorten sowie 10 Roggenzuchtlinien konnte gezeigt werden, dass nach Einsaat in infektiöse Erdproben von 9 SBRMV-Befallsstandorten das Virus

unter kontrollierten Bedingungen auf beide Getreidekulturen übertragen wird.

Abstract:

In the frame of our activities to identify *Polymyxa graminis* biotypes several fungal isolates that are able to transmit the furoviruses Soil-borne rye mosaic virus (SBRMV) and Soil-borne wheat mosaic virus as well as the Bymovirus Wheat spindle streak mosaic virus (WSSMV) to rye and wheat were collected. The viruses were detected by DAS-ELISA and IC-RT-PCR. Climatic conditions for an optimal development of *P. graminis* and an efficient infection of rye and wheat plants with the indicated viruses have been worked out. SBRMV-isolates from 5 different locations were compared according their sequence in a short fragment of RNA1. Four isolates were almost identical in this area.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben, Rabenstein, F.; BBA, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Braunschweig, Huth, W.; PSA Hannover, Heinicke, D.; PSA Magdeburg, Gippert, R.; HYBRO GmbH & Co. KG, Saatzucht Langenbrücken, Wortmann, H.; Saatzucht Steinach, Bornhof, Haag, F.; Pflanzenzucht Dr. h. c. Carsten – Inh. E. Eger KG, Georgenhof, Knopf, E.; Lochow - Petkus GmbH, Bergen - Wohlde, Wilde, P.

(BAZ-2145)

## 2.7. Untersuchungen zum Autoprozessing des RNA2-kodierten Polyproteins des Barley mild mosaic bymovirus (BaMMV)

### Investigations on the autoprozessing of the RNA2 encoded polyprotein of Barley mild mosaic bymovirus (BaMMV)

Fomitcheva, V.W.; Kühne, T.

Zielsetzung / Aim:

Durch Expression einer Serie von Subklonen der RNA2 des BaMMV in *E. coli* und Analyse der Translationsprodukte im Western blot sollten Aufschlüsse darüber erhalten werden, welche Sequenzbereiche des Polyproteins für die Ausprägung seiner autokatalytischen Aktivität essentiell sind.

By the approach to express a series of subclones of the RNA2 of BaMMV in *E. coli* and to subsequently analyse the obtained translation products by Western blotting we wanted to identify those parts of the RNA2 encoded polyprotein that are essential for its autocatalytic activity.

Ergebnisse:

Die beiden als RNA1 und RNA2 bezeichneten Genomteile von Bymoviren sind monocistronisch. Es werden bei der Translation daher zunächst Polyproteine gebildet, die sich nachfolgend selbsttätig in die funktionellen Komponenten (Proteine) spalten. Im Fall der RNA2 sind das die Nichtstrukturproteine P1 und P2. Es ist davon auszugehen, dass letztere für die Virusvermehrung und -ausbreitung essentiell sind, auch wenn ihre spezifische Rolle im Lebenszyklus des BaMMV noch weitgehend unbekannt

ist. Lediglich für die C-terminale Hälfte des P2 wird ein Bezug zur Übertragbarkeit durch den Vektorpilz *Polymyxa graminis* angenommen.

Wenn die selbsttätige Spaltung des Polyproteins ein wichtiges Kriterium darstellt, welches die Funktionsfähigkeit der RNA2 dokumentiert, so stellt sich die Frage, bei welcher Mindestlänge der RNA2 das Translationsprodukt noch zur Autoprozessierung fähig ist. Als experimenteller Ansatz für eine Antwort wurde die Expression entsprechender Klone in *E. coli* gewählt. Dazu wurden zunächst verschiedene Vektortypen vergleichend auf ihre Eignung geprüft, wobei unter unseren Bedingungen das System pThioHis/*E. coli* Top 10 (Invitrogen) die besten Resultate lieferte. Deutlich geringere Ausbeuten wurden mit dem Vektor pTrxFus erhalten, der aber günstigere Restriktionsorte aufwies. Die Expressionsprodukte sind in beiden Fällen N-terminal mit Thioredoxin (Trx) – allerdings mit unterschiedlicher Feinstruktur - fusioniert. Dieser Unterschied hat zur Folge, dass der empfohlene Trx-spezifische monoklonale Antikörper (Anti-Thio<sup>TM</sup> Antibody) nach Angaben des Herstellers die Expressionsprodukte des pTrxFus-Systems weniger sicher erkennt (geringere Affinität) als die aus dem pThioHis-Vektor hervorgegangenen Fusionsproteine.

In einem zweiten Schritt wurde ausgehend vom Gesamtlängenklon der RNA2 die in der Abbildung dargestellte Serie von Subklonen (pTM 2 bis pTM2-6) hergestellt. Die

Abkürzungen hinter den Bezeichnungen verweisen auf das jeweilige Klonierungssystem (F-pTrxFus, H-pThioHis). Die Klone enthalten nahezu den vollständigen P1-codierenden Bereich sowie die nachfolgende P2-Sequenz in unterschiedlicher Länge. Die Expressionsprodukte wurden mittels Western blotting unter Einsatz folgender Immunreagenzien analysiert:

- Anti-Thio<sup>TM</sup> Antibody
- polyklonales Antiserum gegen Fusionsprotein aus Thioredoxin und P1
- polyklonales Antiserum gegen Fusionsprotein aus Thioredoxin und P2

Die beiden polyklonalen Antiseren wurden im eigenen Labor hergestellt.

Aufgrund von ähnlichen Sequenzmotiven im P1 von Bymoviren und HC-Pro-Protein von Potyviren wird bisher eine Proteaseaktivität für das P1 angenommen, die für die Spaltung des Polyproteins verantwortlich ist. Nach den Ergebnissen ist für ein erfolgreiches Prozessing jedoch eine Mindestlänge der P2-Sequenz erforderlich. Dieses wird auch durch die Beobachtung gestützt, dass keine der bisher bekannten spontan entstandenen Deletionen in der RNA2 des BaMMV in ihrem 5'-Bereich bis an das 3'-Ende des Klons pTM2-4 heranreicht.

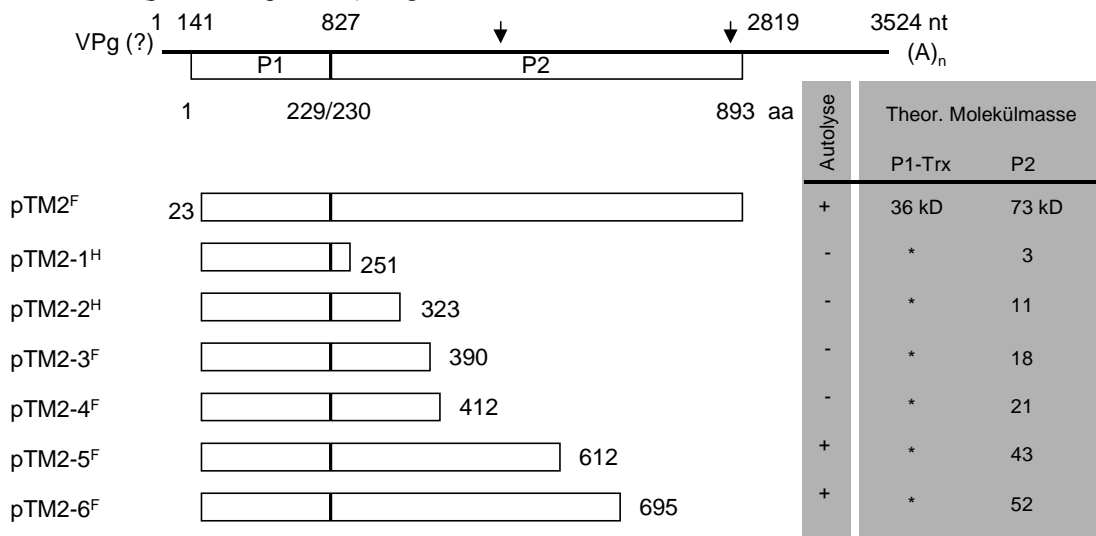


Abb. 1: Struktur der RNA2 des BaMMV und der in *E. coli* exprimierten Subklone. Die Tabelle enthält die Ergebnisse der Western blot-Analyse der Expressionsprodukte. Die Pfeile markieren den Genombereich, in welchem bisher spontane Deletionen unterschiedlicher Größe nachgewiesen wurden.

Fig. 2: Structure of RNA2 of BaMMV and of subclones expressed in *E. coli*. Table contains the results of Western blot analysis of expression products. Arrows mark the genomic region where spontaneous deletions of different size have been detected so far.

**Abstract:**

Analysis of the expression of a series of subclones of BaMMV RNA2 in *E. coli* revealed that a minimal length of the P2 fragment is a precondition for the autocatalytic processing of the polyprotein. This finding is supported by the fact that a spontaneous deletion has never been detected in the 5'-terminal part of the P2 gene.

(BAZ-2140; gefördert durch das Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt, FKZ 2186 A / 0085 G)



## 2.8. Herstellung von Gesamtlängen-cDNA-Klonen der beiden genomischen RNAs des *Barley mild mosaic bymovirus* (BaMMV)

### Construction of full length cDNA clones of the two genomic RNAs of *Barley mild mosaic bymovirus* (BaMMV)

Fomitcheva, V.W.; Subr, Z.; Kühne, T.

#### Zielsetzung / Aim:

Nach der vollständigen Sequenzierung der RNA1 eines Aschersleber Isolates des BaMMV sollte ein Gesamtlängenklon konstruiert werden. Des weiteren waren Gesamtlängenklone einer undeletierten und einer spontan deletierten Form der RNA2 herzustellen und alle Klone als RNA-Transkripte hinsichtlich ihrer Infektiosität auf Gerste zu überprüfen.

Upon complete sequencing of RNA1 of a BaMMV isolate from Aschersleben a full length cDNA clone had to be constructed. In a next step full length clones should be also prepared from both the native RNA2 and a spontaneously deleted form. The *in vitro* transcripts of the different clones had to be tested for their infectivity on barley.

#### Ergebnisse:

Die RNA1 des Virus setzt sich aus 7248 Nukleotiden zusammen, zuzüglich der Poly-A-Sequenz am 3'-Ende. Die komplette Sequenz wurde unter der Akzessionsnummer AJ242725 in der EMBLNEW Datenbank hinterlegt. Die Gesamtlängenklone der RNA1 und der beiden RNA2-Formen wurden hergestellt, indem die extremen 5'-Enden kloniert und mit bereits vorhandenen unvollständigen Klonen gekoppelt wurden. Davon ausgehend wurden mit Hilfe von SP6-RNA-Polymerase Transkripte synthetisiert, die im Agarosegel die erwartete Größe aufwiesen (Abb. 1)

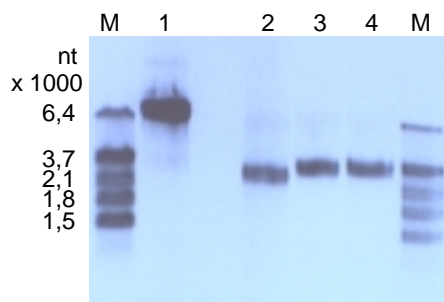


Abb. 1: Agarosegel-Elektrophorese der RNA-Transkripte von Gesamtlängenklonen der RNA1 (1) und RNA2 (2-4) des BaMMV; M – RNA-Molekülmassestandard

Fig. 1: Gel electrophoresis of RNA transcripts obtained from full length cDNA clones of BaMMV RNA1 (1) and RNA2 (2-4); M – RNA molecular mass standard

Für die Überprüfung der Infektiosität wurden Gerstpflanzen der Sorte 'Maris Otter' im Dreiblattstadium mit jeweils 100-150 ng des jeweiligen Transkriptes in 0,5 M  $K_2HPO_4$ -Lösung inokuliert. Folgende Kombinationen wurden gewählt:

- Transkript RNA1 + Transkript RNA2
- Virus + Transkript RNA2\*

Die markierte (\*) RNA wies eine Deletion von 920 Nukleotiden auf, so dass sie nach der Replikation eindeutig von der RNA2 des koinokulierten Virusisolates unterscheidbar war. Vier Wochen nach der Inokulation konnte die Vermehrung der Transkripte in den Gerstenblättern mit Hilfe der RT-PCR unter Verwendung sequenzspezifischer Primer nachgewiesen werden. Die amplifizierten Fragmente aus verschiedenen Genombereichen wurden kloniert und hinsichtlich ihrer Sequenz kontrolliert. Überraschenderweise konnten bisher in den infizierten und Symptome zeigenden Pflanzen keine Viruspartikeln sichtbar gemacht werden. Gegenwärtig wird untersucht, ob hierfür ein singulärer Aminosäureaustausch am N-Terminus des Hüllproteins als Folge eines nachgewiesenen Basenaustausches verantwortlich sein kann.

#### Abstract:

The RNA1 of an Aschersleben isolate of BaMMV was sequenced completely (AJ242725). Full length cDNA clones were constructed for RNA1 and for 3 forms (undeleted, -171 nucleotides, -920 nucleotides) of RNA2. Clones were transcribed *in vitro* with SP6 RNA polymerase and used to inoculate barley plants at the 3-leaf-stage. Four wpi different fragments of RNA1 and RNA2 could be successfully amplified by RT-PCR applying sequence specific primers. The amplicons were clones and identified finally by sequencing. Surprisingly, up to date we failed to detect virus particles in the infected barley leaves. In current experiments we try to answer the question whether a point mutation leading to an exchange of a single amino acid residue in the N-terminal part of the coat protein molecule might prevent particle assembly.

(BAZ-2140, gefördert vom Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt, FKZ 2186 A / 0085 G)

# Institut für Epidemiologie und Resistenz

## Institute of Epidemiology and Resistance

### Aschersleben

Die Aufgaben des Institutes sind vorrangig gerichtet auf die Evaluierung von Kultur- und Wildpflanzensortimenten im Hinblick auf Resistenz gegenüber wirtschaftlich wichtigen Schaderregern mit konventionellen und molekularbiologischen Methoden sowie die Erstellung von Basismaterial, das eine möglichst dauerhafte Pflanzengesundheit besitzt. Die Vererbung der Resistenz und von Resistenzmechanismen wird bei ausgewählten Erreger-Wirt-Kombinationen untersucht. Die Ausbreitung bzw. Populationsdynamik von Pilzen, Bakterien, Viren und tierischen Schaderregern, einschließlich Virusvektoren, sowie ihre Virulenz bzw. Aggressivität werden ermittelt. Das Institut ist verantwortlich für umfangreiche Sammlungen von phytopathogenen Viren, Bakterien und Pilzen sowie die Dauerzucht ausgewählter Arthropodenarten, insbesondere von Aphiden (siehe auch: <http://www.dainet.de/genres/mgrdeu>).

Die Projekte der Arbeitsgruppen „Viren und tierische Schädlinge“, „Pilze“ sowie „Molekulare Markeranalyse“ konzentrieren sich vorrangig auf die Gerste und teilweise den Weizen. Schwerpunktkulturen der Arbeitsgruppe „Bakterien“ sind Obst, Gemüse und Zierpflanzen.

Das Gemeinschaftsprojekt von ZADI, IPK und BAZ „Informationssystem für Evaluierungsdaten pflanzengenetischer Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland (EVA)“ wurde abgeschlossen. Im Rahmen dieses Projektes wurden die Reaktionen von 7557 Gerstenakzessionen gegenüber verschiedenen Mehltaurassen sowie die von 10952 Akzessionen gegenüber *Puccinia hordei* in einer Datenbank (EVASY) erfasst. Aus diesen Daten wurden der ZADI die Resistenzreaktionen von 7362 Gerstenakzessionen der Genbank des IPK für eine Veröffentlichung im Internet zur Verfügung gestellt (<http://www.dainet.de/genres/eva/gerste.htm>).

Die BAZ ist an dem EU-Projekt „Evaluation and Conservation of Barley Genetic Resources to Improve their Accessibility to Breeders in Europe (GENRES, CT98-104)“ beteiligt, an dem insgesamt 28 Partner mitarbeiten. Es dient der Suche nach neuen Resistenzen gegen biotischen und abiotischen Stress. Ein Schwerpunkt des Projektes ist die Evaluierung der Internationalen Barley Core Collection (BCC) mit standardisierten Evaluierungsmethoden. Das Institut ist in diesem Projekt der Unterkoodinator für biotischen Stress, während die Gesamtkoordination durch das IPK Gatersleben erfolgt. Im Rahmen des Projektes werden in Aschersleben umfangreiche Evaluierungen im Feld und Gewächshaus auf Resistenz gegen Zwergrost (*Puccinia hordei*), Netzflecken (*Pyrenophora teres*), Barley yellow dwarf virus (BYDV), den Barley yellow mosaic virus-Komplex (BaYMV, BaMMV) sowie Getreideaphiden (*Rhopalosiphum padi*, *Sitobion avenae*, *Metopolophium dirhodum*, *R. maidis*) durchgeführt. - Das Institut ist weiterhin an einem EU-Projekt „EXAMINE“ im Rahmen der Klimawirkungsforschung beteiligt, das Beziehungen zwischen langjährigen Blattlausangfallenfängen sowie Veränderungen des Klimas, der Luftbelastung und der Landschaftsnutzung untersucht.

In zweijähriger Freilandprüfung von 271 Wintergersten aus der Genbank des IPK Gatersleben zeigten fünf Akzessionen ein hohes BYDV-Toleranzniveau, vergleichbar mit 'Post', 39 Formen reagierten moderat, ähnlich 'Vixen'. Darüber hinaus zeichneten sich zwei virustolerante Herkünfte auch durch Resistenz gegenüber *Drechslera teres* aus. Mit Hilfe molekularer Markerdaten konnte gezeigt werden, dass die BYDV-Toleranz der bisher selektierten Gerstengenotypen nicht auf das *Ryd2*-Gen zurückzuführen ist. Anhand der Symptomausprägung und von Ertragsmerkmalen wurden ein Wintergerstensortiment (101 Herkünfte), ein Sommergerstensortiment (87 Herkünfte) sowie 73 Zuchtlinien nach künstlicher BYDV-PAV hinsichtlich Virustoleranz bewertet. In ähnlicher Weise wurde eine 86 DH-Linien umfassende Population zur Kombination von Virustoleranz mit unter-



Abb. 1: Reaktion einer DH-Linien-Population der Wintergerste nach künstlicher Inokulation mit dem *Barley yellow dwarf virus*

Fig. 1: Reaction of doubled haploid lines of winter barley to *Barley yellow dwarf virus* after artificial inoculation

schiedlicher genetischer Grundlage charakterisiert (Abb. 1). Mit den QTL-Analysen zur Markierung und Lokalisierung der Toleranz wurde begonnen. Außerdem wurden 131 DH-Linien zur Kombination von BYDV-Toleranz mit BaYMV-Resistenz zwischenvermehrt sowie weitere Kreuzungen für resistenz- und molekulargenetische Untersuchungen erstellt.

Unter Verwendung eng gekoppelter Marker für *rym4* und *rym5* wurden 219 Wintergersten aus der Genbank des IPK mit Resistenz gegenüber der Gelbmosaikvirose analysiert. Dabei wurde eine Reihe von Genotypen identifiziert, die eine Resistenz gegenüber den drei Viren des Gelbmosaik-Komplexes besitzen, welche aber nicht auf *rym5* beruht. Gegenwärtig werden die bisher mit diesen Genotypen erstellten und klassisch-genetisch charakterisierten Kreuzungspopulationen (DH-Linien) mit molekularbiologischen Techniken untersucht, um Marker für die Resistenzgene zu identifizieren und zu lokalisieren.

Für das Bundessortenamt wurden 169 Winterweizen-, 8 Winterspelzweizen-, 40 Wintertriticalearten und 32 Sommerweizensorten/-linien bzw. 143 Wintergersten- und 76 Sommergerstensorten/-linien auf Resistenz gegen *Puccinia recondita* bzw. *P. hordei* geprüft. - Es wurde bei 20 Winterweizensorten/-linien eine adult plant und vertikale Resistenz bestimmt. Davon blieben sieben Sorten ohne Befall. Bei drei Sommerweizensorten sind ebenfalls beide obengenannten Resistenzmechanismen anzunehmen. - In der Wintergerstenprüfung gegen Zwergrost war das Resistenzniveau aller getesteten Muster besser als das des anfälligen Standards 'Vogelsanger Gold' (Boniturnote 8). Bei 23 Sorten/Linien war es besser als bei 'Astrid' (Boniturnote 5 = Sortenmittel). 5 Linien blieben befallsfrei. In der Sommergerstenprüfung war das Resistenzniveau von 9 Prüfnummern signifikant besser als das von 'Vada' (Boniturnote 4).

Als Fortführung des EU-Projektes „Airborne Pathogens on Cereals“ COST 817 wurden in einem Ringtest die Reaktion von 36 Sommergerstensorten gegen *Drechslera teres* und *P. hordei* untersucht.

Für eine DH-Linienpopulation wurde die Vererbung der Resistenz/Toleranz gegen *D. teres* und BYDV analysiert.

Durch die Zusammenarbeit mit den Pflanzenschutz- und Landwirtschaftsämtern konnte der Befall mit dem *Turnip yellows virus* (TuYV) in allen rapsanbauenden Bundesländern, ausgenommen Niedersachsen, ermittelt werden. Von insgesamt 428 Bestandesproben waren nur 9 Proben virusfrei. Ein mittlerer Befall von 69,4 % wurde in den westlichen, östlichen und nördlichen Anbauregionen festgestellt. In Süddeutschland war das Virusauftreten weniger stark. Eine annähernd gleiche Befallssituation lag 1995/96 vor.

In einem bundesweiten Versuch wurde an 64 Standorten die Wirksamkeit eines Insektizids als Beizmittel geprüft. Während der mittlere Virusbefall in den Kontrollen (konventionelle Beizung) 64,3 % betrug, wurde er durch die insektizide Beizung auf 47,7 % gesenkt.

986 Nachkommenschaften der Kreuzungen zwischen Winterraps und dem TuYV-resistenten Göttinger Resyntheseraps R 54 wurden im Freiland und im Kalthaus auf Virusresistenz selektiert (Abb. 2). In 595 Populationen konnte Resistenz bestimmt werden, darunter befanden sich 104, bei denen in den Pflanzen auch in frühen Entwicklungsstadien kein Virus nachweisbar war. Für die weitere züchterische Bearbeitung und zur Klärung der



Abb. 2: Selbstung von virusresistenten Linien bei Winterraps

Fig. 2: Self-fertilisation of virus-resistant lines of oilseed rape

Resistenzgenetik erfolgten 2290 Selbstungen von resistenten und anfälligen Einzelpflanzen sowie 39 neue Kreuzungen von 9 Hochleistungssorten mit resistenten F<sub>7</sub>.

An vier Standorten wurde ein Ertragsversuch mit 23 virusresistenten und anfälligen Kreuzungsnachkommen sowie drei Vergleichssorten durchgeführt. Bei geringem Befallsdruck waren die meisten der in Aschersleben entwickelten Stämme, die nicht auf Leistung selektiert waren, den Sorten unterlegen. Unter starkem Befallsdruck erreichten die resistenten Stämme bereits das Ertragsniveau der Sorten.

Im Rahmen der Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen-System *Brassica/Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc) sind die in den Vorjahren erschlossenen zwei amerikanischen Weißkohllinien geselbstet und mit leistungsfähigen Inzuchtlinien von Weiß-, Rot- und Wirsingkohl gekreuzt worden. Die Resistenzausprägung in den Nachkommenschaften deutet darauf hin, dass diese Resistenz von einem rezessiven Allel vererbt aber auch vom genetischen Hintergrund stark beeinflusst wird. Außerdem wurden selektierte Einzelpflanzen von *B. oleracea*-Herkünften aus dem Mittelmeerraum für Selbstungen und Kreuzungen eingesetzt. Dabei soll der Frage nachgegangen werden, ob mit diesen Genotypen neue Resistenzquellen ermittelt werden können, die sich von den amerikanischen unterscheiden. Durch Selbstungen und Kreuzungen konnte die Resistenz in den Nachkommenschaftsgenerationen aus *B. oleracea* x *B. nigra* (Protoplastenfusionen) wesentlich verbessert werden. So ist in diesem Jahr ein Anteil resistenter Pflanzen von 57,1 % zu verzeichnen. Eine erste Rassenanalyse mit 16 hochvirulenten Isolatens des Erregers ergab, dass in Deutschland die Rassen 1 und 4 verbreitet sind.

Nach mehrjährigen Resistenzevaluierungen zahlreicher Formen der Pelargonien-Wildartensammlung von Elsner pac Jungpflanzen Dresden hinsichtlich ihrer Anfälligkeit für *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* konnten neben einigen hochgradig resistenten Genotypen die Hybride *P. frutetorum* x ? gefunden werden (Abb. 3), die hinsichtlich ihres Chromosomensatzes (2n = 18) mit den diploiden *Pelargonium*-Zonale- und Peltatum-Hybriden kreuzbar sein müsste. Erste Kreuzungsversuche zeigten jedoch, dass eine züchterische Nutzung auf direktem Wege durch Inkompatibilitäten unbekannter Ursache bisher nicht möglich ist.



Abb. 3: Resistenzprüfung am Wirt/Pathogen-System *Pelargonium/Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (links – anfällige *Pelargonium*-Zonale-Hybridsorte, rechts – resistente Hybride *P. frutetorum* x ?)

Fig. 3: Resistance screening in the host/pathogen system *Pelargonium/Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (left – susceptible hybrid cultivar of *Pelargonium*-Zonale, right – resistant hybrid *P. frutetorum* x ?)

The main research focus of the institute is the evaluation of resistance to important pathogens in cultivated plant collections and their wild relatives using traditional and molecular methods. Secondary aims are 1) to develop basic material with durable disease and pest resistance; 2) to investigate heritabilities of resistance and resistance mechanisms; and 3) to study the spread and population dynamics of fungi, bacteria, viruses and pests, including virus vectors. The institute is responsible for maintaining large collections of phytopathogenic viruses, bacteria and fungi and selected arthropod species, particularly aphids (see also: <http://www.dainet.de/genres/mgrdeu>).

Projects are undertaken by the following research groups „Viruses and Invertebrate Pests“, „Fungi“ and „Molecular Marker Analysis“ and their investigations focus mainly on barley, but also wheat. The „Bacterial“ research group concentrates its efforts on fruit trees, vegetables and ornamentals.

The common project of ZADI, IPK and BAZ „Information systems for evaluating plant genetic resources in the Federal Republic of Germany (EVA)“ was concluded. In connection with this project, the reactions of 7557 barley accessions against different powdery mildew races as well as of 10952 accessions against *Puccinia hordei* were entered into a database (EVASY). From these data, the response of 7362 barley accessions held in the IPK genebank was made available publicly on the internet (<http://www.dainet.de/genres/eva/gerste.htm>).

The BAZ participates in the EU project „Evaluation and Conservation of Barley Genetic Resources to Improve their Accessibility to Breeders in Europe (GENRES, CT98-104)“ in which there are 28 other partners. Its aim is to find new resistances against biotic and abiotic stress. One of the more important tasks is to evaluate the Barley Core Collection (BCC) with standard procedures. The institute is the coordinator for biotic stress, while the overall coordination is carried out by IPK. Extensive evaluations are performed at Aschersleben in both field and glasshouse on resistance to leaf rust (*Puccinia hordei*), net blotch (*Pyrenophora teres*), Barley yellow dwarf virus (BYDV), the Barley yellow mosaic virus-complex (BaYMV, BaMMV) and the cereal aphids (*Rhopalosiphum padi*, *Sitobion avenae*, *Metopolophium dirhodum* and *R. maidis*). The institute is also engaged on research into environmental influences, especially the relationship between annual aphid population dynamics and climate change, atmospheric pollution and land use (EU-Project „EXAMINE“).

In a two-year field test involving 271 winter barleys from the IPK genebank, five accessions were found to have a high level of BYDV tolerance comparable to ‘Post‘; 29 barleys had moderate tolerance similar to ‘Vixen‘. Furthermore, two virus-tolerant accessions also possessed resistance to *Drechslera teres*. Molecular marker analyses have shown that the resistance gene *Ryd2* is not responsible for the BYDV-tolerance of the selected barleys. Evaluation of symptom expression and several yield parameters was carried out after artificially inoculating with BYDV-PAV to characterise the tolerance level of a winter barley collection (101 accessions), a spring barley collection (87 accessions) and 73 breeding lines. A population of 86 doubled haploid lines derived from a cross among BYDV-tolerant barleys with different genes was screened in a similar way (Fig. 1), and we have started to analyse this population with QTL-marker techniques. 131 doubled haploid lines from crosses combining BYDV-tolerance with BaYMV-resistance were seed increased and further crosses were made for resistance screening and molecular analyses.

By using markers linked to *rym4* and *rym5*, 219 winter barleys from the IPK genebank with resistance to yellow mosaic virus were analysed. From the data obtained, a range of genotypes was identified that contained resistance to three viruses in the yellow mosaic virus complex, but which differed from *rym5*. At the moment these genotypes are being characterised with classical genetical procedures and DH-lines as well as with molecular methods to identify and locate markers linked to the resistances.

169 winter wheats, 8 winter spelt wheats, 40 winter triticale and 32 spring wheat cultivars/lines and 143 winter barley and 76 spring barley cultivars/lines with resistance to *Puccinia recondita* and *P. hordei* were tested for the Bundessortenamt. Twenty winter wheat cultivars were identified with adult plant and vertical resistance, and seven cultivars remained immune to the disease. Three spring wheat cultivars were found to possess both of the above resistance mechanisms. - In the winter barley leaf rust test, the resistance levels in all screened samples were better than the susceptible control ‘Vogelsanger Gold‘. Twenty three cultivars or lines were better than ‘Astrid‘ and five were immune. In the spring barley trials, the resistance levels of nine lines was significantly better than ‘Vada‘.

As a continuation of the EU-project ‘Airborne Pathogens of Cereals‘ COST 817, the reaction of 36 spring barley lines/cultivars to *Drechslera teres* and *P. hordei* was assessed. By means of a DH-population, the inheritance of resistance/tolerance to *D. teres* and BYDV was also investigated.

In cooperation with the Plant Protection Service and Agricultural Boards the incidence of TuYV in all the rape-growing regions of the federal states, except Niedersachsen, was studied. Out of 428 samples only nine were virus-free. An average incidence of 69,4 % was recorded in the western, eastern and northern regions. In southern Germany the virus incidence was not as high; a similar situation occurred in the years 1995/96.

In a nationwide trial at 64 sites looking at the effectivity of insecticidal seed treatments, a mean vi-

rus incidence of 64,3 % was obtained for the control (untreated) compared with 47,7 % in the treated samples.

968 progenies from crosses between winter rape and the TuYV-resistant R 54 underwent selection for virus resistance in the field and cold room. Resistance was detected in 595 of the progenies, 104 of which showed no visible signs of infection at an earlier stage in their life cycle. For further breeding development and clarification of the inheritance of resistance, 2290 selfed progenies from resistant and susceptible single plants as well as 39 new crosses of nine high-performance cultivars with resistant F<sub>7</sub> will be evaluated.

Yield trials were carried out at four sites and involved progenies from crosses among 23 virus-resistant and susceptible lines and included three cultivars. Under conditions of low disease pressure, most of the material developed at Aschersleben was lower yielding than the recommended cultivars. Under high disease pressure, however, the resistant selections attained similar yields to those of the recommended cultivars.

In the field of resistance investigations into host/pathogen-system *Brassica/Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc) in the previous year, two American white cabbage lines were selfed and crossed with efficiently inbred lines of white, red and savoy cabbage. The expression of resistance in the progenies indicated that the resistance was recessively inherited but it was influenced strongly by the genetic background. Single plant selections of *B. oleracea* derived from the Mediterranean region were also selfed and incorporated into the crossing programme. From all the results we should be able to determine whether these genotypes possess new resistance sources that differ from those in the American lines. Resistance in progenies derived from crosses between *B. oleracea* x *B. nigra* (protoplast fusion) was found to be significantly superior, and this year the proportion of resistant plants was recorded as 57,1 %. A preliminary analysis of 16 highly virulent isolates of the pathogen revealed that in Germany races 1 and 4 were predominant.

After several years evaluation of numerous forms of *Pelargonium* wild species (obtained from Elsner pac Jungpflanzen Dresden) regarding their response to *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* a few resistant genotypes were identified. These originated from the hybrid between *P. frutetorum* x ?, and since their chromosome number was  $2n = 18$ , it was thought that crosses with the diploid *Pelargonium*-Zonale- and Peltatum-hybrids should be possible. However, it was apparent after making the first crosses that incompatibility resulting from an unknown cause will prevent the direct use of this cross for breeding purposes.

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

### 1.1. Bewertung der Gerste hinsichtlich Resistenz gegen pilzübertragbare Viren und Toleranz gegen blattlausübertragbare Viren mit klassisch genetischen und molekularbiologischen Verfahren sowie Bereitstellung von Ausgangsmaterial mit verbesserter Resistenz

**Evaluation of barley for resistance to fungi-transmitted viruses and tolerance to aphid-transmitted viruses using classic genetical and molecular biological methods as well as generation of basic material with improved resistance**  
Habekuß, A.; Krämer, I.; Proeseler, G.

Zielsetzung/Aim:

Mit dem Ziel der Selektion von virusresistentem bzw. -tolerantem Material werden Gerstenherkünfte, insbesondere aus dem Gaterslebener Wintergerstensortiment, in Gewächshaus-, Klimakammer- und Feldversuchen auf Resistenz gegen BaMMV, BaYMV-1 und -2 sowie auf

Toleranz gegen verschiedene Viren des BYD geprüft. Unter Verwendung eng gekoppelter molekularer Marker erfolgt die Untersuchung der resistenten Gerstenakzessionen hinsichtlich des Vorhandenseins bekannter (*rym4*, *rym5* und *Ryd2*) und neuer Resistenz- bzw. Toleranzgene. Kreuzungsexperimente dienen resistenzgenetischen Analysen, der Kombination von nachgewiesenen Virusresistenzen sowie der Kombination von Virusresistenz mit anderen wirtschaftlich bedeutsamen Merkmalen (Pilzresistenz, Ertrag). Nachkommenschaften aus Gerstengentypen mit Virusresistenz/-toleranz, die nicht Träger von *rym4*, *rym5* oder *Ryd2* sind, werden mit verschiedenen molekularbiologischen Techniken geprüft, um diese Gene zu lokalisieren und zu markieren.

Accessions of the Gatersleben winter barley collection are tested in the greenhouse, growth chambers and the field for resistance to BaMMV, BaYMV-1 and -2 and for tolerance to different viruses of BYD. By using of closely linked molecular markers the selected virus resistant/tolerant barleys are investigated for the presence of the resistance genes *rym4*, *rym5* and *Ryd2*. Resistance genetic analyses are carried out to investigate the inheri-

tance of the observed virus resistance/tolerance. By means of conventional cross techniques virus resistance should be combined with other important traits (fungi resistance, yield). Progenies of crosses with virus resistant/tolerant barleys, that don't possess the known resistance genes *rym4*, *rym5* or *Ryd2*, are investigated with different molecular biological techniques to localize and mark the responsible genes.

#### Ergebnisse:

Über 2000 Herkünfte der Wintergerstenkollektion der Genbank des IPK Gatersleben wurden bezüglich ihrer Reaktion gegenüber BaMMV, BaYMV-1 und -2 sowie BYDV-PAV und -MAV in Freiland, Gewächshaus- und Klimakammerversuchen unter natürlichen und künstlichen Infektionsbedingungen getestet. Die Vererbungsanalysen erfolgten anhand von DH-Linienpopulationen (hergestellt durch R. Pickering mittels 'bulbosum'-Technik) verschiedener Kreuzungen resistenter/toleranter und anfälliger Gersten.

In den Resistenztests zu den Mosaikviren erwiesen sich 126 Herkünfte als vollständig resistent, 51 resistent gegen BaMMV und BaYMV-1, 169 resistent gegen BaMMV und 6 resistent gegen BaYMV-1 und -2. Von den 14 als BYDV-tolerant ermittelten Gersten zeigten einzelne auch kombinierte Resistenz gegen die Mosaikviren und/oder *Drechslera teres*.

Die Vererbungsanalysen von DH-Populationen, die aus Kreuzungen von 5 mosaikresistenten Herkünften mit einem anfälligen Elter resultieren, weisen auf die Wirkung von nur einem Resistenzgen in 4 der Populationen hin, während in der Kreuzung mit HHOR 4224 zwei rezessive Resistenzallele angenommen werden können. In Analysen mit dem zum Resistenzgen *rym5* eng gekoppelten Mikrosatelliten-Marker BMac29 (Graner et al., 1999) konnte für HHOR 1361, HHOR 3108, 'Tori' und 'Zairai-Rokkaku' das Vorhandensein dieses Gens gezeigt werden. Das resistenzbedingende Allel in HHOR 4224 wurde hingegen nicht identifiziert (Abb. 1).

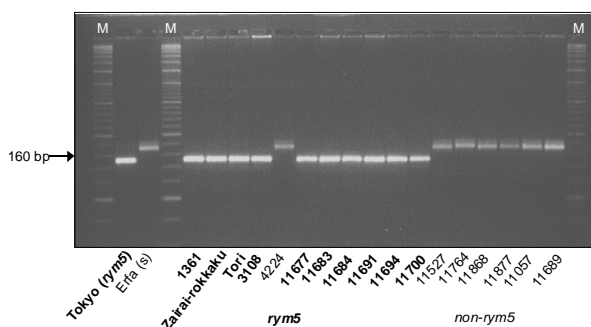


Abb. 1: Nachweis des Resistenzgens *rym5* in Wintergerstenherkünften mit vollständiger Resistenz gegen BaMMV, BaYMV-1 und -2 unter Verwendung des Mikrosatelliten-Markers BMac29

Fig. 1: Detection of the gene *rym5* in winter barley accessions with complete resistance to BaMMV, BaYMV-1 and -2 using the microsatellite marker BMac29

Insgesamt wurden 177 mosaikresistente Herkünfte mit dem sehr eng gekoppelten RAPD-Marker OP-Z04A

(Schiemann et al., 1997) für das Gen *rym4* und dem Mikrosatelliten-Marker BMac29 für das Gen *rym5* untersucht. In 29 der 51 Akzessionen mit Resistenz gegen BaMMV und BaYMV-1, wurde ein Fragment von 640 bp amplifiziert, welches mit *rym4* in 'Ragusa' assoziiert ist. Nach der Analyse der 126 vollständig mosaikresistenten Akzessionen mit BMac29, wurde bei 104 Proben ein 160 bp großes Fragment amplifiziert, das mit der Resistenz der Sorte 'Tokyo' gekoppelt ist und das Vorhandensein von *rym5* zeigt (Abb. 1).

Die Gersten mit vollständiger Resistenz gegenüber den Mosaikviren, die jedoch nach den bisher vorliegenden Erkenntnissen nicht durch das Resistenzgen *rym5* bedingt ist, werden in fortführenden Vererbungs- und Markeranalysen näher charakterisiert.

Anhand der DH-Population der Kreuzung DH 1/25 x HHOR 3108 wurde die Vererbung der BYDV-Toleranz der DH-Linie DH 1/25, einer ertragreichen Linie der Kombination 'Post' x 'Rubina', untersucht. Die Häufigkeitsverteilungen der Linien für die Merkmale Pflanzenlänge und Anzahl Ähren/Pflanze zeigen eine kontinuierliche Verteilung und keine eindeutige Spaltung in verschiedene Klassen (Abb. 2). Diese Ergebnisse können als weiterer Hinweis dafür gelten, dass die BYDV-Toleranz der Sorte 'Post' wahrscheinlich polygen vererbt wird.

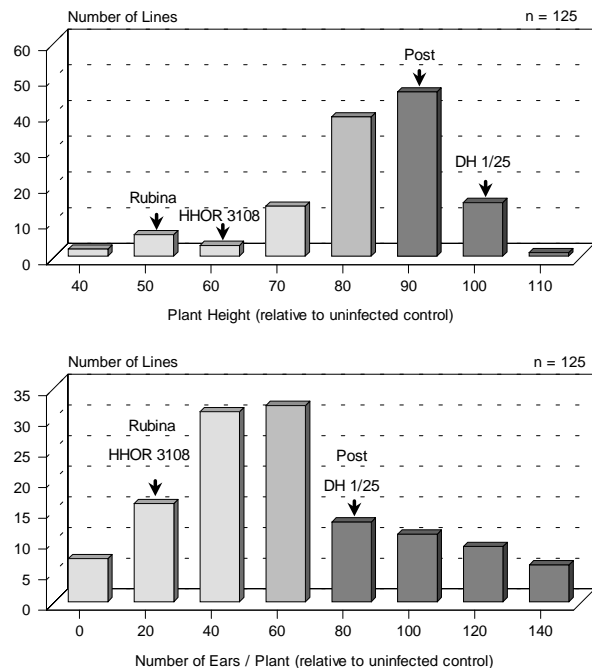


Abb. 2: Pflanzenlänge und Anzahl Ähren/Pflanze einer DH-Linien-Population der Kreuzung DH 1/25\* x HHOR 3108 nach künstlicher BYDV-PAV Inokulation relativ zu nicht infizierten Kontrollen im Freiland

[\* BYDV-tolerante Linie der Kreuzung ('Post' x 'Rubina')]

Fig. 2: Plant height and number of ears/plant of doubled haploid lines of the cross DH 1/25\* x HHOR 3108 after artificial BYDV-PAV inoculation compared with uninfected controls in the field

[\* BYDV-tolerant line of the cross ('Post' x 'Rubina')]

Durch die Entwicklung des PCR-Markers *Ylp* für den Nachweis des *Ryd2* Resistenzgens (Ford *et al.*, 1998) steht ein wertvolles Werkzeug zur Testung von BYDV-toleranten Genotypen auf das Vorhandensein des Gens zur Verfügung. Entsprechende Markeranalysen ergaben, dass dieses Resistenzgen nicht für die BYDV-Toleranz der Sorte 'Post' sowie der anderen Akzessionen verantwortlich ist, die aus der Wintergerstensammlung der Genbank in Gatersleben selektiert wurden.

#### Abstract:

A comprehensive screening programme was carried out on approximately 2000 winter barleys of the Gatersleben World Collection examined for their response to *Barley mild mosaic virus* (BaMMV), *Barley yellow mosaic virus* (BaYMV-1, -2) and *Barley yellow dwarf viruses* (BYDV-PAV, -MAV). 126 accessions were resistant to all the mosaic viruses, 51 were resistant to BaMMV and BaYMV-1, 169 were BaMMV-resistant and six were resistant to BaYMV-1 and -2. Using doubled haploid populations from crosses between 5 lines resistant to BaMMV, BaYMV-1 and -2 and susceptible parents, single gene inheritance was established in crosses with HHOR 1361, HHOR 3108, 'Tori' and 'Zairai-rokkaku'. Two recessive alleles appeared to be responsible for the resistance of HHOR 4224. To identify the resistance genes, RAPD and microsatellite markers linked to the resistance loci *rym4* and *rym5* were used.

Fourteen accessions from the examined collection were moderately or highly tolerant to BYDV. Studies with a PCR-based marker linked to the gene *Ryd2* indicated that their tolerance was conferred by gene(s) different from *Ryd2*. The BYDV tolerance of the cultivar 'Post' was investigated using a doubled haploid population of the cross DH 1/25 x HHOR 3108. This study indicated that genes with minor effects might be responsible for tolerance of this cultivar to BYDV.

In Zusammenarbeit mit: Inst. f. Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Genbank, A. Graner; Crop & Food Research Christchurch, New Zealand, R. Pickering (BAZ-2301, BAZ-2335)

### **1.2. Erstellung von Basismaterial bei Winterraps mit Resistenz gegenüber dem Wasserrübenvergilbungsvirus (TuYV) mit verschiedenen gentechnischen und konventionellen Ansätzen – Teilprojekt Aschersleben**

#### **Generation of basic material from oilseed rape with resistance to turnip yellows luteovirus (TuYV) by different biotechnological and classical methods – part Aschersleben**

Graichen, K.

#### Zielsetzung/Aim:

Durch Kreuzung mit einem Göttinger Resyntheseraps konnte Resistenz gegen das TuYV in Rapsorten und Neuzuchtmaterial eingelagert werden. Ziel des Projektes ist die Erstellung von TuYV-resistentem Basismaterial, das für die konventionelle Züchtung zukünftiger resisten-

ter Sorten Verwendung finden soll. Durch Einsatz sensibler serologischer und molekularbiologischer Methoden sollen in Kreuzungsnachkommen die vollständig virusresistenten Einzelpflanzen für die weiteren resistenzzüchterischen Arbeiten selektiert werden.

By crosses with current cultivars and breeding lines it was possible to transmit the virus resistance in oilseed rape founded in a resynthesized rapeseed from Göttingen. The aim of the project in Aschersleben is the generation of basic material of oilseed rape by classical methods, which can be used for the breeding of new cultivars resistant to TuYV. By means of sensitive serological and molecular biological methods extreme virus resistant single plants should be selected for further breeding experiments.

#### Ergebnisse:

Virusauftreten: Durch die Zusammenarbeit mit den Pflanzenschutz- und Landwirtschaftsämtern konnte der Befall mit dem *Turnip yellows virus* (TuYV) in fast allen rapsanbauenden Bundesländern analysiert werden. Von insgesamt 428 Bestandesproben waren nur 9 Proben virusfrei. Ein mittlerer Befall von 69,4 % wurde in den westlichen, östlichen und nördlichen Anbauregionen festgestellt. In Süddeutschland war das Virusauftreten mit 21 % Infektionen in den Proben eher gering. Eine ähnliche Befallsituation lag im Anbaujahr 1995/96 vor. Als Ursache für das sehr hohe Virusauftreten im Winterraps ist die anhaltend warme Witterung im Herbst 1999 anzusehen, die zu einem starkem Auftreten des Hauptvektors für das TuYV, der Art *Myzus persicae*, führte. Aus den seit 10 Jahren in Aschersleben durchgeführten Untersuchungen lässt sich ableiten, dass in den wiederkehrenden Befallsjahren hochgradige TuYV-Infektionen bei Winterraps in den meisten Anbauregionen auftreten und zu Ernteverlusten von 10 bis 15 % führen. Hohe Infektionsraten mit dem TuYV konnten außerdem in den Blattproben von Rapsfeldern aus Australien, Neuseeland, Großbritannien, Österreich, Schweden, Ungarn und der Tschechischen Republik festgestellt werden. Darüber hinaus waren Proben von anderen *Brassica*-Arten aus China, Tansania und Zypern mit dem TuYV infiziert. Die Befunde sind ein weiterer Hinweis für das weltweite Vorkommen des TuYV.

In einem bundesweiten Versuch an 65 Standorten zur Wirksamkeit einer insektiziden Saatgutbeizung wurde in Parzellen ein mittlerer Virusbefall von 64,3 % in den Kontrollen bestimmt. Durch den neuen insektiziden Wirkstoff wurde der TuYV-Befall im Mittel auf 47,7 % reduziert und er Ertzarg uaf 103,6 % erhöht. Bemerkenswert war, dass an mehreren Standorten in beiden Beizvarianten der Virusbefall 100 % betrug.

Resistenzprüfungen: 986 Nachkommenschaften der Kreuzungen zwischen Winterraps und dem TuYV-resistenten Göttinger Resyntheseraps R 54 wurden im Freiland und im Kalthaus nach künstlicher Blattlausbesiedlung auf Virusresistenz selektiert. In 595 Populationen konnte mittels DAS-ELISA Resistenz bestimmt werden, darunter befanden sich 104, bei denen in den Pflanzen auch in frühen Entwicklungsstadien kein Virus nachweisbar war. Im Vergleich zum Prüfjahr 1998/99 war der Anteil der



serologisch negativen Pflanzen deutlich verringert. Ursache dafür war der durch die Trockenheit im August/September 1999 bedingte späte Pflanzenaufgang und die dann einsetzende massive Besiedlung der schwach entwickelten Pflanzen mit infektiösen Blattläusen bei relativ hohen Temperaturen, was einer Resistenzprüfung unter Gewächshausbedingungen gleichkam.

Bei ausgewählten Linien wurden selektierte, resistente Einzelpflanzen im Juni/Juli mittels Amp-ELISA unter Verwendung von Seitentrieb-, Stängel- und Wurzelproben auf TuYV-Infektionen untersucht. Dabei wurden Pflanzen identifiziert, in denen das Virus nur in der Wurzel lokalisiert war. Bei anderen Pflanzen konnte selbst in diesem Teil mittels IC-RT-PCR keine TuYV-Infektionen nachgewiesen werden. Derartige Pflanzen können als extrem virusresistent angesehen werden. Für die weitere züchterische Bearbeitung und zur Klärung der Resistenzgenetik erfolgten 2290 Selbstungen von resistenten und anfälligen Einzelpflanzen sowie 39 neue Kreuzungen von 9 Hochleistungssorten mit resistenten F<sub>7</sub>.

An vier Standorten wurden Ertragsversuche mit 23 virusresistenten und anfälligen Kreuzungsnachkommen sowie drei Vergleichssorten und den Behandlungen künstliche Blattlausbesiedlung sowie mehrmalige Insektizidbehandlung durchgeführt. Infolge des starken natürlichen Befallsdruck waren die Vergleichssorten an zwei Standorten trotz mehrfacher Blattlausbekämpfung vollständig virusinfiziert. Einige resistente Kreuzungsnachkommen blieben bei künstlicher Blattlausbesiedlung überwiegend virusfrei (Abb. 1).

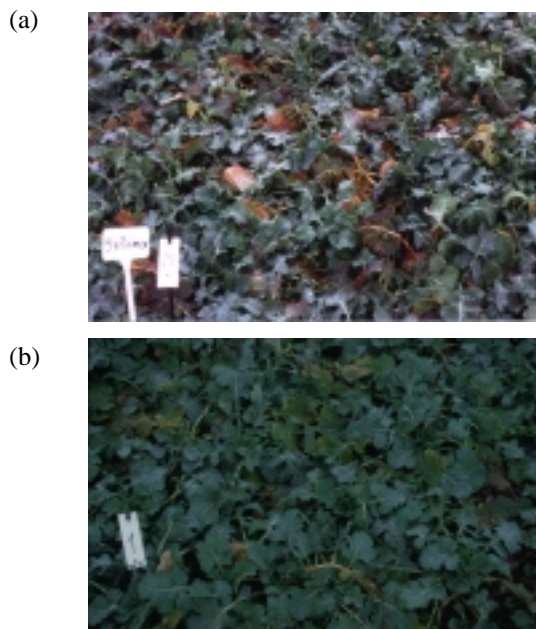


Abb. 1: Befall durch *Turnip yellows virus* auf einer anfälligen Sorte (a) und virusfreie resistente Linie (b)

Fig. 1: Infestation by *Turnip yellows virus* of a susceptible cultivar (a) and resistant breeding line (b)

Selbst nach Insektizidbehandlungen waren die meisten der in Aschersleben entwickelten Prüfstämme, die nicht auf Leistung selektiert waren, den Vergleichssorten unterlegen. Unter starkem Befallsdruck erreichten bzw. über-

trafen einige virusresistente Stämme das Ertragsniveau der Sorten.

Abstract:

In the growing season 1999/2000 high infection rates were observed in the western, middle and north-eastern part of Germany. An average infection rate of 69,4 % was observed in these regions tested. Contrary to this result the occurrence of the virus was low in the southern part of Germany. Furthermore high infestation degrees by the TuYV were detected in rapeseed and other *Brassica* species from several European countries, Australia, New Zealand, China and Tanzania.

In field experiments 986 single plant progenies of the crosses of oilseed rape with TuYV-resistant resynthesized rapeseed R 54 were screened on virus resistance. Resistance to TuYV was detected in 595 populations. 2290 selfings and 39 backcrosses between resistant single plants and plants of 9 cultivars with 00-quality were made for further studies for the inheritance of TuYV resistance and generation of high yielding lines with virus resistance. In co-operation with plant breeders investigations were continued to the agronomic properties of virus resistant oilseed rape lines.

In Zusammenarbeit mit: Schliephake, E.; Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben Rabenstein, F., Schubert, J.; Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Peterka, H., Ryschka, U.; Universität Kiel, Dreyer, F.; GFP, Züchtungsfirmen der Abteilung Öl- und Eiweißpflanzen; UFOP Futterkamp, Gronow, J.; BBA Braunschweig, Garbe, V.

(BAZ-2340, gefördert durch FNR, FKZ 96 NR 100)

## 2. Bakterien Bacteria

### 2.1. 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:

Obstsorten mit dauerhafter Resistenz gegen *Erwinia amylovora* sollen selektiert werden. Jährlich sind Isolate von *E. amylovora* aus verschiedenen Regionen zu sammeln und hinsichtlich ihrer Virulenz zu untersuchen. Ein Gemisch aus mehreren hochvirulenten Isolaten wird zur Resistenzbewertung eingesetzt. Nach Triebinfektion im Gewächshaus sind resistente Formen zu selektieren. Die Blütenanfälligkeit von Obstgehölzen wird im Freiland getestet.

Fruit varieties with resistance to fire blight (*Erwinia amylovora*) will be selected. Every year isolates of *E. amylovora* from different regions have to be collected and tested for their virulence. A mixture of some strains will be used for the resistance evaluation. After shoot infection in the glasshouse resistant plants have to be selected. The blossom susceptibility will be tested in the field.

Ergebnisse:

Die Untersuchungen zur Feuerbrandresistenz von Apfel-Zuchtmaterial konnten planmäßig fortgesetzt werden. In der Virulenzanalyse wurden 41 neue *Erwinia amylovora*-Isolate im Vergleich zu sechs bisher in Resistenzprüfungen eingesetzten Stämmen an drei verschiedenen Apfelsorten getestet. Zwei Isolate aus Baden-Württemberg und ein Isolat aus Bayern sind für das Inokulumgemisch zur Testung des Apfel-Zuchtmaterials ausgewählt worden. Resultierend aus unserer Analyse wurden dem Institut für biologischen Pflanzenschutz der BBA und der Landesanstalt für Pflanzenbau und Pflanzenschutz Rheinland-Pfalz drei hochvirulente Erregerstämme zur Verfügung gestellt. An Stelle des Isolates aus Bayern ist hier ein dritter Stamm aus Baden-Württemberg verschickt worden. Obwohl in der Virulenzanalyse bei den virulentesten Stämmen nur maximal 33 % Triebbefall zu verzeichnen war, wurde bei der Testung des Zuchtmaterials in der anfälligen Kontrolle ('Idared') ein Befall von 90 % erreicht. Als sehr widerstandsfähig gegenüber Feuerbrand erwiesen sich die in die Testung einbezogenen Wildformen *Malus baccata*, *M. dawsoniana*, *M. floribunda*, *M. fusca* und *M. halliana*. Dieses Ergebnis konnte auch bei der Testung von Material aus der Genbank Obst Dresden-Pillnitz reproduziert werden. Trotz der hohen Virulenz des Inokulums bestätigten die Sorten 'Reanda', 'Rene', 'Resi', 'Retina', 'Rewena', 'Florina' und 'Liberty' ihre hohe Resistenz. 15 Zuchtstämme erwiesen sich als sehr widerstandsfähig gegen *E. amylovora*. Mit der Testung von Re-Sorten® auf Blütenanfälligkeit wurde im Freiland begonnen.

Abstract:

In virulence test 41 new *Erwinia amylovora* isolates were tested in comparison to 6 strains used in former resistance evaluations. Two isolates from Baden-Württemberg and one from Bavaria were selected for the inoculum mixture. In spite of lower virulence of the strains in virulence test in 2000, the strain mixture was high virulent in resistance evaluation. 90 % of the shoot length were attacked in susceptible check (cultivar 'Idared'). The wild species *Malus baccata*, *M. dawsoniana*, *M. floribunda*, *M. fusca* and *M. halliana* were high resistant to fire blight. The same results could be observed during the evaluation of material from the Fruit Gene Bank Dresden-Pillnitz. In spite of high virulence of the used *E. amylovora*-strains the cultivars 'Reanda', 'Rene', 'Resi', 'Retina', 'Rewena', 'Florina' and 'Liberty' confirmed their high fire blight resistance. 15 advanced selections from Pillnitz possess a high level of fire blight resistance in growing shoots.

(BAZ-2323)

## 2.2. Epidemiologische und Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen-System *Brassica/Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc)

### Epidemiological and resistance studies on the host/pathogen-system *Brassica/Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc)

Griesbach, E.; \*Löptien, H.; \*\*Marthe, F.

Zielsetzung/Aim:

Die Arbeiten dienen dem Ziel, *Brassica*-Formen zu finden, die gegen den Erreger der Adernschwärze resistent sind und dieses Material für die Kohlzüchtung nutzbar zu machen.

The aim of the investigations is to find accessions of *Brassica* with resistance to black rot and to integrate this material in the resistance breeding of cabbage.

Ergebnisse:

Virulenzanalysen mit 38 Erregerherkünften aus anderen Laboratorien bzw. Ländern sowie mit 56 eigenen Isolaten an zwei anfälligen Weißkohlsorten ergaben, dass etwa zwei Drittel dieser Xcc-Herkünfte so hochgradig virulent sind, dass jede der Testpflanzen an mindestens 50 % ihrer Blattfläche Krankheitssymptome aufwies. Bei fast allen Isolaten, die bereits über mehrere Jahre auf Yeast-Dextrose-Ca-Agar kultiviert worden sind, war in der Regel kein Virulenzverlust zu verzeichnen. Für die Resistenzevaluierungen diente auch in diesem Jahr ein Inokulum-Gemisch, wozu 7 der hochvirulenten Isolate von befallenen Kopf- und Blumenkohlsorten aus verschiedenen Gegenden Deutschlands bzw. aus anderen Ländern (Japan, Hawaii, Italien) ausgewählt wurden.

Sechzehn hochvirulente Xcc-Isolate wurden mit Hilfe des Testsortiments von IGNATOV/Moskau einer Rassenanalyse unterzogen. Diese ergab, dass von den bisher beschriebenen sechs Rassen elf der getesteten Isolate der Rasse 1 und fünf der Rasse 4 zuzuordnen sind. Beide Rassen sind sowohl im Norden (Marne) als auch im Süden Deutschlands (Stuttgart, Ludwigshafen, Insel Reichenau) verbreitet. Wie sich anhand dieser ersten Ergebnisse zeigte, waren in den zurückliegenden Jahren die Rassen 1 und 4 in den Inokulumgemischen zur Resistenzevaluierung bereits mit eingesetzt worden.

Über zahlreiche Versuchsserien wurden verschiedene Inokulationsmethoden bei unterschiedlichen Inkubationsbedingungen vergleichend geprüft. Hinsichtlich der angewandten Saatgut-, Schnitt-, Sprüh- bzw. kombinierten Schnitt- und Sprühinokulationen und der untersuchten Varianten zur Realisierung einer hohen rel. Luftfeuchte bzw. Optimierung der Temperaturbedingungen zeigte sich nach mehrjährigen Vergleichen folgendes Ergebnis: Die Krankheitsentwicklung verläuft optimal nach Sprühinokulation, sofort anschließenden Feuchtkammerbedingungen für drei Tage, danach „normalem Feuchthalten“ und Temperaturen zwischen 20 °C (nachts) und ca. 26 °C (tags). Dabei erscheinen erste Lokalläsionen um Stomata und Hydathoden nach zwei bis drei Tagen. Diese werden nach etwa einer Woche systemisch, d.h. die Schwarzadrigkeit breitet sich immer mehr über die gesamte Pflanze aus. Die Befallsbewertung erfolgt mit Hilfe einer 9-stufigen Skala nach zwei, drei und vier Wochen. Diese Methode wird im kommenden Jahr in die züchterische

Praxis der GZG Marne überführt.

Neunzehn Kopfkohlsorten, die von den jeweiligen Züch-terfirmen als tolerant bzw. resistent eingestuft worden sind, wurden unter unseren Bedingungen auf ihre Anfälligkeit für Xcc untersucht. Nach einer vergleichenden Prüfung zeichneten sich nur die Sorten 'Kagajaki', 'Ken-zan', 'Natsutae', 'Rotan', 'Seisho', 'Shinzan No.2' und 'Tenacity' durch geringen Befall aus, die übrigen zwölf erwiesen sich als anfällig.

In Zusammenarbeit mit der GZG Marne konzentrierten sich die diesjährigen Resistenzevaluierungs- und Züch-tungsarbeiten auf die Nachkommenschaften (Selbstungen und Kreuzungen mit leistungsfähigen Inzuchtlinien von Weiß-, Rot- und Wirsingkohl) der zwei 1997 selektierten hochgradig resistenten amerikanischen Weißkohlher-künfte (Abb. 1).



Abb. 1: Resistenzprüfung am Wirt/Pathogen-System *Brassica/Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (links-anfällige Weißkohlsorte, rechts-resistente Linie)

Fig. 1: Resistance screening in the host/pathogen system *Brassica/Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (left-susceptible white cabbage cultivar, right-resistant line)

Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass in diesem Ausgangsmaterial die Resistenz gegen Xcc offenbar von einem rezessiven Allel vererbt wird. Der Resistenzgrad der getesteten Hybriden wird aber auch von der leistungsfähigen Inzuchtlinie mit beeinflusst. Dies macht deutlich, dass auch der genetische Hintergrund eine Rolle bei der Ausprägung der Resistenz spielt. Wie Untersuchungen auf Erregerbefall (ELISA bzw. Tissue Print) von zahlreichen Einzelpflanzen ausgewählter Linien und Hybriden zeigten, ist die geringe Symptomausprägung nicht auf Toleranz sondern auf Resistenzreaktionen des selektierten Materials zurückzuführen.

Drei der besten Linien wurden hinsichtlich ihres Resistenzverhaltens gegen weitere hochvirulente Xcc-Isolate unterschiedlicher geographischer Herkunft getestet. Dabei erwies sich die Linie AU 4518-D gegen alle eingesetzten Erregerherkünfte als hochgradig resistent. Die beiden anderen Linien zeigten eine gewisse Anfälligkeit für zwei japanische Herkünfte.

Bei einer Reihe von *Brassica oleracea*-Herkünften aus dem Mittelmeerraum von der Genbank Gatersleben

konnten ebenfalls resistente Einzelpflanzen gefunden werden. Auch diese Genotypen wurden für Selbstungen und Kreuzungen eingesetzt, um Informationen über die Vererbung der Resistenz in dem Material zu gewinnen. In weiteren Untersuchungen soll der Frage nachgegangen werden, ob mit diesen Herkünften tatsächlich eine neue Resistenzquelle erschlossen werden konnte, die sich von den o. g. amerikanischen unterscheiden lässt.

Wie die letztjährigen Untersuchungen ergeben haben, sind zahlreiche Herkünfte der dem Kohl nahe verwandten Art Schwarzer Senf (*B. nigra*) gegen mehrere ökonomisch bedeutsame Krankheitserreger des Gemüsekohls resistent. Zur Erschließung der Resistenz gegen Xcc wurden Protoplastenfusionen mit Weißkohl durchgeführt. Das in diesem Jahr geprüfte Material gehört der fünften Nachkommenschaftsgeneration an. Durch wiederholte Inokulationen und Selektionen konnte in den jüngsten drei Generationen der Anteil resistenter Pflanzen von 11,4 % im Jahr 1998 auf 57,1 % in diesem Jahr gesteigert werden. Die Pflanzen mit Anfälligkeit gegen den Erreger der Schwarzadrigkeit haben vermutlich im Zuge der Rückkreuzungen ihre Xcc-Resistenz wieder verloren.

Abstract:

Isolates of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc) were tested for virulence and races membership. About two-thirds of isolates have a very high degree of virulence. Eleven of sixteen examined isolates of different occurrence belong to race 1, five to race 4. Both races are distributed as well in north as in south of Germany. For resistance evaluation (spray inoculation) we used a mixture of 7 high virulent isolates. From nineteen tested cultivars described as resistant/tolerant to black rot only seven showed to be infested low under our test-conditions. In cooperation with the GZG Marne the work was concentrated on selfings and crossings of two American accessions selected 1997 with a high level of resistance to Xcc and inbred lines of white, red and savoy cabbage. Results indicated that the resistance is controlled by one recessive allele. Besides there is a certain influence of modifying allele. Progenies derived by protoplast fusions between *Brassica oleracea* and *B. nigra* showed a high degree of resistance. The material was propagated over five generations of selfing and backcrossing and the frequency of resistant plants reached about 57,1 %.

In Zusammenarbeit mit: \*\*BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, F. Marthe, U. Ryschka; \*GZG Saaten AG Marne, H. Löptien; IPK Genbank Gatersleben, H. Knüpfper; All-Russian Institute of Vegetable Breeding and Seed Production, Moscow, A. Ignatov (BAZ-2329, gefördert durch GFP)

### 2.3. Epidemiologische und Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen-System *Pelargonium/Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*

#### Epidemiological and resistance studies on the host/pathogen-system *Pelargonium/Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*

Griesbach, E.; \*Olbricht, K.

##### Zielsetzung/Aim:

Ziel des Projekts ist es, *Pelargonium*-Arten mit Resistenz gegen *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (Xhp) zu finden, die zur Züchtung resistenter Kulturpelargonien genutzt werden können. Für diese Arbeiten wird das Wildartensortiment der *Pelargonium*-Genbank Elsner pac Jungpflanzen Dresden genutzt.

The aim of this project is to find *Pelargonium* species with resistance to *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (Xhp) which can be integrate in the resistance breeding. For these investigations we used *Pelargonium* species of the genbank Elsner pac Jungpflanzen Dresden.

##### Ergebnisse:

Die Erregersammlung umfasst unterdessen vierundachtzig Isolate von *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (Xhp), die aus verschiedenen Gegenden Deutschlands und einiger Nachbarländer stammen. Um das Inokulumgemisch für die diesjährigen Resistenzuntersuchungen auswählen zu können, wurden Virulenzanalysen mit den Isolaten durchgeführt, die sich in den Vorjahren als hochvirulent an zwei Zonale-Hybridsorten erwiesen hatten bzw. neu isoliert wurden. Von diesen zwanzig mehrjährig untersuchten Isolaten, die ständig auf YDCa-Agar kultiviert wurden, verhielten sich zwölf wie bei früheren Analysen, sieben wiesen eine schwächere und nur eins höhere Virulenz auf. Auffallend war der häufige Virulenzverlust der elf Isolate, die für epidemiologische Untersuchungen mit Streptomycin markiert worden waren. Von diesen verhielten sich acht schwächer, eins etwa gleich und zwei etwas stärker virulent als die entsprechenden Ausgangsherkünfte. Im Ergebnis dieser Untersuchungen wurden sieben hochvirulente Isolate ausgewählt, die zu gleichen Teilen als Inokulumgemisch in diesem Jahr zum Einsatz kamen. Etwa die Hälfte der Isolate ist bereits über mehrere Jahre in die Resistenzprüfungen einbezogen worden. In der Regel kamen  $3 \times 10^4$  Erregerzellen/ml Inokulum zum Einsatz. Auftropf- bzw. Schnitteinokulationen an Sämlingen bzw. verklonten Jungpflanzen erfolgten wie im Jahresbericht 1997 beschrieben.

Zur Resistenzprüfung wurden aus der Genbank Elsner pac Jungpflanzen in diesem Jahr verschiedene Herkünfte folgender *Pelargonium*-Arten und -Hybriden ausgewählt: *P. alchemilloides* x *P. elongatum*, *P. elongatum*, *P. fischeri*, *P. frutetorum* x ?, *P. ranunculophyllum* und *P. scandens*. All diese Genotypen erwiesen sich als hochanfällig – mit Ausnahme einer Herkunft der Hybride *P. frutetorum* x ?. Letztere blieb auch bei höheren Inokulumdichten ( $3 \times 10^5$  Zellen/ml) über den gesamten Untersuchungszeitraum (3 Monate) symptomfrei, während jede der vergleichsweise mitgeprüften Pflanzen einer Zonale-Hybridsorte (Inokulumkontrolle) zu mehr als 50 % Krankheitssymptome aufwies. Untersuchungen der Erregerausbreitung einen Monat nach Inokulation in zwölf

Trieben dieser selektierten Hybride ergaben, dass Xhp-Zellen nur in einem Fall sich im gesamten Trieb (ca. 15 cm Länge) ausgebreitet hatten. In fünf Trieben war der Erreger lediglich unmittelbar im Inokulationsbereich nachweisbar. Bei den übrigen sechs Sprossen waren maximal 4 cm von der Inokulationsstelle ausgehend nur relativ schwach besiedelt. Auch zwei Monate nach Inokulation hatte sich der Erreger nicht intensiver ausgebreitet und vermehrt, während die Triebe der Zonale-Hybridsorte zu beiden Untersuchungsterminen durchgehend bis zur Basis sehr reichlich Erregerzellen aufwiesen. Dies macht deutlich, dass die Hybride *P. frutetorum* x ? hochgradig resistent ist. Sowohl über Sprossscheitel als auch über Wurzelspitzen konnte bei diesem Hybridtyp eine Chromosomenzahl von  $2n = 18$  ermittelt werden; eine Zahl, die auch quantitative Grundlage der diploiden *Pelargonium*-Zonale-Hybriden ist. Im Ergebnis dieser Untersuchungen ging es nunmehr um die Schaffung von *Xanthomonas*-resistentem Basismaterial für die Züchtung von *Pelargonium*-Zonale- und Peltatum-Hybriden. Erste Kreuzungsversuche zeigten jedoch, dass eine züchterische Nutzung auf direktem Wege durch Inkompatibilitäten unbekannter Ursache bisher nicht möglich ist. Somit werden sich die zukünftigen Untersuchungen neben weiteren Resistenzevaluierungen darauf konzentrieren, bestehende Kreuzungsbarrieren zu finden und aufzulösen.

Um Resistenz zu induzieren, wurden sowohl das avirulente Isolat Xhp SAX H.F. als auch je ein Isolat von *X. vesicatoria* (Xvesi Tom 42 Viol) bzw. *X. campestris* pv. *campestris* (Xcc MWi 99) in einer Dichte von  $5 \times 10^8$  Zellen/ml auf frische Schnittstellen gekappter Sprossscheitel aufgetropft. Nach 30 min, 3 h, einem, vier bzw. sieben Tagen erfolgte über einen frischen Anschnitt an der gleichen Stelle die Inokulation des Xhp-Gemischs. Alle Prä-Inokulationen hatten einen befallsmindernden Effekt, der besonders deutlich war, wenn zwischen Prä- und Folge-Inokulation ein Zeitabstand von mindestens einem Tag lag. Hinsichtlich der eingesetzten Isolate war die Befallsreduktion nach Einsatz des avirulenten Xhp am geringsten ausgeprägt. Sowohl nach Prä-Inokulation von *X. vesicatoria* als auch von *X. c.* pv. *campestris* war der Befall nach diesem Zeitintervall um mindestens 50 % vermindert. Ob es sich dabei um Resistenzinduktion, Nährstoff- bzw. Platzkonkurrenz oder einen anderen Effekt handelt, müssen weitere Untersuchungen zeigen.

Bion wurde in Konzentrationen von 0,05, 0,1, 0,3 bzw. 0,5 mM über die Pflanzen gesprüht und zwei, fünf bzw. neun Tage später das Xhp-Inokulumgemisch auf frische Schnittstellen der gekappten Sprossscheitel dieser Pflanzen aufgetropft. Auffallend war, dass die typische Blattzonierung aller mit Bion besprühten Pflanzen bereits zwei Tage nach Applikation des Mittels immer mehr aufhellte und schließlich für ca. 3 Wochen völlig verloren ging. Auch die Blattoberflächen wurden deutlich „glatter“, die Blattspreiten und der gesamte Pflanzenhabitus mit der Zeit auffallend kleiner als bei den unbehandelten Pflanzen. Deutliche Befallsminderungen waren erst ab einer Konzentration von 0,3 mM festzustellen. Dabei war jedoch eine sehr starke Pflanzenschädigung zu verzeichnen, von der sich die Pflanzen über Wochen nicht erholten, so dass ein Einsatz dieses Resistenzinduktors in der Praxis nicht infrage kommt.

Abstract:

Presently our collection of *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (Xhp) strains contains eighty four isolates from different regions of Germany and foreign countries. Yearly tests of two cultivars of Pelargonium-Zonale-Hybrids showed in some cases (about 30 %) a distinct loss of virulence during cultivation on YDCa-agar. First of all it was remarkable at strains marked by Streptomycin used for epidemiological investigations. Evaluation of resistance to Xhp was carried out with a mixture of high virulent isolates of different origins. Inoculation methods were described in the annual report 1997. All the tested accessions of *P. alchemilloides* x *elongatum*, *P. elongatum*, *P. fischeri*, *P. frutetorum* x ? and *P. ranunculoides* from the collection Elsner pac Jungpflanzen Dresden showed a high susceptibility to Xhp with the exception of *P. frutetorum* x ? which was symptomless also under higher inoculum pressure. About the half of tested sprouts of this hybrid was pathogene free. The other one contained only few Xhp cells. Susceptible *Pelargonium-Zonale-Hybrids* were pre-inoculated with  $5 \times 10^8$  cells/ml of *X. vesicatoria* or *X. campestris* pv. *campestris* respectively sprayed with the resistance inductor ‚Bion‘ (0.05, 0.1, 0.3, 0.5 mM) at different times before challenge infection with high virulent Xhp. Bion was effective only in the higher concentrations. But in those cases the plants were highly damaged. Symptom expression was also reduced (more than 50 %) after pre-inoculation of the both *Xanthomonas*-pathovars at a time interval of one day or longer.

In Zusammenarbeit mit: \*Elsner pac Jungpflanzen Dresden, K. Olbricht; BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, H. Peterka (BAZ-2328; gefördert vom Freistaat Sachsen)

### 3. Pilze Fungi

#### 3.1. Untersuchungen zur Virulenz und Selektion resistenten Ausgangsmaterials bei den Wirt/Pathogenkombinationen Weizen/*Puccinia recondita* und Gerste/*Puccinia hordei* Analysis of virulences and selection of resistant material on the host/pathogen combination wheat /*Puccinia recondita* and barley/*Puccinia hordei* Kopahnke, D.; Gulyaeva, E.

Zielsetzung/Aim:

Beobachtung der Entwicklung der Braunrost- und 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 Zwergrost- und Braunrostresistenz, Entwicklung von Selektionsmethoden.

Determination of the development of leaf rust populations on wheat and barley in Germany and neighbouring countries as well as determination of virulence genes and their combinations, selection of breeding material with quanti-

tative and qualitative resistance, development of selection methods.

Ergebnisse:

#### Virulenzanalyse

Für beide Wirt/Pathogenkombinationen erfolgte die Probenahme in enger Zusammenarbeit mit den Prüfstationen des Bundessortenamtes und den Züchtungsfirmen von anfälligen Sorten und von solchen, die bekannte Resistenzgene besitzen. Generell erfolgte eine Zwischenvermehrung der eingesandten Proben auf einer anfälligen Sorte.

#### Weizen/Braunrost (*Puccinia recondita*)

Im Jahr 2000 trat der Braunrost des Weizens bedingt durch die trockene und sehr warme Witterung im Mai relativ spät auf. In einigen Regionen, wie z.B. in Aschersleben, wurde der erste Befall trotz künstlicher Infektion erst im Stadium der Milchreife beobachtet. Da andererseits die Abreife des Weizens sehr früh erfolgte, war der Befall an diesen Orten insgesamt nicht sehr stark. Bei der anfälligen Differentialsorte ‚Thatcher‘ wurde in Aschersleben nur ein Befall auf 30 % der Blattfläche beobachtet. Proben von 15 verschiedenen Orten in Deutschland und einem Ort in Österreich wurden untersucht. Insgesamt sind 399 Einzelpustelisolat für Deutschland und 11 für Österreich analysiert worden. Bei der ermittelten Häufigkeit der Virulenzen gibt es z. T. erhebliche regionale Unterschiede. Die *Lr1*-Virulenz war in Nord- und Mitteldeutschland vorhanden, konnte aber an einigen Orten in Süddeutschland nicht nachgewiesen werden. Die *Lr3*-Virulenz fehlte in Leopoldshöhe völlig, ist aber sonst an allen Orten gefunden worden. Starke Variationen in der Häufigkeit wurden auch für die Virulenzgene *Lr2*, *Lr23*, *Lr25* und *Lr28* beobachtet.

Folgende Virulenzgene wurden mit nachstehendem Anteil bestimmt (Note 3 und 4 auf der jeweiligen Differentialsorte):

- 75 - 100 % *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr10*, *Lr11*, *Lr12*, *Lr13*, *Lr14a*, *Lr14b*, *Lr15*, *Lr16*, *Lr17*, *Lr18*, *Lr21*, *Lr22*, *Lr29*, *Lr30*, *Lr32*, *Lr33*, *Lr34*, *Lr35*, *Lr37*, *Lr44*, *LrB*, *LrW*
- 50 - 75 % *Lr3*, *Lr3ka*, *Lr3bg*, *Lr20*, *Lr26*
- 25 - 50 % *Lr1*, *Lr2a*, *Lr25*, *Lr28*
- 14 % *Lr23*
- 0 % *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr38*

Die Ergebnisse der Feldbonitur des ‚Thatcher‘-Differentialsortimentes in Aschersleben zeigten eine gute Übereinstimmung mit der Virulenzgensituation, die an den meisten deutschen Standorten gefunden wurde. Die ‚adult plant‘ Resistenzgene *Lr35* und *Lr37* waren hochwirksam, *Lr12*, *Lr13*, *Lr22a* waren relativ wirksam, während *Lr32* und *Lr34* mit 30 bzw. 50 % Befall im Vergleich zur anfälligen Sorte ‚Thatcher‘ (30 %) als nicht effektiv einzustufen waren.

#### Gerste/Zwergrost (*Puccinia hordei*)

Der Gerstenzwergrost entwickelte sich auf der Wintergerste extrem zeitig, wurde aber auf der Sommergerste durch eine lang anhaltende Trockenperiode stark behin-

dert. Nach der Zwischenvermehrung wurden die 34 Populationen, die etwa zu gleichen Teilen von Winter- und Sommergersten stammten auf dem Differentialsortiment bestimmt. Von 11 Zwergrostpopulationen wurden 110 Einzelpustellinien hergestellt und untersucht.

Folgende Virulenzgene wurden mit nachstehendem Anteil bestimmt (Note 3 und 4 auf der jeweiligen Differentialsorte):

- 80-100 % *Rph1, Rph2, Rph3* ('Estate'), *Rph4, Rph2+Rph6, Rph8, Rph9, Rph12* ('Trumpf') für die Testsorten HOR 500-1 und 'Lada'
- 60-80 % *Rph3* (HOR 679-3, 'Rika' x F<sub>1</sub>), *Rph2+5*
- 17,6 % HOR 1132-sel.
- 0 % *Rph7*

Das Resistenzgen *Rph7* war weiterhin wirksam.

Analog zu den Vorjahren war die Komplexität der Virulenz der Isolate in Deutschland hoch. Die Isolate 717677 (I80) und 757677 enthalten komplexe Virulenz gegen *Rph1, 2, 3, 4, 2+5, 2+6, 8, 9*, HOR 500-1, 'Trumpf' und 'Lada' und hatten in allen Regionen einen Anteil von 50 - 75 % an der Gesamtpopulation.

Abstract:

15 populations of *P. recondita* were tested on the differential set of near isogenic Thatcher lines. The following virulence genes were determined with a percentage of:

- 75 - 100 % *Lr2b, Lr2c, Lr10, Lr11, Lr12, Lr13, Lr14a, Lr14b, Lr15, Lr16, Lr17, Lr18, Lr21, Lr22, Lr29, Lr30, Lr32, Lr33, Lr34, Lr35, Lr37, Lr44, LrB, LrW*
- 50 - 75 % *Lr3, Lr3ka, Lr3bg, Lr20, Lr26*
- 25 - 50 % *Lr1, Lr2a, Lr25, Lr28*
- 14 % *Lr23*
- 0 % *Lr9, Lr19, Lr24, Lr38*

11 leaf rust populations and 110 single pustule lines of *Puccinia hordei* were determined on the differential set. The following virulence genes were determined with a percentage of:

- 80-100 % *Rph1, Rph2, Rph3* ('Estate'), *Rph4, Rph2+Rph6, Rph8, Rph9, Rph12* ('Trumpf') for the test cultivars HOR 500-1 and 'Lada'
- 60-80 % *Rph3* (HOR 679-3, 'Rika' x F<sub>1</sub>), *Rph2+5*
- 17,6 % HOR 1132-sel.
- 0 % *Rph7*

The high virulent isolate 717677 and 757677 determined the populations with a frequency of 50 - 75 %. In general the gene *Rph7* was effective.

In Zusammenarbeit mit: Bundessortenamt Hannover; Züchtungsfirmen der GFP (BAZ-2302; BAZ-2307)

### 3.2. Charakterisierung der Resistenz im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes für die Wirt/Pathogenkombinationen Winter- und Sommergerste/*Puccinia hordei* sowie Winter- und Sommerweizen/*Puccinia recondita*

**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* and winter and spring wheat/*Puccinia recondita***

Kopahnke, D.; Gulyaeva, E.

Zielsetzung/Aim:

Charakterisierung von Sorten und Zuchtmaterial auf vertikale und partielle Resistenz gegen *Puccinia recondita* (Winter-, Sommerweizen und Triticale) und *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 *Puccinia recondita* (winter-, spring wheat and triticale) and *Puccinia hordei* (winter- and spring barley) in connection to the 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 *Puccinia recondita*, 4 Isolate *Puccinia hordei*) 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 (*Puccinia hordei* virulent für alle bekannten Resistenzgene außer *Rph7, Rph2+5*, HOR 1132-sel.) bzw. einem Rassengemisch (*Puccinia recondita*) 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 'RESI'. Als Vergleiche dienten Sorten mit einem gut definierten Resistenzniveau (Sommergerste) bzw. das Sortimentsmittel und ein anfälliger Standard (Wintergerste, Winterweizen, Sommerweizen).

#### Gerste

Auf Resistenz gegen Zwergrost (*Puccinia hordei*) wurden 143 Wintergersten und 76 Sommergersten untersucht.

#### Wintergerste

In der Mehrzahl der Wintergersten wurde keine wirksame vertikale Resistenz gefunden. Folgende Resistenzgene wurden bestimmt:

- ***Rph1***: 'Alpaca', 'Arkona', 'Astrid', 'Blanca', 'Catarina', 'Cornelia', 'Intro', 'Jana', 'Julia', 'Loreley', 'Quantis', 'Rocca', 'Theresa', 'Trasco', 'Venus' und 9 Stämme

- **Rph2:** ‘Angela’, ‘Angora’, ‘Aviron’, ‘Camera’, ‘Carola’, ‘Cleopatra’, ‘Cobalt’, ‘Cordoba’, ‘Duet’, ‘Gamelan’, ‘Geo’, ‘Jura’, ‘Labea’, ‘Lorena’, ‘Nikel’, ‘Regina’, ‘Sarah’, ‘Tessy’, ‘Tiffany’, ‘Uschi’, ‘Virac’ und 32 Stämme
- **Rph1 + Rph2:** ‘Candesse’, ‘Opal’, ‘Tilia’ und 7 Stämme

Diese Gene sind für die meisten zur Zeit nachgewiesenen Pathogenisolate nicht effektiv. Im Feldversuch wurde die Boniturnote aus der AUDPC von 5 Bonituren vom 10.05. - 07.06.2000 errechnet. Das Sortimentsmittel lag bei der Note 5 (Sorte ‘Astrid’, AUDPC 10,09). Das Resistenzniveau aller getesteten Muster war signifikant besser als das des anfällige Standards ‘Vogelsanger Gold’, bei 23 Sorten/Linien war es besser als bei ‘Astrid’.

### Sommergerste

Für die Sommergerstensorten bzw. -stämme wurden mittels Keimpflanzenprüfung folgende Resistenzgene bestimmt:

- **Rph1:** ‘Charlotte’, ‘Extract’, ‘Henni’, ‘Orthega’ und 1 Stamm
- **Rph2:** 1 Stamm
- **Rph1 + Rph2:** 1 Stamm
- **Rph3:** ‘Prolog’ und 11 Stämme
- **Rph12:** ‘Barke’, ‘Brenda’, ‘Chantal’, ‘Halla’, ‘Krona’, ‘Madeira’, ‘Madonna’, ‘Maresi’, ‘Minna’, ‘Pasadena’, ‘Ria’, ‘Sissy’, ‘Thuringia’ und 7 Stämme
- **Rph3+Rph12:** ‘Alexis’, ‘Madras’, ‘Meltan’, ‘Neruda’, ‘Scarlett’ und 6 Stämme
- **Rph7:** ‘Hanka’

Diese vertikalen Gene mit Ausnahme von *Rph7* werden von allen Isolaten überwunden. Die Sorte ‘Hanka’ sowie 4 Stämme haben eine in der Keimpflanze gegen alle Isolate vollwirksame Resistenz, zeigten aber im Feld bei Beginn der Reife kleine Pusteln. Für ‘Hanka’ kann auf Grund ihrer Abstammung angenommen werden, dass sie das Gen *Rph7* enthält. Das Niveau der quantitativen Resistenz ist in der Sommergerste relativ hoch. Von neun Prüfnummern war das Resistenzniveau signifikant besser als das von ‘Vada’. Nur zwei Muster waren gleich anfällig wie L94. Die besten Sorten waren ‘Barke’, ‘Meltan’ und ‘Prolog’.

### Weizen/Triticale

Auf Resistenz gegen Braunrost (*Puccinia recondita*) wurden 169 Winterweizen-, 8 Winterspelzweizen-, 40 Wintertriticale- und 32 Sommerweizensorten bzw. -linien getestet.

### Winterweizen

Mittels Keimpflanzenprüfung wurden folgende Resistenzgene bestimmt:

- **Lr1:** ‘Cortez’
- **Lr3:** ‘Bold’, ‘Mewa’, ‘Mikon’, ‘Ramiro’ und 5 Stämme
- **Lr10:** ‘Corvus’, ‘Kris’, ‘Piko’, ‘Xantos’ und 1 Stamm
- **Lr3 + Lr10:** ‘Dekan’, ‘Maverik’, ‘Moldau’, ‘Tower’ und 2 Stämme

- **Lr26** (Roggenresistenz): ‘Atlantis’, ‘Florida’, ‘Gorbi’, ‘Herzog’, ‘Jonas’, ‘Petrus’, ‘Previa’, ‘Tarso’, ‘Toronto’ und 4 Stämme
- **vertikale Resistenz**, die mit den verfügbaren Isolaten nicht bestimmt werden konnte: 10 Stämme

Im Versuchsfeld trat der Braunrost durch die trockene und warme Witterung im Mai spät auf. Es war auch zu beobachten, dass die Epidemie nicht vom Infektionsstreifen aus begann, sondern sich ein natürlicher Befall nesterweise ausbreitete. Später war ein starker, gleichmäßiger Befall im Bestand zu beobachten. Es wurden 4 Bonituren durchgeführt.

Die Sorten ‘Agent’, ‘Alidos’, ‘Aristos’, ‘Batis’, ‘Convent’, ‘Estica’, ‘Greif’, ‘Habicht’, ‘Hybnos 1’, ‘Kornett’, ‘Pegassos’, ‘Renan’, ‘Semper’, ‘Transit’ und 38 Stämme zeigten im Feld adult-plant-Resistenz, waren aber gegen alle für die Keimpflanzenprüfung genutzten Isolate anfällig. Adult-plant-Resistenz und *Lr26* besitzen ‘Certo’ und 4 Stämme. Adult-plant-Resistenz und *Lr10* enthalten ‘Classic’, ‘Reaper’ und 2 Stämme.

Für keine der Winterspelzweizensorten wurde vertikale Resistenz nachgewiesen. Alle getesteten Muster waren in der Feldprüfung signifikant besser als der anfällige Standard ‘Borenos’.

### Wintertriticale

Die Prüfungen wurden im Keimpflanzenstadium und im Feld nur mit Weizenisolaten durchgeführt. Für die Sorte ‘Piano’ wurde das Resistenzgen *Lr20* ermittelt. ‘Alamo’, ‘Binova’, ‘Boreas’, ‘Disco’, ‘Donatus’, ‘Focus’, ‘Kitaro’, ‘Lamberto’, ‘Modus’, ‘Mundo’, ‘Prego’, ‘Santop’, ‘Tricino’, ‘Trinidad’ und 18 Stämme waren als Keimpflanzen und im Feld gegen die Weizenisolate resistent.

### Sommerweizen

Mittels Keimpflanzenprüfung wurden folgende Resistenzgene bestimmt:

- **Lr1?:** ‘Anemos’
- **Lr3 + Lr10:** ‘Durafit’, ‘Durabon’, ‘Picolo’
- **Lr20:** ‘Attis’, ‘Fasan’, ‘Hanno’, ‘Quattro’, ‘Triso’

Die besten Sorten im Feldversuch waren ‘Jahn’, ‘Lavett’, ‘Star’ und ‘Velos’. Bei diesen 4 Sorten liegt eine adult-plant-Resistenz kombiniert mit vertikaler Resistenz vor.

### Abstract:

Characterization of cultivars and breeding material on resistance to *Puccinia hordei* (winter and spring barley) and *P. recondita* (winter and spring wheat) was carried out for of the Federal Office of Plant Varieties. 143 winter- and 76 spring barley cultivars or lines were tested with 4 determined 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 15 cultivars were found the gene *Rph1* respectively in 21 *Rph2*. In spring barley lines *Rph1*, *Rph2* but at most ‘Trumpf’-resistance, the gene *Rph3* and the combined resistance ‘Trumpf’ + *Rph3* were determined. In the field trials the Area Under the Disease Progress Curve

was determined. The best cultivars were 'Barke', 'Prolog' and 'Meltan'.

The tests with *P. recondita* were carried out in the seedling stage with 6 determined isolates and in the field by means of artificial infection with a race mixture. Adult-plant-resistance was found in 14 cultivars and 38 lines.

The resistance of 40 cultivars/lines of Triticale were tested only to wheat isolates. 14 cultivars and 18 lines were resistant.

The most of the spring wheat lines were susceptible in the seedling stage. Seven cultivars and 4 lines have a good level of adult-plant-resistance.

In Zusammenarbeit mit: BBA, Braunschweig, G. Bartels; Bundessortenamt, Hannover (BAZ-2319)

## 4. Molekulare Markeranalyse Molecular marker analysis

### 4.1. 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 ist die Reaktion der Blattlausgenotypen auf verschiedene Gerstenformen sowie die Übertragungseffektivität von BYDV zu überprüfen. 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* should be characterized with the help of molecular markers. Based on these results the reaction of the aphid genotypes to different as resistant and less susceptible respectively evaluated barley genotypes and the BYDV-transmission efficiency is to prove. The aim of these investigations is an optimizing of the method for evaluation of the aphid resistance and virus tolerance as well as a better knowledge about the reaction of evaluated barley genotypes concerning to the natural occurring aphid populations.

Ergebnisse:

Durch den Einsatz ausgewählter RAPD-Primer konnte in ersten Untersuchungen bereits eine relativ hohe genetische Diversität von *Rhopalosiphum padi* sowohl beim Vergleich unterschiedlicher geographischer Herkünfte als

auch innerhalb einzelner Blattlauspopulationen festgestellt werden.

Um diese offenbar vorhandene genetische Heterogenität näher beschreiben zu können, bedurfte es der Überprüfung einer größeren Anzahl von *R. padi*-Herkünften. Zu diesem Zweck wurden von Blattläusen, die von Landes-pflanzenschutzämtern eingesandt wurden, Klonzuchten angelegt und deren DNA anhand geeigneter RAPD-Marker (Dekaprimer; Fa. Roth) im Hinblick auf ihre Diversität untersucht. Durch Vergleich der Bandenmuster nach elektrophoretischer Auftrennung der in den PCR-Reaktionen erhaltenen DNA-Fragmente erfolgte eine Zuordnung der Klone. Anhand dieser Merkmale ließen sich die insgesamt 23 untersuchten geographischen Herkünfte (18 von verschiedenen Standorten in Deutschland; 1 aus Tschechien; 1 aus Österreich; 1 aus Bulgarien; 1 aus Russland; 1 aus Neuseeland) in 10 Gruppen einteilen. Es ist jedoch notwendig, durch die Suche und den Einsatz weiterer molekularer Marker diese vorläufige Gruppierung der *R. padi*-Genotypen zu bestätigen bzw. abzuschließen.

Darüber hinaus ist geplant, die Erkenntnisse im Rahmen einer deutsch-neuseeländischen Forschungskooperation (Dr. David Teulon, Crop & Food Research Institute; Christchurch) zu erweitern. Durch Abgleich der angewandten Methodik bei der RAPD-Analyse, Screening von weiteren RAPDs sowie den Einsatz alternativer molekularer Marker (Mikrosatelliten, SCAR) ist die Aussagekraft und Reproduzierbarkeit der Ergebnisse zu vervollkommen. Untersuchungen an Blattläusen aus Saugfallenfängen sollen klären, inwiefern und in welchem Maße Unterschiede in der genetischen Diversität der *R. padi*-Populationen in Abhängigkeit von der Jahreszeit (Neukombination des genetischen Materials in der sexuellen Vermehrungsphase) bestehen. Nach der Charakterisierung der Blattlausgenotypen sind vergleichende Untersuchungen zur Blattlausentwicklung an verschiedenen Gersten sowie zur Übertragung des BYDV-PAV und des *Cereal yellow dwarf virus* (CYDV-RPV) auf Gerste geplant, um hierdurch eventuelle Beziehungen zwischen Blattlausgenotyp, Blattlausresistenz und Virusübertragung zu finden.

Abstract:

By application of selected RAPD-primers in preliminary investigations a relatively high level of genetical diversity of *Rhopalosiphum padi* was found in comparing of different geographical origins as well as within single aphid populations.

For the detailed description of this obvious genetical heterogeneity it was necessary to check a greater number of *R. padi*-origins. For this purpose different aphid clones were established. By comparison of the electrophoretic patterns of the PCR-products an attachment of the clones was possible. By means of these characteristics 23 geographical origins (18 from Germany; 1 from Czech Republic; 1 from Austria; 1 from Bulgaria; 1 from Russia; 1 from New Zealand) were classified in 10 groups. Nevertheless it is necessary to prove this preliminary arrangement in searching and applying accessory molecular markers.

It is planned to extend these experiences by a bilateral German-New Zealandian research cooperation (Dr. David



Teulon, Crops & Food Research Institute; Christchurch). The evidence and reproducibility of the results is to improve by checking the applied methods in RAPD-analysis, screening of further RAPDs as well as applying of alternative molecular markers (microsatellites, SCAR).

After characterization of the aphid genotypes these will be applied for comparing transmission experiments of *Barley yellow dwarf virus* (BYDV-PAV) and of *Cereal yellow dwarf virus* (CYDV-RPV) on barley to find out a possible correlation between vector genotype, aphid resistance and virus transmission.

(BAZ-2334)

# Genbank

## Gene Bank

### Braunschweig

Der Mensch verändert in immer stärkerem Maße seine Umwelt und verursacht hierdurch den Verlust pflanzengenetischer Ressourcen. Obwohl die Bedeutung pflanzengenetischer Ressourcen für eine nachhaltige landwirtschaftliche Erzeugung allgemein anerkannt wird, nimmt die genetische Vielfalt in der Landwirtschaft weltweit ab. Gene oder Genkomplexe, die heute oder in Zukunft zur Sortenzüchtung benötigt werden und der Landwirtschaft nutzen können, gehen unwiederbringlich verloren. Während der 4. Internationalen Technischen Konferenz über Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (PGRFA) der FAO in Leipzig (1996) wurde deshalb ein Maßnahmenkatalog (Weltaktionsplan, GPA) für die Sicherung gefährdeter pflanzengenetischer Ressourcen verabschiedet. Als Fachministerium ist das BMVEL in besonderem Maße zur Umsetzung der Empfehlungen des GPA auf nationaler Ebene verpflichtet. Hierbei unterstützt die BAZ Genbank das BMVEL durch

- die Ex-situ-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen von Kulturpflanzen im Rahmen der nationalen und internationalen Kooperation
- die Bereitstellung von Informationen sowie Saat- und Pflanzgut zum Zweck der Forschung und Nutzung durch Partner im In- und Ausland und durch
- die Ressortberatung in Zusammenhang mit der Entwicklung nationaler Rahmenprogramme.

Ex-situ-Sammlungen sind ein sehr wichtiges Instrument zur Sicherung akut gefährdeter genetischer Ressourcen. Die Lagerkapazität von Genbanken ist jedoch begrenzt. Angesichts der fortschreitenden genetischen Erosion werden deshalb in jüngerer Zeit Konzeptionen zur In-situ und On-farm-Bewirtschaftung pflanzengenetischer Ressourcen erforscht und entwickelt. Die Erhaltung genetischer Ressourcen soll künftig stärker im Natur- und Landschaftsschutz („in situ“) und in der landwirtschaftlichen Produktion („on farm“) berücksichtigt werden. Die damit in Zusammenhang stehenden Forschungsaufgaben sind langfristig und umfangreich. Im Jahr 2000 wurde deshalb eine Aufgabenteilung zwischen dem Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) und der BAZ im Bereich der Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen vorgeschlagen, um Ressortkapazität für wissenschaftliche Untersuchungen über In-situ- und On-farm-Bewirtschaftungsmaßnahmen bereitstellen zu können. Es ist geplant die Sammlungs- und Datenbestände der BAZ Genbank in den Bestand der IPK Genbank zu überführen und die BAZ Genbank künftig von Aufgaben im Bereich der Ex-situ-Erhaltung zu entlasten. Bis zur Überführung der Sammlungs- und Datenbestände nimmt die BAZ Genbank alle Funktionen einer Ex-situ-Sammlung wahr.

Die Genbank pflegt zahlreiche Kontakte zu Nutzern im In- und Ausland sowie Kontakte zu europäischen und internationalen Organisationen wie IPGRI und FAO. Sie beteiligt sich an bilateralen Projekten im Rahmen der Ressortforschung mit Partnern in den USA, Kanada und Russland, an EU Projekten im Rahmen der EU Verordnung 1467/94 und insbesondere am Deutsch-niederländischen Programm für pflanzengenetische Ressourcen. Darüber hinaus beteiligt sich die BAZ Genbank an Aktivitäten des European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks (ECP/GR) durch Bereitstellung von Informationen, durch die Beteiligung an sowie die Organisation von Arbeitstagen.

Mankind is increasingly and severely changing its environment and thereby causes world-wide the loss of plant genetic resources. Although the importance of plant genetic resources for a sustainable agricultural production is commonly recognized, the genetic diversity is diminishing world-wide in agriculture. Genes or gene complexes which may be needed for variety development and could be

useful for agriculture now and in future, are irretrievably lost. During the 4th International Technical Conference on Plant Genetic Resources held in Leipzig (1996) the Global Plan of Action (GPA) for the conservation and sustainable use of plant genetic resources for food and agriculture was passed. As the competent ministry, the Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL) is particularly committed to the implementation of the recommendations of the GPA at the national level. Here the BAZ Gene Bank supports the BMVEL by

- maintaining plant genetic resources for food and agriculture in the framework of the national and international co-operation
- provision of information as well as germplasm to partners in Germany and abroad for research and utilisation purposes and
- scientific advice to aid BML in the development of national framework programmes.

Ex-situ-collections are an very important means for safeguarding acute endangered genetic resources. The storage capacity of genebanks is however limited. In view of the progressing genetic erosion in situ and on farm management concepts are being investigated and developed more recently. The maintenance of plant genetic resources will more seriously be considered in nature and landscape protection programmes ('in situ') and in agricultural production ('on farm'). In this context substantial and long-term research is required. In the year 2000 the BAZ and the Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) suggested to share tasks in the field of plant genetic resources maintenance with the aim to gain research capacity for in situ and on farm management measures. It is planned to transfer the BAZ Gene Bank germplasm and data collection to the IPK Genebank and to relieve the BAZ Gene Bank from the management of an ex situ holding. Up to the definite transfer of the collection the BAZ Gene Bank will continue to carry out all functions of an ex situ collection.

The Gene Bank maintains numerous contacts with users in Germany and abroad as well as close contacts to European and international organisations such as IPGRI and FAO. It is engaged in bilateral co-operations with the USA, Canada, and Russia, in projects funded through the EU council regulation 1467/94 and in particular in the German-Dutch programme for plant genetic resources. In addition the BAZ Gene Bank contributes to the European Programme for Crop Genetic Resources Networks (ECP/GR) through provision of information, through participation in working group meetings and through the organisation of workshops.

## **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.; Baars-Hibbe, O.

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 und verfolgt damit zwei unterschiedliche Ziele: a) die Erhaltung gefährdeter pflanzengenetischer Ressourcen im Rahmen der internationalen Arbeitsteilung und b) die Bereitstellung genetischer Ressourcen für die Züchtungsforschung und Sortenzüchtung.

World-wide plant genetic resources for food and agriculture are lost. The BAZ Gene Bank collects and reproduces seed and planting material of crops and related wild species and pursues thereby two different targets: a) the preservation of endangered plant genetic resources in the context of the international task sharing and b) the supply of genetic resources for the breeding research and variety breeding.

Ergebnisse:

Die Routinearbeiten zur Erhaltung und Charakterisierung pflanzengenetischer Ressourcen, insbesondere bei Getreide und *Beta*-Rüben, wurden fortgesetzt. Im Vergleich zum Vorjahr nahm die Anzahl von Materialanforderungen und Informationsanfragen ab. Diese Entwicklung ist vermutlich eine Reaktion der Nutzer auf die geplante Gründung einer zentralen Genbank in Gatersleben. Bei *Brassica*, *Daucus* und *Hordeum* werden die Routinearbeiten durch EU Teilprojekte verstärkt

Im Rahmen des Routineprogramms wurden im Jahr 2000 im Feldanbau 422 Muster, davon 337 Getreidemuster vermehrt. Durch Änderung des Prüfverfahrens wurde die routinemäßige Saatgutkeimfähigkeitsprüfung in qualitativer Hinsicht verbessert. Die Anzahl geprüfter Muster betrug in diesem Jahr 2124. Abgesehen von den als Saatgut gelagerten 48.232 Genbankmustern werden gegenwärtig 517 Kartoffelklone in flüssigen Stickstoff und 291 Klone als *In vitro*-Kulturen erhalten. Durch Unterstützung seitens des Institutes für Pflanzenbau der FAL konnten 100 weitere Herkünfte der Sammlung alter europäischer Kulturkartoffelsorten in die Cryokonservierung überführt werden.

Im Vergleich zum Vorjahr nahm im Jahr 2000 die Abgabe von pflanzen genetischer Ressourcen ab (4939 Muster, Stichtag 01.12.2000). Insgesamt wurden 177 externe Anfragen nach Informationen und/oder Saatgut bearbeitet. Tabelle 1 zeigt die seit 1985 fortgeschriebene Abgabestatistik.

Tab. 1: Abgabestatistik der Genbank (Anzahl Muster)  
Tab. 1: 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>Summe</b>	<b>129181</b>	<b>69898</b>	<b>59283</b>

Als Partner des EU Projektes GENRES CT 109/112 ist die Genbank für die Vermehrung und Charakterisierung von Raps zuständig. In der Vegetationsperiode 1999/2000 wurde in Isoliergewächshäusern Saatgut auf 10 Herkünften erzeugt und es wurden weitere 21 zur Saatgutproduktion im Jahr 2001 angebaut. Für die Charakterisierung von Winterraps wurden 57 Herkünfte im Feld angebaut. Seit Anfang des Jahres beteiligt sich die BAZ Genbank am EU Projekt GENRES CT99 105 ‚Daucus‘ mit Charakterisierungs- und Vermehrungsarbeiten. 25 Herkünfte und 3 Standardsorten wurden in zweifacher Wiederholung angebaut, 14 Merkmale bonitiert und die Wurzelform und -farbe photographisch dokumentiert. Im Rahmen des EU Projektes GENRES CT98 104 vermehrte und charakterisierte die BAZ Genbank zusätzlich 250 Gerstenmuster, darunter 73 Fremdmuster.

#### Abstract:

The maintenance and characterisation of PGR was continued as in previous years, particularly with cereals and *Beta*. Compared to the year before, the number of germplasm and information requests decreased. This development may be explained as user's response to the planned establishment of a central genebank at Gatersleben. In

*Brassica*, *Daucus* and *Hordeum* routine activities are strengthened by EU subprojects.

(BAZ-8001, 8005, 8006, 1152)

## 1.2. Deutsch-niederländische Kooperation German-Dutch cooperation

Frese, L.; Ziegler, D.

#### Zielsetzung/Aim:

Die optimale Nutzung vorhandener Mittel und Expertise ist das Hauptziel der Kooperation.

The optimal use of available means and expertise is the principal purpose of the cooperation.

#### Ergebnisse:

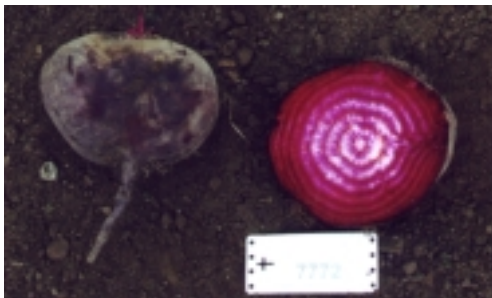
Im deutsch-niederländischen Kooperationsprogramm sind internationale Aktivitäten wie die „Association of Potato Intergenebank Collaborators“ (APIC) mit der dazugehörigen „Intergenebank Potato Database“ (IPD) sowie das „World Beta Network“ (WBN) und die „International Database for *Beta*“ (IDBB) verankert. Der niederländische Partner (CPRO-DLO CGN) ist für die Erhaltung und Abgabe von Material und Informationen von samenvermehrten Wild- und Primitivformen der Kartoffel zuständig, während die Braunschweiger Genbank analog für die gemeinsame Sammlung von *Beta*-Rüben, für die Kulturkartoffelsammlung und die Gattung *Cichorium* verantwortlich ist.

Für die Erhaltung und Bereitstellung der deutsch-niederländischen Sammlung der Gattung *Cichorium* ist der deutsche Partner zuständig. Die Erhaltung der Sammlung wird von niederländischen Pflanzenzüchtungsunternehmen stark unterstützt. Zwei der über die EU Richtlinie 1467/94 für pflanzen genetische Ressourcen geförderten Projekte (*Beta* und Kartoffel) werden durch die Partnerinstitute der deutsch-niederländischen Zusammenarbeit koordiniert. Am *Beta* Projekt sind 11 Partner beteiligt. In Hanfstreifen und in Isoliergewächshäusern wurden 77 Muster fremdbefruchtender *Beta*-Rüben zur Saatguterzeugung für Partner im Projekt GENRES CT95 42 angebaut. Am Braunschweiger Standort wurden für die Suche nach Duplikaten 258 Muster der Futterrübe bzw. Roten Bete im Feld angebaut und beschrieben (Abb. 1 a und b).

Eine zweite Saatgutcharge der gleichen Muster analysiert der Projektpartner in Birmingham (England) mittels AFLP Marker. Ersten Ergebnissen zufolge enthält die europäische *Beta* Sammlung weniger Duplikate als erwartet. Als zentrale Datenbank in einem Netzwerk von 28 dezentral gelagerten Sammlungen in Europa, den USA sowie in West- und Ostasien dient die Internationale Datenbank für *Beta* (IDBB) als Projektmanagementinstrument. Die IDBB enthält Passportdaten dieser Sammlungen mit einem Gesamtdatenbestand zu derzeit 10579 Mustern. Auf der Grundlage der Passportdaten wurde eine „Synthetic *Beta* Core Collection“ entwickelt, die im Verlauf des EU Projektes GENRES CT95 42 zur Vermehrung und Evaluierung an Projektpartner abgegeben werden. Die BAZ

Genbank testete in diesem Jahr 119 Projektmuster auf Keimfähigkeit und verschickte insgesamt 508 Saatgutproben zur Evaluierung. Herkünfte mit Resistenz gegen pilzliche Schaderreger und Virose wurden gefunden. Ein wesentliches Ziel des *Beta*-Rüben Projektes ist die Evaluierung von 600-800 Mustern auf 10 biotische/abiotische Stressfaktoren. Das Interesse der Projektpartner konzentriert sich auf Muster, die zur Entwicklung von Zuchtmaterial mit Resistenz gegen *Aphanomyces cochlioides*, *Pythium ultimum*, *Rhizoctonia solani*, *Cercospora beticola*, Vergilbungsvirus (BYV) oder BNYVV geeignet erscheinen.

a)



b)



Abb.1: Duplikatsuche zur Rationalisierung von Sammlungsbeständen. Muster mit ähnlicher Kennzeichnung können sich z. B. hinsichtlich der Wurzelfärbung unterscheiden. a) Crosby Egyptian (ACCID7772), b) Crosby's Egyptian (ACCID7380)

Fig.1: Search of duplicates for rationalisation of holdings. Accessions with similar designations can for example differ in root colouration. a) Crosby Egyptian (ACCID7772), b) Crosby's Egyptian (ACCID7380)

Das GENRES CT95 42 Projekt findet auch außerhalb Europas Interesse. Vor allem im Bereich der „core collection“ wird eine stärkere internationale Zusammenarbeit angestrebt. Eine kleine internationale Expertengruppe mit jeweils einem Repräsentanten aus England, den USA und der Türkei erarbeitet derzeit unter der Leitung der BAZ Genbank eine „International *Beta* Core Collection“.

Abstract:

Within the German-Dutch co-operative programme international activities like the „Association of Potato Intergenebank Collaborators“ (APIC) with its „Intergenebank Potato Database“ (IPD) as well as the „World *Beta* Network“ (WBN) and the „International Database for *Beta*“ (IDBB) are being implemented. The Dutch partner is responsible for the maintenance, seed and information exchange of the joint collection of wild and primitive potatoes, while the Gene Bank at Braunschweig manages likewise the joint collection of *Beta*. In addition, the German partner is responsible for the maintenance of the European collection of obsolete potato varieties and the genus *Cichorium*.

(BAZ-8003, 8004)

### 1.3. GABI-BEET Unterprojekt „Spaltende Populationen“

**GABI-Beet subproject “segregating populations”**  
Frese, L.; Ziegler, D.

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:

Die BAZ Genbank verfügt über langjährige Erfahrungen auf dem Gebiet der Kultur von Wildrüben. Diese Kenntnisse sind für das Kooperationsvorhaben GABI-BEET nützlich. Im Rahmen der Projektes stellt die Genbank spaltende Populationen her, die vom Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Universität Kiel für Kartierungsarbeiten benötigt werden.

Das Projekt begann in diesem Jahr. Geplant sind weite Kreuzungen zwischen den Arten *B. macrorhiza* x *B. lomatogona*, *B. procumbens* x *B. webbiana* sowie *B. patellaris* x Zuckerrübe. Vom zwei bis mehrjährigen Material wurden bereits 1999 Pflanzen vorkultiviert und durch die Anzucht anderer Pflanzen wurde das Kreuzungsmaterial im Berichtsjahr ergänzt. Aus einem umfangreichen Pflanzenbestand ausgelesene typische ‚procumbens‘ bzw. ‚webbiana‘ Einzelpflanzen blühen zur Zeit als Paarkreuzungen isoliert ab. Zwei der ‚procumbens‘ Pflanzen erwiesen sich als männlich steril, andere als stark selbstincompatibel, so dass auf eine Handkastration der Mutterpflanzen verzichtet werden konnte.



Abb. 2: Typische Blattform der Art *Beta webbiana* (a) und *Beta procumbens* (b)

Fig. 2: Typical leaf shape of the species *Beta webbiana* (a) and *Beta procumbens* (b)

#### Abstract:

Owing to many years of work on the maintenance of beet genetic resources the BAZ Gene Bank holds specific experiences in the field of cultivation of wild beets. This knowledge is useful to the cooperative project. Within the framework of GABI-BEET the genebank produces segregating populations which are required by the University of Kiel, Institute of Crop Science and Plant Breeding for genome analysis.

(BAZ-8009)

## 2. Dokumentation und Controlling Documentation and Controlling

Germeier, C.; Frese, L.; R. Krauß

#### Zielsetzung/Aim:

Das Informationssystem der BAZ Genbank ist von zentraler Bedeutung für das interne technische und organisatorische Management der Genbank. Die Arbeitsgruppe pflegt und ergänzt zum Nutzen der Züchtungsforschung und Sortenzüchtung seit 30 Jahren Sammlungsdaten. Neben der Datenhaltung und Datenübermittlung an Nutzer im In- und Ausland besteht das Hauptziel in der Weiterentwicklung und Verbesserung des Systems insbesondere in Bezug auf die Dokumentation und Bereitstellung von Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten.

The information system of the BAZ Gene Bank is of central importance for the internal technical and organizational management of the genebank. The working group maintains and supplements for the benefit of the breeding research and variety breeding collection data since 30 years. Apart from the data maintenance and data transfer

to users at home and abroad the principal purpose exists in particular in the advancement and improvement of the system regarding the documentation and supply of characterisation and evaluation data.

#### Ergebnisse:

Der Schwerpunkt der Arbeiten in der Gruppe Datendokumentation lag im Jahr 2000 in der Reorganisation der internationalen Datenbanken für *Beta* (IDBB) und *Avena* (EADB). Mit beiden Fruchtarten ist die BAZ Genbank in Projekte der EU-Richtlinie 1467/94 involviert. Aus dem *Beta*-Projekt sind zahlreiche Evaluierungsergebnisse in der IDBB zu dokumentieren. Hierzu wurde das übernommene Datenmodell stark erweitert und in Oracle 8.05 implementiert. Die IDBB besteht gegenwärtig aus 8 Tabellen für Passport-, 17 für Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten sowie weiterer Informationen (Deskriptoren, Methoden, Versuchsanstellung), 7 für die Referenzierung von Literatur zu Passport- und Evaluierungsdaten sowie taxonomischen Angaben und 4 für Adress- und Länderangaben. Es wurden für Access 97 Eingabemasken realisiert, die umfangreiche Duplikats- und Konsistenzprüfungen bei der Eingabe von Experimenten, Versuchsanstellern, Deskriptoren, Charakterisierungs- und Evaluierungsmethoden vornehmen. Das Einlesen der Beobachtungsdaten aus Excel-Kalkulationstabellen wurde weitgehend automatisiert.

Das *Avena* Projekt wurde in diesem Jahr mit ersten Vermehrungsanbauten begonnen. Anhand von Passport-Angaben in der EADB wurden mehr als 2000 Muster aus 20 europäischen Genbanken für das Projekt in eine Projektdatenbank selektiert, wovon 800-1000 während der Projektlaufzeit vermehrt und evaluiert werden sollen. Die Muster wurden nach folgenden Kriterien ausgewählt:

1. Angabe des Bearbeitungsstatus (sample status) Land-sorte/traditionelle Sorte (Abb. 3)
2. Namen, die auf Landsortenmaterial schließen lassen ("\*local\*", "\*land\*", "\*lant\*", )
3. Namen, die auf einen regionalen Bezug hinweisen (z. B. *Avena* de Boruca, Kazanskii Polbyanoi, Krymskii, Lueneburger Kley, Oberpfälzer Unterried, Noire des Ardennes, Rouge De Montagne)
4. Sortennamen, auf die Hinweise in der älteren Literatur zu finden waren.

Anhand der angegebenen Quellen konnten bisher 46 Sorten, repräsentiert durch 121 Muster auf das 19. Jhdt. zurück verfolgt werden. 102 Sorten, repräsentiert durch 354 Muster stammen aus der Zeit vor 1930.



Abb. 3: Bei Nürnberg um 1830 angebauter Hafer. Die Landsorte wird durch einen Landwirt ‚on farm‘ erhalten

Fig. 3: Oat grown at Nürnberg around 1830. The land race is maintained by a farmer ‘on farm’

Zur Vorbereitung der Evaluierungsarbeiten wurden die Deskriptoren und Methoden nach IBPGR (1985), UPOV (1976) und Bundessortenamt (1996) in die EADB eingegeben und den Entwicklungsstadien nach der BBCH-Skala (Meier 1997) zugeordnet. Nach diesen Kriterien wurden im Berichtsjahr 330 Muster im Feldanbau teilweise beschrieben.

Starke Impulse für die Weiterentwicklung der internationalen Fruchtartendatenbanken an der BAZ Genbank gehen von einer Kooperation mit dem PGRC (Plant Gene Resources of Canada) und dem GRIN (USDA Germplasm Resources Information Network) zum Aufbau einer internationalen *Avena* Datenbank (IADB) aus. Die zusammengefasste Datenbank wird Angaben zu 27.209 *Avena* Mustern der kanadischen Genbank, 24.429 Mustern des US-National Germplasm System und 34.916 Mustern aus europäischen Mustern enthalten. Da die Entwicklung des zentralen amerikanischen Informationssystems, welches auch in Kanada übernommen wurde, teilweise unter anderen Gesichtspunkten als die Entwicklung der europäischen Informationssysteme erfolgte, ergeben sich aus der Verschneidung beider Systeme viele Aspekte zur Erweiterung und Verbesserung des Designs.

Ein erster Schwerpunkt der Zusammenarbeit liegt in der Erweiterung der Möglichkeiten zur Erfassung taxonomischer Angaben bei der Gattung *Avena*. Mit dem Vavilov Institut konnten diesbezüglich erste Kooperationsvereinbarungen erzielt werden.

#### Abstract:

In the year 2000, the main point of work of the data documentation group lay on the reorganisation of the international/European databases for *Beta* (IDBB) and *Avena* (EADB). With both crops the BAZ Gene Bank is involved in projects under EU council regulation 1467/94. From the *Beta* project numerous data evaluation results to be documented in the IDBB. The EADB is to be prepared for starting the *Avena* of project in particular with respect to the central documentation of characterization and evaluation data recorded by partners. With Canadian and US-american partners a cooperation was started on setting

up of an international *Avena* database, into which also the Vavilov Institute is to be merged.

(BAZ-8002, 8003, 8008)

# Institut für Obstzüchtung

## Institute of Fruit Breeding

### Dresden

Am 13. Juli 2000 wurde das Laborgebäude des Instituts für Obstzüchtung Dresden-Pillnitz durch die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen offiziell in Betrieb genommen. Nachdem am 17. Juni 1997 zwischen dem Freistaat Sachsen und der Bundesrepublik Deutschland eine Verwaltungsvereinbarung über die Aufrechterhaltung des Instituts für Obstzüchtung am Standort Dresden-Pillnitz unterzeichnet worden war, hatte sich der Freistaat Sachsen zum Herrichten des Laborgebäudes verpflichtet. So ist nunmehr ein modernes Laborgebäude entstanden, das durch den Bund eine völlig neue Ausstattung erhielt. In absehbarer Zeit wird dann eine weitere Baumaßnahme für das Institut seiner Nutzung übergeben werden: der Neubau einer Versuchsgewächshausanlage einschließlich Funktionsgebäude für den Gewächshausbetrieb und Außenanlagen für die Kultivierung von Pflanzen.

Für die Mitarbeiter/innen des Standortes Dresden-Pillnitz stehen nun modernste Arbeitsbedingungen zur Verfügung, die wiederum die besten Voraussetzungen schaffen, die bisher erfolgreichen und international anerkannten wissenschaftlichen Forschungsarbeiten des Instituts fortzusetzen.

Eine enge Zusammenarbeit verbindet das Institut mit der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft, der Genbank Obst des Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben und den „grünen“ Bereichen der Hochschule für Technik und Wirtschaft am „Grünen Standort Pillnitz“.

Ziel der Arbeiten des Instituts für Obstzüchtung ist es, für den umweltschonenden Obstbau Sorten und Unterlagen bei Baum- und Beerenobst zu züchten. Diese Zielstellung basiert auf einem Forschungskonzept, das eine Verknüpfung klassischer Zuchtverfahren, Methoden der Zell- und Gewebekultur, gentechnischer Verfahren und molekularer Techniken beinhaltet.

Im Jahre 2000 wurden im Institut für Obstzüchtung folgende Beiträge geleistet:

### Arbeiten zur klassischen Züchtung

Die Forschungsarbeiten am Institut richten sich vor allem auf die Hauptobstart Apfel. Trotz personellem Wechsel in der wissenschaftlichen Bearbeitung konnten im Berichtsjahr auch die praktischen Arbeiten auf dem Gebiet der Kirschenzüchtung ohne Verzögerung fortgesetzt werden. In der Beerenobstzüchtung konzentrierten sich die Arbeiten im Wesentlichen auf die Obstart Erdbeere. Wichtigstes Ziel der Arbeiten auf dem Gebiet der Obstzüchtung sind die Selektion, Prüfung und Freigabe von Sorten für den Anbau, die sich durch Ertragssicherheit, ausgezeichnete Fruchtqualität und Widerstandsfähigkeit gegenüber biotischen und abiotischen Faktoren auszeichnen.

Die Registerprüfungen zur Erteilung des Sortenschutzes wurden bei Apfel im Jahr 2000 für die Re-Sorte® 'Regia' (Abb. 1) beim Bundessortenamt abgeschlossen und Sortenschutz erteilt. Aus der Pillnitzer Züchtung wurden 2000 bei Apfel 15 neue Zuchtstämme für Bundessortenversuche und Leistungsprüfungen an 16 Standorten in Deutschland in die Anzucht genommen. Im Verlauf der 26-jährigen Resistenzzüchtung bei Apfel gegenüber Feuerbrand (*Erwinia amylovora*) konnten nach wiederholter Resistenzprüfung 5 Zuchtstämme mit hoher, stabiler Resistenz bestätigt werden, die gleichzeitig resistent gegen Schorf und Mehltau sind. Untersuchungen zur Stabilität der Schorffresistenz bestätigten 2000 die bisherigen Ergebnisse an den Standorten der Bundessortenversuche in Deutschland. In der Steinobstzüchtung wurden die Selektionsarbeiten bei Süß- und Sauerkirsche fortgesetzt. Die Kirschen-Unterlage Piku 4 befindet sich noch in der Registerprüfung zur Erteilung des Sortenschutzes.



Abb. 1: 'Regia' – eine neue resistente Pillnitzer Apfelsorte mit Schorffresistenz von *M. pumila* (Vr)  
Fig. 1: 'Regia' – a new resistant apple variety from Pillnitz with scab resistance from *M. pumila* (Vr)



Basierend auf den Ergebnissen der Selektionsarbeiten auf dem Gebiet der Erdbeerzüchtung wurde im Jahr 2000 der Zuchtklon 'Pillnitz 11' ausgewählt und zum Sortenschutz beim Bundessortenamt angemeldet. Dieser Zuchtklon ist für den Erwerbsobstbau geeignet, später reifend als die Standard-sorten 'Elsanta' und widerstandsfähig gegenüber pilzlichen Erkrankungen. Für die in der Registerprüfung für die Erteilung des Sortenschutzes befindlichen Erdbeerzuchtklone aus Pillnitz wurden folgende Sortenbezeichnungen beantragt: Pillnitz 1 – 'Fraroma' (mit ausgezeichnetem Aroma), Pillnitz 16 – 'Frabella' und Pillnitz 11 – 'Frasanta' (abstammend von 'Elsanta').

Als Ergebnis der züchterischen Arbeiten bei Himbeere wurde im Jahre 2000 für zwei Neuzüchtungen mit der vorläufigen Bezeichnung C1/64 und C1/16 der Sortenschutzantrag gestellt. Beide Zuchtklone stammen von der Sorte 'Autumn Bliss' ab, zeichnen sich jedoch durch eine größere Frucht aus.

### Biotechnologisch-gentechnische Methoden

In der Mikrosporenkultur bei Apfel konnte das erarbeitete Protokoll erfolgreich auf weitere Donorgenotypen übertragen werden (Abb. 2). Ein Vergleich zur Antherenkultur zeigte eine mögliche Steigerung der Effizienz der Embryoinduktion bis zum 10-fachen. 24 homozygote Linien aus der Haploidenerzeugung bei Apfel stehen zum gegenwärtigen Zeitpunkt als Veredlungen in der Baumschule bzw. im Versuchsfeld. Durchgeführte Fruchtanalysen an Linien parthenogenetischen Ursprungs über die gesamte Lagerperiode belegten eine starke Variation zur Donorsorte.

Aus den Arbeiten zur Übertragung nicht-pflanzlicher Gene in Apfel mit dem Ziel der Verbesserung der Resistenz gegenüber bakteriellen und pilzlichen Schaderregern stehen veredlungsfähige Pflanzen im Gewächshaus für weitere Untersuchungen zur Stabilität der Genexpression zur Verfügung (Abb. 3). In diesem Jahr wurden 71 verschiedene transgene Linien hergestellt, die ein EPS-Depolymerase-Gen aus einem Bacteriophage exprimieren und auf Resistenz gegenüber dem Erreger des Feuerbrandes, *Erwinia amylovora*, zu untersuchen sind. Erste Resistenzprüfungen konnten mit Hilfe eines *In-vitro*-Tests unter Verwendung von fluoreszenzmarkierten *Erwinia*-Bakterien realisiert werden.

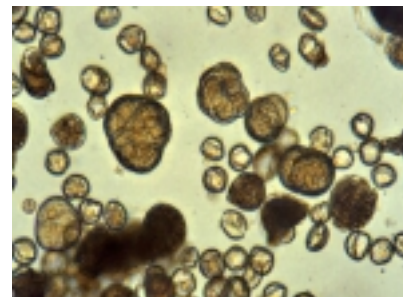


Abb. 2: Mikrosporenkultur bei Apfel – Induktion sporophytischer Teilungen  
Fig. 2: Microspore culture in apple – Induction of sporophytic divisions



Abb. 3: Transgene Apfelpflanzen im Gewächshaus  
Fig. 3: Transgenic apple plants in the greenhouse

### Molekulargenetische Methoden

Die Arbeiten zur Entwicklung von DNA-Markern für die Identifizierung von Resistenzgenen gegen *Venturia inaequalis* (Apfelschorf) und *Podosphaera leucotricha* (Apfelmehltau) bei Apfel wurden im Berichtsjahr dank der Besetzung einer vakanten Wissenschaftlerstelle wieder aufgenommen. Eine wesentliche Aufgabenstellung für das Institut wird darin bestehen, diese Arbeiten intensiv zu unterstützen, um Ausgangsmaterial für die Züchtung molekular beschreiben und DNA-Marker in der Selektion anwenden zu können.

The reconstructed Laboratory of the Institute of Fruit Breeding of the Federal Centre of Breeding Research on Cultivated Plants was taken into operation on July, 13<sup>th</sup> 2000. Based on an administrative contract from June, 17<sup>th</sup> 1997, between Saxony and the Federal Republic of Germany about the maintenance of the Institute of Fruit Breeding at the location Dresden-Pillnitz, the Saxon State was obliged to reconstruct the laboratory building. A modern Laboratory was built and a completely new equipment was supplemented by means of the Federal State. In the foreseeable future, additionally a new experimental greenhouse complex including the administrative building and outdoor facilities for plant cultivation will be handed over to the Institute.

From this year, at Dresden-Pillnitz best working conditions available for the Institute's staff which are the basis to continue a successful scientific research well-known also at the international level.

The main objective of research performed at the Institute of Fruit Breeding is the selection of scion and rootstock cultivars in top fruit and small fruit species for an ecological friendly fruit production. This aim is achieved by an integrated research concept of combining classical cross breeding, cell and tissue culture, genetic engineering and molecular methods.

In 2000, the following scientific contribution was achieved at the Institute of Fruit Breeding:

### **Conventional breeding**

Most research projects are focused on the main fruit species, the apple. Despite changes in the scientific responsibility, breeding research in cherries was continued without any delay. In small fruit species selection was emphasized on strawberry. Main topic in classical breeding is selection, evaluation and recommendation of new varieties for the fruit grower which are prized by high and stable yielding, excellent fruit quality and resistance to biotic and abiotic factors.

In apple breeding, for the Re-cultivar 'Regia' (Figure 1) the trials to apply for Plant Breeders' Rights were completed at the Federal Office of Plant Varieties in 2000. 15 new breeding clones were selected in apple for Federal growing trials at 16 locations in Germany. As a result of 26 years of research in breeding for resistance to fire blight, the high and stable resistance was confirmed for 5 breeding clones. The stability of scab resistance evaluated in different trials corresponded with previous results.

In stone fruit breeding, selection was focused on sweet and sour cherry cultivars. The cherry rootstock Piku 4 is still in trials to apply for Plant Breeders' Rights at the Federal Office of Plant Varieties.

In strawberry breeding, the new selection 'Pillnitz 11' was released and applied for Plant Breeders' Rights in 2000. This selection is suitable for commercial growers, later ripening as the standard 'Elsanta' and resistant to fungal diseases. For the new selections of strawberry originated from the Pillnitz breeding programme the following names were proposed: Pillnitz 1 – 'Fraroma', due to the excellent flavor ('aroma'), Pillnitz 16 – 'Frabella' and Pillnitz 11 – 'Frasanta', originating from 'Elsanta'.

Breeding in raspberry resulted in the application for Plant Breeders' Rights for two new selections C 1/64 and C 1/16 in 2000. Both selection were selected in progenies of 'Autumn Bliss', obtaining a larger fruit size.

### **Biotechnological methods and genetic engineering**

The protocol developed for microspore cultures in apple was successfully applied to other genotypes (Figure 2). Comparing microspore culture and anther culture, the efficiency of embryo induction was improved up to 10-fold. At present, 24 homozygous lines originated from the haploidization programme in apple were planted as grafted trees into the nursery or in the field. Analysis in fruits obtained from lines of parthenogenic origin, showed a large variation during storage compared to the mother genotype used.

As a result of transformation in apple to improve the resistance to bacterial and fungal diseases using non-plant genes, different lines are growing in the greenhouse ready to be planted and evaluated for stability of gene expression (Figure 3). This year, 71 different transgenic lines were produced bearing the EPS-depolymerase gene from a bacteriophage which have to be evaluated for resistance to fire blight. Preliminary evaluation of resistance was realized using an *in vitro* inoculation of fluorescence-labeled *Erwinia* bacteria.

### **Moleculargenetic methods**

Research on the development of DNA markers for the identification of resistance genes to *Venturia inaequalis* (scab) and *Podosphaera leucotricha* (mildew) in apple was resumed. This work is focused on the diagnosis of resistance genes in basic material for breeding purposes and on the application of DNA markers in the selection process.

# 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 resistance to *Venturia inaequalis*, *Podosphaera leucotricha*, *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae* and *Panonychus ulmi* combined with high product quality**

Fischer, C.

### Zielsetzung/Aim:

Das langjährige Apfelzüchtungsprogramm beinhaltet: Züchtung neuer Apfelsorten mit hoher Resistenz gegen biotische und abiotische Schadfaktoren, mit hoher Fruchtqualität und hohem 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 in Pillnitz 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, screening of heritability of breeding objectives.

### Ergebnisse/Results:

Im Jahr 2000 wurden im Bundessortenamt die Registerprüfungen zur Erteilung des Sortenschutzes für die Re-Sorte® 'Regia' abgeschlossen. Die befruchtungsbiologischen Arbeiten für die Neuzüchtungen wurden fortgesetzt. Für die Re-Sorten® 'Rebella', 'Regia' und 'Regine' wurden Befruchtensorten ermittelt. In neue Bundessortenversuche an 16 Standorten in Deutschland wurden 15 Zuchtstämme aus Pillnitz für die Leistungsprüfung aufgenommen. In Untersuchungen zur Stabilität der Schorfresistenz wichtiger resistenter Apfelsorten des In- und Auslandes konnten die Ergebnisse der Vorjahre bestätigt werden. Eine sehr frühe Schorfinfektion bereits in der Apfelblüte führte 2000 wiederum an zwei Standorten, in Mecklenburg und Niedersachsen, zu Schorfbefall an einigen in- und ausländischen resistenten Sorten. Durch wenige Fungizidspritzungen konnten der Schorfbefall bekämpft und weitere Infektionen verhindert werden. An anderen Standorten trat in Anlagen mit resistenten Apfelsorten ohne Fungizidspritzungen bisher kein Schorfbefall auf. Die bereits früher getroffene Empfehlung, 80 % (nicht 100 %) der Fungizide im Anbau von resistenten Apfelsorten einzusparen, wird damit auch im Jahr 2000 bestätigt.

Im Berichtsjahr wurde folgendes Pflanzenmaterial herge-

stellt und selektiert: 67 Nachkommenschaften aus Kreuzbestäubung für die Sortenzüchtung mit hoher Fruchtqualität und multipler Resistenz, Populationen für spezifische Screenings auf Feuerbrandresistenz, Kreuzbestäubungen für die Ermittlung befruchtungs-biologischer Eigenschaften, 24 Kombinationen für die Selektion neuen multiplen Ausgangsmaterials als Kreuzungseltern. Nach Aussaat von 3500 Samen wurden durch Frühselektion auf Schorf 718 resistente Sämlinge (= 20 %) selektiert und in den Zuchtprozess eingegliedert. Aus Rückkreuzungen für Mehltaresistenz wurden 800 Samen ausgesät und 210 resistente Sämlinge selektiert sowie in Markeranalysen einbezogen. 1000 Samen wurden für spezifische Untersuchungen zur Feuerbrandresistenz angezogen. Für Rassenuntersuchungen beim Apfelschorf wurden 830 Samen ausgesät. In Resistenzprüfungen gegenüber Feuerbrand wurden insgesamt 130 Sorten, Zuchtstämme und Wildarten getestet, von denen sich 13 als hochresistent (Wertzahl 9,0 bis 8,0) und 28 als resistent (Wertzahl 7,9 bis 6,5) erwiesen. Die Resistenz gegenüber Feuerbrand zeigte sich bei wiederholt getesteten Genotypen stabil. Resistenzprüfungen gegenüber Aphiden und Spinnmilben wurden 2000 im Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben weitergeführt. Geringe Anfälligkeit für Befall mit Blattläusen, *Aphis pomi*, zeigte sich bei den Re-Sorten® 'Reanda', 'Rebella', 'Regine', 'Relinda', 'Renora', 'Resi' und 3 Zuchtstämmen sowohl in der Klimakammer als auch im Freiland. Ähnliche Ergebnisse wurden im Freiland in Pillnitz erzielt.

### Abstract:

In 2000, for the Re-cultivar 'Regia' the trials to apply for National Plant Breeders' Rights were completed. 15 apple breeding clones were selected and included into Federal cultivar trials at 16 locations in Germany. The scab and fire blight resistant Pillnitz cultivars remained durable in different screenings for stability of resistance. Six Re-cultivars® turned out to be low susceptible to *Aphis pomi*.

In Zusammenarbeit mit: BAZ Aschersleben, Richter, Habekuß, Proeseler; IPK Gatersleben, Genbank Obst Dresden-Pillnitz, Fischer, Geibel; LfL 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 bei 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**  
**EU-Projekt: PL 97-3898**

Fischer, C.

Zielsetzung/Aim:

Entwicklung von neuem, dauerhaft resistentem Pflanzmaterial bei 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 creation and marketing of new apple varieties carrying durable resistance against scab and powdery mildew.

Ergebnisse:

Die 2000 durchgeführten Resistenzprüfungen gegen Schorf im Gewächshaus und im Freiland ergaben eine gute Übereinstimmung des Resistenzgrades bzw. Befallsgrades der Sorten und Zuchtstämme zu den beiden Vorjahren. Von 36 Apfelgenotypen erwiesen sich im Gewächshaus und im Freiland am Standort Pillnitz als resistent: Vf: Prima, Pi-AS-1, Pi-AS-2; polygen: 'Colapuis', 'Discovery', 'Durello di Forli', 'Dülmener Rosenapfel', 'Oberrieder Glanzrenette', 'Rote Sternrenette', 'Schneiderapfel', TN 10-8. Die Vergleichssorten 'Fiesta', 'Gala' und 'Golden Delicious' wurden 2000 im Freiland nicht so stark mit Schorf befallen, weil die Bedingungen für die Schorfinfektion durch die lang anhaltende Trockenheit und Hitze sehr ungünstig beeinflusst wurden. Wesentlich günstiger gestalteten sich die Infektionsbedingungen für den Mehltau im Freiland. Von den schorffresistenten Genotypen wurde nur TN 10-8 stärker befallen. Die übrigen Sorten blieben resistent bzw. sehr schwach anfällig. Die Modell-Population C3 ('Discovery' x 'Prima') wurde im Freiland gegenüber Schorf- und Mehltaubefall bewertet. Der Anteil resistenter Sämlinge in der Population betrug bei Schorf 40 %, bei Mehltau 46 %.

Abstract:

The strategy to improve the durability of scab and mildew resistance is the pyramiding of resistance genes in new apple plant material. The characterized cultivars and clones were resistant in the greenhouse and core orchard: Vf: 'Prima', 'Priscilla', Pi-AS-1, Pi-AS-2; polygenic: 'Colapuis', 'Discovery', 'Durello die Forli', 'Dülmener Rosenapfel', 'Oberrieder Glanzrenette', 'Rote Stern-

renette', 'Schneiderapfel', TN 10-8. The control cultivars 'Fiesta', 'Gala' and 'Golden Delicious' were not very susceptible to scab due to bad weather conditions for scab infections. The same genotypes showed also a good resistance or low susceptibility for mildew in the field.

In Zusammenarbeit mit: BAZ Ahrensburg; INRA Angers, Frankreich; CPRO-DLO Wageningen, Niederlande; ETH und EFA Zürich und Wädenswil, Schweiz; HRI East Malling, England; DCA-BO Bologna, Italien; NAGREEF Naoussa, Griechenland; CRA Gembloux, Belgien (EU-Projekt PL 97-3898)

## 1.3. Erstellung von resistentem Basismaterial bei Erdbeere mit Resistenz gegen *Phytophthora fragariae* Hickmann, *Phytophthora cactorum* (Leb. & Cohn) Schroet., *Verticillium dahliae* Kleb. sowie mit hoher Fruchtqualität

**Breeding of basis material of strawberry with resistance to *Phytophthora fragariae* Hickmann, *Phytophthora cactorum* (Leb. & Cohn) Schroet., *Verticillium dahliae* Kleb. as well as with high fruit quality**

Dathe, B.

Zielsetzung/Aim:

*Phytophthora fragariae*, *P. cactorum* und *Verticillium* sp. sind bodenbürtige Schaderreger, die in der Erdbeerproduktion bedeutende Schäden mit hohen ökonomischen Verlusten verursachen. Ziel der Züchtungsforschung: Untersuchung der genetischen Ressourcen der Resistenzen gegen *P. fragariae*, *P. cactorum* und *Verticillium* sp. in Wildarten und Sorten; Entwicklung von Selektionsmethoden; Untersuchungen über die Vererbung der Resistenzen; Kombination von Resistenzgenen gegen Rasen eines Pathogens oder unterschiedliche Pathogene; Akkumulation von Resistenzgenen in Donor-Genotypen; Entwicklung von Basismaterial mit Resistenz gegen *P. fragariae*, *P. cactorum* und *Verticillium* sp. sowie mit hoher Fruchtqualität.

*Phytophthora fragariae*, *P. cactorum* and *Verticillium* sp. are soilborne pathogens which cause important diseases with high economic losses in strawberry production. Aim of breeding research: exploration of genetic resources for resistances to *P. fragariae*, *P. cactorum* and *Verticillium* sp. in wild species and varieties; development of selection methods; studies on inheritance of resistances; combination of resistance genes in donor-genotypes; development of basic material with resistance to *P. cactorum* and *Verticillium* sp. and with a high fruit quality.

Ergebnisse:

### Resistenzprüfungen

Im Berichtszeitraum wurden 9 Zuchtklone mit guter Ertragsleistung, die die Anforderungen des Erwerbsobstbaus erfüllen, auf ihre Widerstandsfähigkeit gegen *Verticillium* nach Inokulation mit einer Mischsuspension von 7 Isolaten geprüft. In Abbildung 1 ist die Anzahl der Pflan-

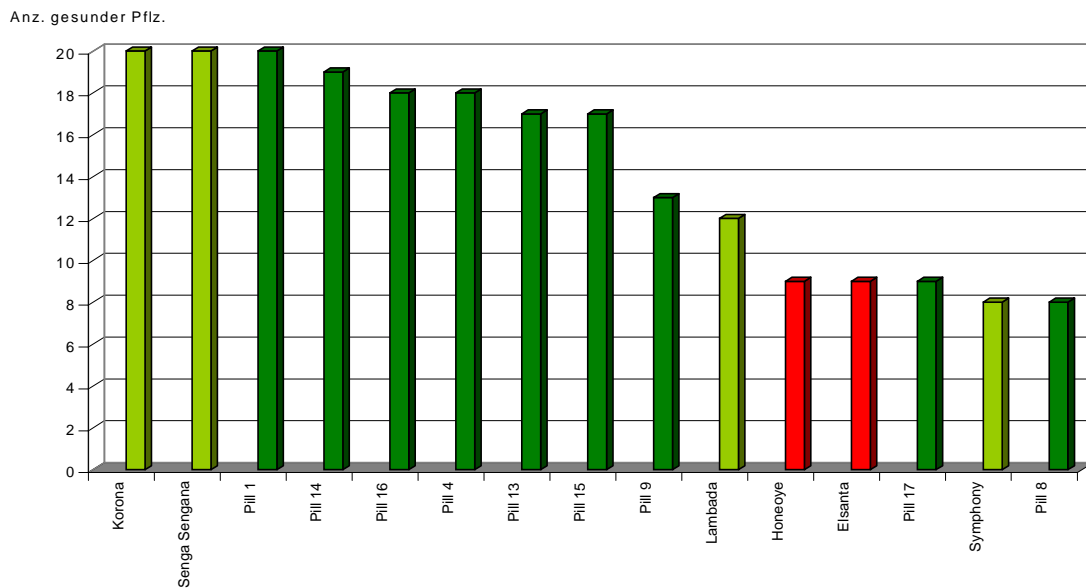


Abb. 1: *Verticillium*-Testung: Anzahl gesunder Pflanzen nach Inokulation von 20 Pflanzen/Klon bzw. Sorte mit *Verticillium*

Fig. 1: Resistance test to *Verticillium*: Number of healthy plants after inoculation of 20 plants/selection or variety with *Verticillium*

zen ohne *Verticillium*-Befall (von insgesamt 20 Pflanzen) dargestellt. Die Sorten 'Korona' und 'Senga Sengana' gelten als widerstandsfähig gegen *Verticillium*, während die Hauptanbausorten 'Elsanta' und 'Honeoye' im Erwerbsobstbau wegen ihrer hohen Anfälligkeit gegen *Verticillium* Probleme bereiten. Die in Abbildung 1 dargestellten Ergebnisse bestätigen diese Einschätzung. Von den geprüften Pillnitzer Klonen erweist sich der im Jahr 1999 zum Sortenschutz angemeldete Zuchtклон 'Pillnitz 1' als resistent. Der Zuchtклон 'Pillnitz 16', ebenfalls 1999 zum Sortenschutz angemeldet, ist leicht anfällig gegenüber *Verticillium*, im Vergleich zu der starken An-

fälligkeit der Vergleichssorten 'Honeoye' und 'Elsanta', zeigt aber eine wesentliche Verbesserung in der Widerstandsfähigkeit. Hinzuweisen wäre auf die neuen Sorten 'Lambada' (Herkunft CPRO-DLO Niederlande) und 'Symphony' (Herkunft S.C.R.I. Dundee, Schottland), die zum Vergleich in die Testung einbezogen wurden. Die Sorten 'Lambada' und 'Symphony' waren nach Inokulation mit dem *Verticillium*-Erreger in unserem Versuch ebenso anfällig wie die Standardsorten 'Elsanta' und 'Honeoye' und bringen keine Verbesserung in Bezug der *Verticillium*-Resistenz gegenüber den Hauptanbausorten 'Elsanta' und 'Honeoye'.

Anzahl (%) erkrankter Sämlinge

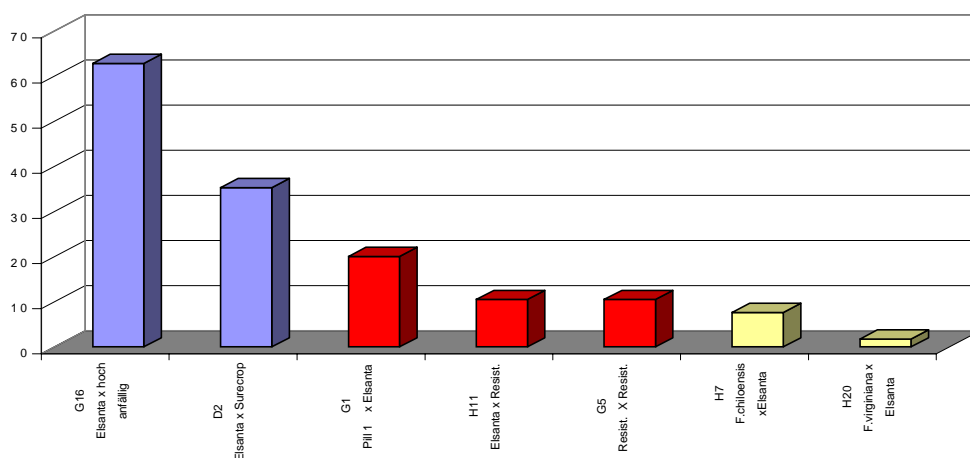


Abb. 2: Kreuzungen mit der Sorte 'Elsanta': Anteil an Sämlingen in 7 Populationen, die an *Verticillium*-Welke erkrankten

Fig. 2: Crossings with the variety 'Elsanta': Percentage of seedlings from 7 populations falling sick with *Verticillium*

## Resistenz in Kreuzungen 2000

Ziel der Kreuzungsserie 2000 war in erster Linie die Einkreuzung von *Verticillium*-Resistenz sowie allgemeiner Krankheitsresistenz (gegen Mehltau, *P. cactorum*, *Fusarium* usw.) in die Sorte 'Elsanta'. Abbildung 2 zeigt in 7 Kreuzungsnachkommenschaften mit der hoch anfälligen 'Elsanta', als einen der Kreuzungspartner, und resistenten Klone sowie den Wildarten *Fragaria chiloensis* und *Fragaria virginiana*, als den jeweilig zweiten Kreuzungspartner, die Anzahl der erkrankten Sämlinge je Kombination. Der Umfang pro Kreuzungsnachkommenschaft betrug 105 bis 210 Pflanzen. Die Kreuzungsnachkommenschaft D 2 repräsentiert die durchschnittliche Anfälligkeit, die normalerweise in Kreuzungen festzustellen ist, wenn keine resistenten Sorten, Klone oder Wildarten eingekreuzt wurden. G 16 ist mit 60 % kranken Sämlingspflanzen als hoch anfällig einzuschätzen. In den Kreuzungsnachkommenschaften mit *F. chiloensis* und *F. virginiana* erkrankten nur wenige Sämlinge. Allerdings ist die Fruchtqualität, insbesondere die Fruchtgröße, in diesen Kombinationen sehr gering, so dass die Kreuzung nur Ausgangsmaterial für weitere Kreuzungsschritte zur Verbesserung der Qualität liefern kann. Die Kombinationen H 11 und G 1 sind Kreuzungen von resistenten Zuchtklonen mit der Sorte 'Elsanta'. In diesen Nachkommenschaften sind nur sehr wenig Sämlinge erkrankt. Besonders erwähnenswert ist die Kreuzungsnachkommenschaft G 5 mit ebenfalls nur geringem Anteil an erkrankten Pflanzen. G 5 ist eine Kreuzungskombination von *Verticillium*-resistenten Zuchtklonen, die sich überdies durch Resistenz gegen Rote Wurzelfäule (*P. fragariae*) auszeichnen. Neben der Krankheitsresistenz gegen *Verticillium*, *P. cactorum* und *Fusarium* (nur 10 % der Sämlinge sind erkrankt) ist in dieser Kombination auch Resistenz gegen *P. fragariae* zu erwarten, gegen die gesondert getestet werden muss, da der Erreger im Versuchsfeld in Dresden-Pillnitz nicht vorkommt.

## Selektion neuer aussichtsreicher Zuchtklone

Folgende Klone wurden auf Grund ihrer Widerstandsfähigkeit gegen Krankheiten sowie ihrer Fruchtqualität für die Ertragsprüfung 2001 ausgelesen:

Klon-bezeichnung	frühere Bezeichnung	Eltern
Pill 18	97/185	<i>P. frag.</i> -resistenter Klon x 'Honeoye'
Pill 19	D25/5	Malling Pandora f. a.
Pill 20	E18/21	<i>P. frag.</i> -resistenter Klon x 'Elsanta'
Pill 21	E13/10	'Anneliese' x 'Elsanta'
Pill 22	E11/16	'Sequoia' x 'Elsanta'
Pill 23	E15/9	'Elsanta' x 'Surecrop'

## Anmeldung zum Sortenschutz

Im Jahre 2000 wurde der Erdbeerkлон 'Pillnitz 11' zum Sortenschutz im Bundessortenamt Deutschland angemeldet. 'Pillnitz 11' ist eine Sorte für den Erwerbsobstbau und zeichnet sich durch folgende Merkmale aus:

Ertrag: hoch  
Fruchtgröße: groß  
Fruchtfarbe: hell, etwa wie 'Elsanta'  
Festigkeit: etwa wie 'Elsanta'  
Sehr widerstandsfähig gegen Trockenheit, *Verticillium*, Rot- und Weißfleckenkrankheit  
Leicht anfällig gegen Mehltau

Abstract:

### Evaluation for resistance to *Verticillium*

In 2000, 9 breeding selections with good quality and high yield and the main varieties 'Elsanta' and 'Honeoye' (very susceptible) were tested for resistance to *Verticillium* by inoculation using a mixture of 7 isolates (Figure 1). The best selection was 'Pillnitz 1'; all 20 plants, inoculated with *Verticillium*, were healthy. 'Pillnitz 1' was applied for Plant Breeders Rights in 1999. 'Pillnitz 16', also applied for Plant Breeders Rights, is low susceptible to *Verticillium*, but compared to the susceptible cultivars 'Elsanta' and 'Honeoye' a remarkable improvement. A new selection, 'Pillnitz 11', with high yield, good fruit quality and firmness and with resistance to *Verticillium*, was applied for Plant Breeders' Rights in Germany.

In Zusammenarbeit mit: Landwirtschaftskammer Weser-Ems, Versuchs- und Beratungsstation für Obst- und Gemüsebau Langförden, Faby; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich 7, Krieghoff (BAZ-4103)

## 1.4. Entwicklung ertragreicher Sauerkirschensorten mit hoher Produktqualität und Resistenz gegen pilzliche und bakterielle Schaderreger (*Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii* und *Pseudomonas syringae*) sowie Spätfrosttoleranz

Development of productive sour cherry cultivars with high fruit quality and resistance to *Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii* and *Pseudomonas syringae* and tolerance to spring frost

Schuster, M.; Wolfram, B.

Zielsetzung/Aim:

Gute Fruchtqualität (Frischverzehr) und Verarbeitungseignung. Selbstfertile Sorten mit unterschiedlichen Reifezeiten, Resistenz gegenüber *Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii*, *Pseudomonas syringae* sowie Spätfrosttoleranz. Selektion der Sämlinge und Klone, Prüfung der Verarbeitungseignung. Befruchtungsbioologische Untersuchungen, Virustestungen, obstbauliche Prüfung.

High fruit quality (for fresh market) and suitability for processing. Self-fertile cultivars with different ripening time. Resistance to *Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii*, *Pseudomonas syringae* and spring frost. Selection of seedlings and hybrids, evaluation of fruits for processing. Fertilization. Investigation of the virus status. Trials with dwarfing rootstocks in the orchard.

Ergebnisse:

In Auswertung mehrjähriger Klonprüfungen konnten vier Sauerkirschensklone selektiert werden, welche in den Jahren 2001 (Klon F5, 5,55 und Klon F5, 19,130) bzw.

2002 (Klon F5, 16,72 und Klon F5, 11,134) zur Anmeldung für den Sortenschutz vorgesehen sind. Die Klone F5, 5,55 und F5, 16,72 mit den Eltern 'Köröser' x Klon B7,

2,40 ('Fanal' x 'Kelleriis 16') besitzen sehr gute Fruchteigenschaften, während sie den Ertrag der 'Schattenmorelle' nicht erreichen (Tabelle 1).

Tab. 1: Charakteristik neuer Sauerkirschenklone im Vergleich zur Sorte 'Schattenmorelle'  
Table 1: Characteristics of new sour cherry clones compared to 'Schattenmorelle'

Sorte/Klon	Blütezeit	Reifezeit	mittl. Fruchtbehang (Bonitur**) 1995-2000	mittl. Fruchtmasse (g) 1995-2000	Selbstfertilität %	Fruchtfarbe	Zucker (Brix-Wert)	Weinsäure (g/l)	Oechsle
'Schattenmorelle'	spät	E Juli	5,4	6,0	> 20	rot-dunkel	14-15	20	69
F5, 5,55 ('Köröser' x Klon B7, 2,40*)	vor 'Schattenmorelle'	M Juli	4,1	6,3	> 20	dunkelrotbraun	17	16-18	69
F5, 11,134 ('Köröser' x 'Schattenmorelle')	spät	E Juli	5,9	6,8	> 20	rot-dunkel	13-15	18-24	60
F5, 19,130 ('Köröser' x 'Röhrigs Weichsel')	vor 'Schattenmorelle'	M-E Juli	5,0	6,1	> 20	dunkelrotbraun	15-17	17-21	71
F5, 16,72 ('Köröser' x Klon B7,2,40*)	vor 'Schattenmorelle'	M Juli	4,5	7,8	5-10	dunkel	15-17	16-18	71

\* Klon B7, 2,40 ('Fanal' x 'Kelleriis 16')

\*\* 1-kein Behang; 9-max. Behang

Der Klon F5, 11,134 zeichnet sich durch jährlich hohen Fruchtbehang, vergleichbar mit 'Schattenmorelle', und gute Fruchtgröße aus. Die Frucht ist weniger zum Frischverzehr geeignet. Der Klon F5, 19,130 erreicht nicht ganz die hohe Ertragsleistung der 'Schattenmorelle', besitzt aber eine sehr gute Fruchtqualität. Die Eigenschaften des Klons F5, 16,72 werden durch eine hohe Einzelfruchtmasse und einen milden Sauerkirscheschmack gekennzeichnet. Im Vergleich zur 'Schattenmorelle' weisen die Klone, mit Einschränkung des Klones F5, 16,72, eine höhere Widerstandsfähigkeit gegen *Moniliani* und eine geringere Neigung zur Verkahlung auf.

Zur Erweiterung der Selektionsbasis wurden 21 neue Kreuzungskombinationen realisiert. Als Kreuzungspartner wurden Kombinationen gewählt, welche gute Qualitätseigenschaften der Frucht, hohe Ertragsleistung und Selbstfertilität besitzen. Hierzu wurden insgesamt 14625 Blüten bestäubt und im Ergebnis 1225 Früchte geerntet. Der durchschnittliche Fruchtansatz betrug 8,4 %. Besonders gering waren die Fruchtansätze bei Kombinationen mit Sorten aus Südosteuropa.

Eine wichtig Aufgabenstellung im Zuchtprozess ist es, bereits im Sämlingsstadium und von der Witterung unabhängig, Aussagen zur Resistenz bzw. Toleranz gegenüber pilzlichen Schaderregern machen zu können. Hierzu wur-

den erste Arbeiten zur Inkulturnahme pilzlicher Erreger begonnen. Versuche, den Erreger der Sprühfleckenkrankheit, *Blumeriella jaapii*, auf Nährmedien zu kultivieren, erwiesen sich jedoch als schwierig.

Abstract:

Four new sour cherry clones were selected (F5, 11, 134; F5, 19,130; F5, 5,55; F5, 16,72). They are characterized by good fruit quality and yield, similar to the cultivar 'Schattenmorelle'. All four clones will be applied for Plant Breeders' Rights in Germany in the next years. 21 new cross combinations were realized by an average fruit set of 8,4 %. First trials were made to cultivate the pathogen *Blumeriella jaapii* on potato dextrose agar.

In Zusammenarbeit mit: Research Institute of Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, Apostol; IPK Gatersleben, Genbank Obst, Dresden, Fischer; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich Integrierter Pflanzenschutz, Wiedemann; LVG Müncheberg, Schwärzel (BAZ-4102)

### 1.5. Entwicklung von ertragreichen, wenig platzempfindlichen Süßkirschen mit hoher Produktivität und Resistenz gegen Krankheiten (*Cytospora* spp., *Pseudomonas syringae*)

**Development of productive sweet cherry cultivars with high fruit quality and resistance to diseases (*Cytospora* spp., *Pseudomonas syringae*)**

Schuster, M.; Wolfram, B.

Zielsetzung/Aim:

Hohe Fruchtqualität (Geschmack, Fruchtgröße, -farbe, -festigkeit und geringe Platzempfindlichkeit) und Selbstfertilität. Resistenz gegen *Cytospora* spp. sowie *Pseudomonas syringae*. Identifizierung der S-Allele. Entwicklung und Anwendung molekularer Marker.

Methoden: Selektion der Sämlinge und Klone, Befruchtungsbiologische Untersuchungen, Nachkommenschaftsanalysen. *Valsa*- und *Pseudomonas*-Resistenzprüfungen.

High fruit quality (fruit size, firmness, color, low susceptibility to cracking) and self-fertility. Identification of S-alleles. Development and application of molecular markers. Resistance to *Cytospora* spp. and *Pseudomonas syringae*.

Method: Selection in seedlings and hybrids. Crossings for evaluation of incompatibility. Analysis of progenies, investigation on *Cytospora* spp. and *Pseudomonas syringae*.

Ergebnisse:

Ein Schwerpunkt der Arbeiten im Berichtszeitraum bestand in der Selektion und der Überführung von züchterisch wertvollen Süßkirschenstämmen aus einem Züchtungsversuch am Standort Kauscha. Dieser Versuch vereinigte interessante Süßkirschenstämme aus verschiedenen Kreuzungsserien von MIHATSCH, H. und FISCHER, M., welche von MIHATSCH G. und WOLFRAM, B. selektiert wurden. Mit der Beendigung der Züchtungsarbeiten am Standort Kauscha machte sich diese vorzeitige Selektion erforderlich. Ergebnisse zu diesem Zuchtstammversuch können infolge der zu geringen Standzeit der Bäume nicht dargestellt werden.

In Rahmen des diesjährigen Kreuzungsprogramms wurden 29 Kreuzungskombinationen realisiert. Neben dem Schwerpunkt der Schaffung von neuem Selektionsmaterial für die Sortenzüchtung wurden auch erste Arbeiten zum Aufbau von Kreuzungspopulationen mit anderen *Prunus*-Arten durchgeführt. Insgesamt konnten 3176 Früchte geerntet werden (22,05 %).

Um die teilweise schlechte Keimfähigkeit der Kirschen-samen zu verbessern und die Jungpflanzenanzucht zu beschleunigen, erfolgten erste Versuche. Im Rahmen dieser Arbeiten wurden die Samen unmittelbar nach der Ernte ausgesät und die erhaltenen Sämlinge im Gewächshaus kultiviert. Im Ergebnis konnten bis zum Vegetationsende Sämlinge mit einer Wuchshöhe von bis zu 1 m erhalten werden. Weiterführende Untersuchungen müssen zeigen, ob der eingeschlagene Weg es ermöglicht, den Zuchtprozess effektiver und kürzer zu gestalten.

Abstract:

In the last year one of the main emphasis was the selec-

tion in the sweet cherry breeding material to give up the breeding orchard at the location in Kauscha. In the sweet cherry breeding programme 29 cross-combinations were realized. First investigations were made to improve the growth and the selection of seedlings.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Genbank Obst, Dresden, Fischer; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich Integrierter Pflanzenschutz, Wiedemann (BAZ-4121)

## 2. Biotechnologie Biotechnology

### 2.1. 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.

Zielsetzung:

Entwicklung eines effizienten Transformationssystems für Apfelsorten und -unterlagen unter Nutzung des *Agrobacterium*-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:

Die gentechnischen Arbeiten bei Apfel konzentrierten sich im Jahr 2000 voranging auf Transformationen verschiedener Apfelsorten mit dem EPS-Depolymerase-Gen, welches von Prof. Dr. K. Geider (Max-Planck-Institut für Zellbiologie Rosenhof, Ladenburg) zur Verfügung gestellt worden ist. Die Zielstellung besteht in der gentechnischen Verwirklichung der Resistenz gegenüber Feuerbrand, hervorgerufen durch den bakteriellen Erreger *Erwinia amylovora*. Der theoretische Ansatz für die konzipierten



Arbeiten besteht in Folgendem: Die Bakterienzellen von *Erwinia amylovora* produzieren Amylovoran, ein saures extrazelluläres Polysaccharid (EPS), welches für das Bakterium einen entscheidenden Virulenzfaktor darstellt. Ein Abbau der Amylovorankapsel mit Hilfe einer spezifischen Depolymerase könnte die Fähigkeit des Bakteriums, die Pflanze zu kolonialisieren, beeinträchtigen. Unter diesem Gesichtspunkt wurde ein Plasmid konstruiert, das ein EPS-Depolymerase-Gen aus dem Bacteriophagen  $\Phi$ -Ea1 enthält, welches sich unter Kontrolle des CaMV35S-Promotors anstelle des Phagenpromotors befindet. Inzwischen konnten 71 verschiedene transgene Linien, die jeweils auf ein Transformationsereignis zu-

rückgehen, regeneriert werden. In molekularen Analysen konnten Integration (mittels PCR) und Transkription (mittels RT-PCR) des Depolymerase-Gens nachgewiesen werden. Der Nachweis für die Synthese des Depolymerase-Peptids in der Pflanze wurde mittels Western-Blot-Technik durchgeführt. An der Entwicklung einer Methode zur Quantifizierung der Depolymerase mit Hilfe eines enzymatischen Nachweisverfahrens wird gegenwärtig gearbeitet. Die Anfälligkeit der transgenen *In-vitro*-Pflanzen konnte in einem ersten Test ermittelt werden, in dem abgetrennte Blätter von *In-vitro*-Sprossen mit einem *gfp*-gelabelten virulenten *Erwinia amylovora*-Stamm inokuliert wurden (Abbildung 1).

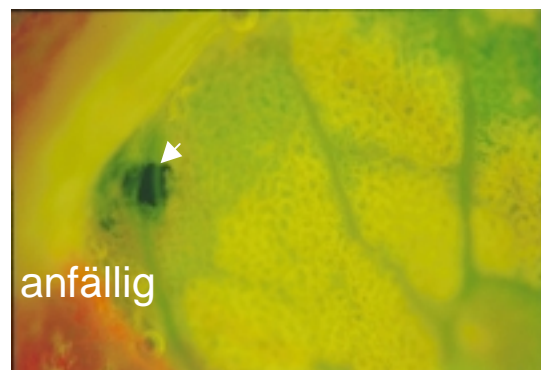
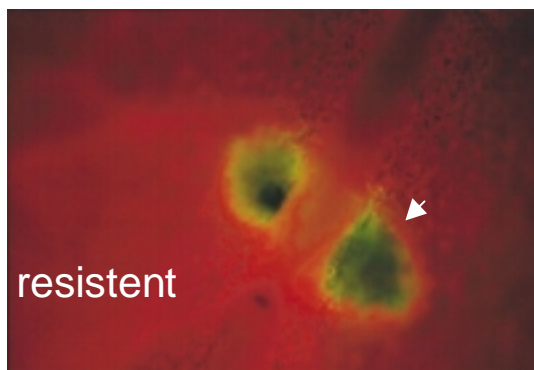


Abb. 1: *In-vitro*-Test auf Feuerbrandresistenz bei transgenen Apfelpflanzen: Inokulation von *In-vitro*-Blättern mit fluoreszenzmarkierten *Erwinia amylovora*-Bakterien (Pfeil: Infektionsstelle; die sich ausbreitenden Bakterien erscheinen im mikroskopischen Bild gelb)

Fig.1: Screening of transgenic apple plants for resistance to fire blight *in vitro*: Inoculation of detached leaves using fluorescence-labeled *Erwinia amylovora* (Arrow: infection site; the translocation of bacteria is visible in yellow color)

Einige transgene Linien zeigten Resistenz gegenüber der *In-vitro*-Infektion, wobei sich die Bakterien nicht in den Leitgefäßen und im Blattparenchym ausbreiteten.

Die erhaltenen transgenen Pflanzen wurden bewurzelt und in das Gewächshaus überführt. Sie befinden sich gegenwärtig teilweise zur Resistenzprüfung in Aschersleben. Die Untersuchungen sind noch nicht abgeschlossen.

Die Untersuchungen auf dem Gebiet der Protoplastenregeneration und -fusion bei Apfel wurden experimentell zunächst abgeschlossen. Die protoplastenbürtigen Gehölze wurden im Jahr 2000 im Versuchsfeld aufgepflanzt und stehen für die Evaluierung somaklonaler Variation und der obstbaulichen Merkmale zur Verfügung.

Abstract:

In 2000, transformation in apple was focused mainly on the EPS-depolymerase gene to obtain fire blight resistant transgenic lines. Fire blight is caused by the bacterium *Erwinia amylovora*. An acidic extracellular polysaccharide (EPS) amylovoran produced by the *E. amylovora* bacterial cells is an important virulence factor. The degradation of the amylovoran capsules by an EPS-depolymerase could effect the ability of the bacterium to colonize host plants. For transformation a plasmid was used containing the depolymerase gene from the bacteriophage  $\phi$ -Ea1, separated from the phage promoter and expressed via the CaMV35S promoter. 71 transgenic clones, based on a single transformation event, were obtained in apple. Integration and expression of the trans-

gene were confirmed at the molecular level. To quantify the depolymerase produced by the plant, an enzymatic assay is under development. The susceptibility of the transgenic plants to fire blight was evaluated using an *in vitro* inoculation of detached leaves by *gfp*-labeled *Erwinia* - bacteria. The transgenic clones were rooted *in vitro* and transferred to the greenhouse for further disease evaluation using an artificial shoot inoculation with a virulent *E. amylovora* strain.

In Zusammenarbeit mit: MPI für Zellbiologie Ladenburg, Geider; Cornell-University, New York State Agricultural Experiment Station Geneva, USA, Norelli, Aldwinckle; BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben, Richter; Freie Universität Berlin, Institut für Angewandte Genetik, Huancaruna-Perales (BAZ-4129; DFG Ha 1877/ 2-3)

## 2.2. Optimierung der *In-vitro*-Androgenese bei Apfel Optimization of *in-vitro*-androgenesis in apple Höfer, M.

Zielsetzung/Aim:

Ziel ist die Erzeugung von haploiden bzw. homozygoten Pflanzen bei *Malus*. Auf der Basis der bekannten Technik der Antherenkultur bei Apfel soll das Mikrosporensystem erarbeitet werden. Nach Erstellung von stabilen Kulturen ist es das Ziel, Mikrosporenteilungen durch die Variation verschiedener Einflussfaktoren auszulösen und die In-

duktionsrate im Vergleich zur Antherenkultur zu verbessern. In der Antherenkultur konzentriert sich die weitere Arbeit auf die Optimierung der Regenerationsphase und die Untersuchung des Ploidiegrades. Die Reproduzierbarkeit ist für weitere züchterisch relevante Genotypen zu testen.

The aim is the induction of haploids and homozygous plants of *Malus*. On the base of a well established technique of anther culture in apple a microspore system will be elaborated. After establishment of stable cultures, microspore divisions are envisaged by variation of different factors and the induction rate will be improved in comparison with anther culture. A further aim for the anther culture is the optimization of the regeneration rate and the determination of the ploidy level. The reproducibility of the method will be tested for further important genotypes in apple breeding.

Ergebnisse:

Schwerpunkt im Berichtszeitraum war die Einbeziehung weiterer Apfelgenotypen in die Versuche zur Erzeugung homozygoten Materials mittels Mikrosporenkultur. Auf Grund der ausreichend hohen Embryoinduktion waren erste vergleichende Untersuchungen der beiden Methoden des androgenen Entwicklungsweges, der Antheren- und Mikrosporenkultur, möglich.

Für drei der vier neu getesteten Apfelsorten, 'Realka', 'Remura', und 'Alkmene', konnte eine Embryoinduktion bei Anwendung der für den Genotyp 'Rene' entwickelten Methodik nachgewiesen werden, wobei für einzelne Varianten vergleichbare Induktionsraten von 18 % erreicht wurden. Genotyp-unabhängig konnte für die Maltosekonzentration im Induktionsmedium ein Optimum von 35 mM ermittelt werden. Natriumfluorid kam als Phosphatasehemmer in Konzentrationen von 5 µM bzw. 10 µM zum Einsatz. Während bei niedrigen Embryoinduktionsraten im Kontrollmedium eine Erhöhung der Embryonenanzahl bei Zugabe von NaF um das 4- bis 7-fache beobachtet werden konnte, führte NaF bei bereits vorliegender hoher Induktion von Embryonen zu keiner weiteren Steigerung. In den Versuchen zur Antherenkultur konnte im Durchschnitt die positive Wirkung von NaF nicht nachgewiesen werden.

Ein Vergleich der Embryoinduktionsraten zwischen Antheren- und Mikrosporenkultur hinsichtlich des eingesetzten Donormaterials - Knospen von Winterreisern, angetrieben bei Zimmertemperatur bzw. im Klimaschrank, sowie Freilandknospen - zeigte für beide Methoden die gleichen Abhängigkeiten. Generell ist zu erkennen, dass das optimal zu verwendende Knospenmaterial vom jeweiligen Genotyp abhängt, sich jedoch für die einzelnen Versuchsjahre ändern kann. Außerdem zeigte sich für beide eingesetzte Methoden der Haploidenerzeugung die gleiche Genotypabhängige Notwendigkeit zur Kältevorbehandlung der Knospen für die Auslösung des sporophytischen Entwicklungsweges in den Mikrosporen. In der Summe der Experimente wird deutlich, dass bei Verwendung des gleichen Donormaterials die Embryoinduktionsraten, bezogen auf die Anzahl der eingesetzten Antheren in der Mikrosporenkultur in Abhängigkeit vom Genotyp, bis zum 10-fachen höher liegen können.

Abstract:

The main aim of this experimental year was the introduction of further apple genotypes into the microspore culture system. Embryos were induced in three out of four new tested cultivars, 'Realka', 'Remura' and 'Alkmene'. The optimization of the induction medium demonstrated a genotype independent maximum of maltose concentration at 35mM. A positive reaction of NaF as phosphatase inhibitor was estimated only for low levels of embryo induction in the control medium.

The comparison of embryo induction rates between anther and microspore culture regarding the donor material, flower buds from bud wood grown at room temperature or the climate chamber and flower buds directly from the orchard, showed for both methods the same genotype determined dependence. The same observation was made for the requirement of a cold pretreatment for initiation of sporophytic development of microspores. Comparing the efficiencies of anther and microspore culture by using the same donor material, microspore culture resulted in an embryo induction rate which is up to 10 times higher.

In Zusammenarbeit mit: Fruitteltcentrum, K.U. Leuven, Belgien, Keulemanns; INRA, Angers, Frankreich, Lespinasse (BAZ-4125)

### **2.3. Charakterisierung der Regeneratpflanzen aus der Haploidenerzeugung beim Apfel** **Characterization of regenerants of haploid induction in apple**

Höfer, M.; Fischer, C.; Grafe, C.

Zielsetzung/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 Zuchtschema erarbeitet, um durch kombinierten Einsatz von klassischen Züchtungsmethoden und Haploidenerzeugung weitere Möglichkeiten zur Erhöhung der Effizienz in der Selektion zu untersuchen.

Regenerated apple plants, obtained from different in vitro techniques for haploid induction in apple should be investigated for their ploidy level, zygosity, morphology and resistance traits (scab and mildew). After selection of desirable traits, grafting in the orchard and determination of fertility a specialized breeding programme will be elaborated to test further possibilities for an increased efficiency of selection combining classical breeding and haploid production.

Ergebnisse:

Zum gegenwärtigen Zeitpunkt befinden sich 24 homozygote Linien aus der Antheren- und Mikrosporenkultur sowie aus Versuchen der *In-situ*-Parthenogenese bei Apfel als Veredlungen in der Baumschule bzw. im Versuchsfeld. Das Spektrum der Donorgenotypen umfasst 7 Apfelsorten.

Zur biochemischen Charakterisierung der Regenerate

wurde nach neuen Isoenzymssystemen gesucht, um alle Donorgenotypen aus der Antheren- und Mikrosporenkultur mit mindestens einem monogen vererbenden Marker zu untersuchen und eine eindeutige Aussage zur Homozygotie zu treffen. Nachfolgend ergänzend durchgeführte Isoenzymanalysen von 10 Linien aus der Antherenkultur der Donorsorte 'Rene', für welche in früheren Analysen nur der bigen vererbende Marker MDH-3 zur Verfügung stand, zeigten bei Einsatz des neu zu erfassenden Markerlocus GOT-1 eine eindeutige Homozygotie. Untersuchungen weiterer neuer Linien belegten sowohl die Homozygotie als auch das Auftreten gametoklonaler Variation innerhalb der Regenerate in ein und derselben Linie am Locus MDH-3 für eine Regeneratlinie. Dieses Phänomen, welches bereits in vorangegangenen Versuchen aufgetreten war, konnte bisher nicht geklärt werden. Aus diesem Grund soll eine molekularbiologische Charakterisierung des Materials angeschlossen werden, um das Problem der gametoklonalen Variabilität detaillierter zu untersuchen.

Im zurückliegenden Versuchsjahr wurde mit der Erarbeitung der Methodik der Untersuchung von Mikrosatelliten an dem Versuchsmaterial aus der Haploidenerzeugung begonnen. Im Rahmen eines Arbeitsaufenthaltes am INIA in Madrid, Spanien wurde zunächst von ausgewählten Linien die DNA isoliert, mit einem *Populus*-spezifischen Primer (PTR 5 markiert mit HEX) amplifiziert und mittels ABI Prism 310 Genetic Analyzer (Perkin Elmer) analysiert. Die Anwendung und Analyse Apfel-spezifischer Primer für Mikrosatelliten soll zunächst in Kooperation und im Ergebnis dessen am Institut für Obstzüchtung für alle Linien aus der Haploidenerzeugung, der Antheren- und Mikrosporenkultur sowie der *In-situ*-Parthenogenese, erfolgen.

Die Linien parthenogenetischen Ursprungs zeigten bereits zum letzten Erntezeitraum einen ausreichend hohen Ertrag, so dass über die gesamte Lagerperiode, von September 1999 bis April 2000, erste Fruchtanalysen durchgeführt werden konnten. Die größten Variationen zur Donorsorte traten in der Apfelsäure- und Ascorbinsäure-Konzentration auf.

#### Abstract:

At present, 24 homozygous lines from anther and microspore culture and *in-situ*-parthenogenesis in apple exist as graftings in the nursery or in the orchard.

Using the additional isozyme marker locus GOT-1, inherited monogenic, 10 already tested lines of the donor genotype 'Rene' could be identified obviously as homozygous. Evaluation of new regenerated lines demonstrated homozygosity and gametoclonal variation, changing alleles for MDH-3 among regenerants of one and the same line, in one line out of five lines tested.

For further molecular characterization of the material, the investigation of apple specific microsatellites was started. First trials were initiated during a short time scientific mission in INIA in Madrid, Spain.

Fruits from parthenogenic lines were analyzed regarding their quality compounds during the storage period from September 1999 to April 2000. Variations compared to the donor cultivar were especially determined in the concentration of ascorbic acid and maleic acid.

In Zusammenarbeit mit: INRA, Angers, Frankreich, Lespinasse; Fruittelcentrum, K.U. Leuven, Belgien, Keulemanns; INIA, Madrid, Spanien, Bueno (BAZ-4124)

#### 2.4. Entwicklung von Methoden für den Homozygotienachweis mittels Isoenzymmarkern bei Apfel und Kirsche

##### Development of methods for the determination of homozygosity in apple and cherry by isozyme markers

Grafe, C.; Höfer, M.

##### Zielsetzung/Aim:

Das Ziel besteht in der Entwicklung und Optimierung geeigneter Isoenzymmarker für die Identifizierung homozygoter Regenerate aus der Haploidentechnik. Die Methodik wurde bereits für einige Apfelgenotypen etabliert und soll auf weitere in das Antherenkulturprogramm einbezogene Genotypen übertragen werden. Bei Kirsche konzentrieren sich die Arbeiten zunächst auf die Etablierung der Elektrophoresetechnik sowie die Durchführung von Spaltungsanalysen an Kreuzungsnachkommenschaften für eine Reihe von Enzymsystemen. Auf dieser Grundlage sollen für die in der *In-situ*-Parthenogenese eingesetzten Genotypen möglichst viele Marker gefunden werden.

The aim is the development and optimization of isozyme markers for the determination of homozygous regenerants derived from haploidization techniques. Previously, the method was established for several apple genotypes and has to be applied to additional genotypes used in anther culture. In cherry, first activities are concentrated on the establishment of the electrophoresis technique as well as the segregation analysis for a series of enzyme systems in progenies from controlled crosses. Based on these investigations, markers for the genotypes used in the *in-situ*-parthenogenesis are to be found.

##### Ergebnisse:

Die hauptsächlich im Vorjahr bei der Süßkirsche durchgeführte Suche nach spaltenden Isoenzymloci als potentielle Marker für den Homozygotietest wurde in geringerem Umfang fortgesetzt, um die Anzahl der zur Verfügung stehenden Marker zu erweitern. Dazu wurden anhand von 7 Süßkirsch-Kreuzungsnachkommenschaften die Enzyme  $\alpha$ - und  $\beta$ -Esterase ( $\alpha$ - und  $\beta$ -EST), Superoxid-Dismutase (SOD) und Saure Phosphatase (ACP) mittels verschiedener elektrophoretischer Methoden aufgetrennt und analysiert. Die Zymogramme erlaubten jedoch keinen Rückschluss auf das Vorhandensein spaltender Loci. Der Versuch, den in der Literatur beschriebenen Aconitase-Locus *Aco-2* darzustellen, konnte möglicherweise aufgrund von Unverträglichkeiten zwischen Gelzusammensetzung und Färbemethodik nicht zufriedenstellend realisiert werden. Darüber hinaus wurden im Versuchszeitraum zwei weitere über *In-situ*-Parthenogenese entstandene Linien der Süßkirsch-Donorsorte 'Altenburger' mit Hilfe der vorhandenen Marker *Mdh* und *Gpi-2* auf Homozygotie getestet. Dabei erwies sich eine Linie als homozygot, während die andere als heterozygot charakterisiert werden

musste.

Abstract:

Using the isozyme marker loci *Mdh* and *Gpi-2*, two regenerated apple lines derived from *in-situ*-parthenogenesis of the sweet cherry donor genotype 'Altenburger' were tested for homozygosity. One line was characterized as homozygous, the other line showed heterozygosity. The number of available isozyme markers for the determination of homozygosity/heterozygosity in regenerants of progenies from controlled crosses of sweet cherry was increased.

(BAZ-4128)

### 3. Zuchtmethodik Breeding methods

#### 3.1. Entwicklung von DNA-Markern für Schorf- und Mehlaresistenzgene in Apfel Development of DNA markers for resistance genes to scab and mildew in apple

Schönfeld, R.-M.; Fischer, C.; Schuster, M.

Zielsetzung/Aim:

Die Resistenz von Apfelsorten gegen Mehltau (*Podosphaera leucotricha*) beruht auf quantitativ vererbten Mehlaresistenzgenen. In befallsstarken Jahren reicht dieser Schutz nicht aus. Die Resistenz der Sorten gegen Schorf (*Venturia inaequalis*) ist schwach ausgeprägt und beruht bei resistenten Sorten hauptsächlich auf der Resistenz aus *Malus x floribunda* 821. Die dort identifizierte Vf-Resistenz gilt durch intensive Nutzung als durchbrochen, wenn auch die verantwortliche Rasse 6 nur regional vorhanden ist. Es ist deshalb notwendig, bisher nicht genutzte Resistenzgene in Kulturapfelsorten (*M. domestica* (L.) Borkh.) durch Kreuzung einzuführen, um den natürlichen Schutz gegen diese pilzlichen Pathogene zu unterstützen. Zur Identifikation der Resistenzgene und Resistenzgenkombinationen im resistenten Ausgangs- und Zuchtmaterial stehen keine geeigneten Pilzisolat zur Verfügung. Deshalb sind für diese Aufgabe DNS-Marker notwendig. Die umweltunabhängige Selektion mit Hilfe dieser Marker ist ein weiterer bedeutender Vorteil. Projektziel ist, mit Hilfe der „Bulked Segregant Analysis“ in ausgewählten Populationen mit spaltenden Mehltau- und Schorfresistenzgenen eng gekoppelte DNA-Marker (RAPD, AFLP) zu selektieren und zu entwickeln, die in der Marker-gestützten Selektion und in der Gendiagnose im Zuchtprozess eingesetzt werden können.

The main resistance of apple cultivars to mildew (*Podosphaera leucotricha*) is based on quantitatively inherited resistance genes. This natural protection is not sufficient in years with strong infestation. Resistance of varieties to apple scab (*Venturia inaequalis*) is rare and in resistant varieties mainly based on resistance of *Malus x floribunda* 821. The Vf resistance identified there has been overcome due to strong utilisation, however the responsible race 6 is still occurring only regionally. Therefore, it is necessary to identify and to introduce new

effective resistance genes into apple cultivars (*M. domestica* (L.) Borkh.) by crosses, which have not been used until now, in order to support the natural protection against these fungal pathogens. Because there are no suitable pathogen isolates available for identification of the resistance genes and resistance gene combinations, DNA-markers have been developed. Another advantage of these markers is the possibility of selection independent on environmental influences. Aim of the project is to select and to develop 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 breeding process.

Ergebnisse:

Monogen vererbte Resistenzen gegen Apfelmehltau (*Podosphaera leucotricha* (Ell. and Everh.) Salm.) wurden bisher ausschließlich in Wildarten von *Malus* gefunden. Folgende Resistenzen sind gegen Mehltau identifiziert worden: *Pl1* in *M. x robusta* (Carriere) Rehder 'persicifolia', *Pl2* in *M. x zumi* (Matsum.) Rehd. 'calocarpa', *Plw* in 'White Angel' und *Pld* in 'D-12'. Apfelschorf (*Venturia inaequalis* (Cke.) Wint.) ist die bedeutendste Apfelkrankheit in NW-Europa und in anderen gemäßigten Klimaten. Die Schorfresistenzen in Apfelsorten werden monogen oder polygen vererbt. Außer Vf aus *floribunda* sind folgende Resistenzgene identifiziert worden: *Vb* in *M. baccata* (L.) Borkh. 'Hansen's #2', *Vbj* in *M. baccata* f. *jackii* Rehder, *Va* in 'Antonovka PI 172623', *Vm* sowohl in *M. atrosanguinea* (Späth) C. K. Schneid. '804' (pit type) als auch in *M. micromalus* 'Makino' (pit type) und *Vr* in *M. pumila* Mill. 'R 12740-7A'.

Aufgrund der dargestellten Resistenzsituation gegen Schorf und Mehltau in Apfelsorten und aufgrund der Forderung der Resistenzzüchtung, die genetische Basis der Resistenz zu verbreitern, ist die gezielte Einkreuzung von Resistenzgenkombinationen aus bisher nicht genutzten Resistenzgenen in Kultursorten von *M. domestica* ein wesentliches Ziel, um Fungizidspritzungen zu reduzieren. Eine bloße Selektion auf Resistenz in Kreuzungsnachkommenschaften mit Hilfe von Befallsbonituren ist für diese Aufgabe ungeeignet. Diese Selektion ist nach dem Stand der Technik nur mit DNA-Markern wie RAPDs oder AFLPs möglich. Die Entwicklung dieser Marker ist dazu Voraussetzung. Für die DNA-Markeranalysen stehen 11 F1-Populationen mit spaltenden Mehltau- und Schorfresistenzgenen für diese Aufgabe zur Verfügung. Als schorfresistente Eltern wurden 'Reglindis' (VA), 'Regia (Vr) und PI-AS-40,43 (Vr) verwendet, als mehlaresistente Eltern *M. sieboldii* 722 (V?), *M. baccata* 419 (V?), 'Dülmener Rosenapfel', sowie 7 Zuchtstämme, die auf *M. robusta* 'persicifolia' und *M. zumi* 'calocarpa' zurückgehen.

Im Züchtungsprogramm am Institut sind Donoren für Resistenzgene gegen Apfelschorf und Apfelmehltau aufgenommen worden, die bisher nicht genutzt worden sind. Das Ziel ist eine in der Sorte stabile Resistenz gegen diese und andere Pathogene, die durch Kombinationen von Resistenzgenen erreicht werden soll.

Zur Identifikation von Mehlaresistenzgenen (Studie A) stehen 8 Populationen mit je 100 F1 Nachkommen zur

Verfügung. Als resistente Eltern wurden neben 'Dülmener Rosenapfel' Zuchtstämme ausgewählt, deren Resistenz auf *M. x robusta* 'persicifolia' (PI1) bzw. *M. x zumi* 'calocarpa' (PI2) zurückzuführen ist. Die Vererbung der Resistenzen PI1 und PI2 aus den Wildarten wird jedoch in der Literatur nicht einheitlich beschrieben: Die Vererbung der Mehlauresistenzen PI1 und PI2 beruht nicht auf einem dominanten Gen allein, sondern es ist vermutlich mindestens ein zweites Gen an der Resistenz beteiligt. Der mögliche Grund für die Unterschiede der Resultate ist in den unterschiedlichen Bedingungen bei der technischen Durchführung der Resistenztests zu suchen. Dazu zählt (a) das Pilzinfektionsmaterial: Über die Genetik der Virulenzen des Mehlaupilzes ist wenig bekannt, und es existieren keine definierten Isolate, so dass unterschiedliche Genotypzusammensetzungen des Infektionsmaterials zu unterschiedlichen Ergebnissen führen können. Eine weitere mögliche Ursache (b) für die Ergebnisunterschiede ist, dass die Resistenz- und Kartierungsstudien erstens an unterschiedlichen Populationen durchgeführt worden sind, zweitens wurden als resistente Eltern nicht *zumi* und *robusta* eingesetzt, sondern es wurden von diesen Arten selektierte Kreuzungsnachkommen verwendet. Des Weiteren darf der Einfluss unterschiedlicher Primärinfektionsbedingungen nicht unterschätzt werden. Die ersten Resistenztests der F1 Nachkommenschaften der Studie A wurden im Gewächshaus unter natürlichen Infektionsbedingungen parallel durchgeführt und es wurde zweimal (21.02.00, 29.02.00) im Abstand einer Woche bonitiert. Die Spaltungsergebnisse weisen auf eine monogene Vererbung hin. Negativ ist die gewöhnlich starke Mehlauentwicklung im Gewächshaus mit hohem Infektionsdruck, so dass schwach wirkende Resistenzen schwer quantifizierbar sind. Um die Beteiligung mehrerer Gene überhaupt messen zu können, werden sich Tests mit weiteren Sämlingen aus den Populationen anschließen müssen, um die Spaltungen in ausreichend großen Populationen charakterisieren zu können. Es ist dabei von großem Vorteil, dass die Resistenzen aus *zumi* bzw. *robusta* im unterschiedlichen Hintergrund untersucht werden können.

In einer zweiten Studie zur Mehlauresistenz (Studie B) wurden 240 F1 Nachkommen von 3 Kreuzungen ('Pinova' x *M. baccata* 419, 'Pinova' x *M. sieboldii* 722 und *M. sieboldii* 722 x 'Pinova') im Zuchtgarten gepflanzt. Mehrjährige Bonituren im Gewächshaus und auf dem Feld zeigten eine sehr gute Übereinstimmung der Tests, es wurde in allen drei Populationen eine monogene Vererbung nachgewiesen. Mit Hilfe dieser Kreuzungen kann nach der Resistenzgenidentifikation vermutlich nachgewiesen werden, inwieweit die Resistenzen aus *baccata* bzw. *zumi* mit den Resistenzen PI1 und PI2 aus *robusta* (*M. baccata* X *M. x prunifolia* (Willd.) Borkh.) bzw. *zumi* (*M. manchurica* (Maxim.) Komarov x *M. sieboldii* (Regel) Rehder) aufgrund der Verwandtschaftsbeziehungen identisch sind.

Zur Untersuchung von Schorfresistenzgenen (Studie C) stehen über 400 F1 Nachkommen von sechs Kreuzungen mit den schorfresistenten Eltern 'Reglindis', 'Regia' und PI-AS-40,43 zur Verfügung. Die Resistenz von 'Reglindis' wird auf 'Steinantonowka' (VA)

zurückgeführt, die Resistenzen von 'Regia' und PI-AS-40,43 auf *M. pumila* Mill. R12740-7A (Vr). Die VA Resistenz ist schwach wirkend und wird entweder partiell oder polygen vererbt. Die VA Resistenz aus 'Reglindis' ist nicht identisch mit der Va Resistenz aus 'Antonovka Plant Introduction 172623': DNA-Marker-Untersuchungen haben Unterschiede zwischen beiden Resistenzträgern aufgezeigt, und die unterschiedlichen Resistenzausprägungen unterstützen dies. Die Kreuzungen wurden nach dem Schema 'VA x vA', 'Vr x vr' und 'Vr x VA' angelegt, so dass auch die Resistenzkombinationen identifiziert werden können.

Es wurde begonnen, die DNA aus den Blättern der 1200 Sämlinge der Populationen der Studie A und C zu isolieren. Dieser Teil der DNA-Isolation steht kurz vor dem Abschluss und die ersten DNA-Analysen mit RAPD-Markern wurden begonnen. Ziel ist die Selektion eng gekoppelter Marker für die spaltenden Resistenzgene mit Hilfe der 'Bulked Segregant Analysis'. In Zukunft sollen vorrangig AFLPs eingesetzt werden. Die mit den Resistenzgenen eng gekoppelten Marker sollen in der Resistenzendiagnose einsetzbar sein, so dass eine hohe Spezifität gewährleistet sein muss. Im Anschluss an die Markerselektion wird eine Kartierung der Genloci auf Genkarten durchgeführt werden, soweit die untersuchten Gene keinen bereits bekannten und kartierten Genen als Allele zugeordnet werden können.

#### Abstract:

For analysis of DNA markers closely linked to different resistance genes to apple scab and apple mildew, 17 F1 populations involving about 1.200 seedlings were selected which are segregating for corresponding resistance genes: six F1 populations with about 400 seedlings are involving resistance genes to apple scab from the cultivars 'Reglindis' and from 'Regine' for which the resistance genes VA or Vr, respectively, are described. The crosses were performed according to the following scheme 'VA x va', 'Vr x vr' and 'VA x Vr'. In 11 populations with about 800 seedlings the resistance genes to apple mildew are originated from *M. robusta* 'persicifolia' (PI1), *M. zumi* 'calocarpa' (PI2), *M. baccata* 419 (V?), *M. sieboldii* 722 (V?) and 'Dülmener Rosenapfel' (V?). First of all, the phenotypic resistance of each seedling has to be identified based on repetitive resistance tests. Each seedling was tested once at minimum, repetitions of the tests are still missing. Secondly, resistance genes will be identified using DNA-markers corresponding to phenotypic evaluation. DNA-analyses with AFLP markers and microsatellites are in preparation.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Genbank Obst Dresden-Pillnitz, Fischer, Geibel (BAZ 4133)

# Institut für landwirtschaftliche Kulturen

## Institute of Agricultural Crops

### Groß Lüsewitz

Zwei der zehn Institute der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) - das Institut für Züchtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen und das Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität - sind nahe der Hansestadt Rostock am Standort Groß Lüsewitz (Mecklenburg-Vorpommern) eingerichtet. Der Standort Groß Lüsewitz mit seiner küstennahen Gesundlage für die Kartoffelvermehrung steht in einer langen Tradition von Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, die auf die Gründung des damaligen Institutes für Pflanzenzüchtung im Jahr 1948 unter seinem ersten Direktor Prof. Dr. Rudolf Schick, einem Schüler von Erwin Baur, zurückgeht. Mit der nach der Wiedervereinigung vorgenommenen Reorganisation der agrarwissenschaftlichen Forschung in den neuen Bundesländern und der Gründung der BAZ wurde in Groß Lüsewitz der Grundstein für ein Zentrum der Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturpflanzen im Ressortbereich des BML gelegt.

Das Institut hat die Aufgabe, für ausgewählte landwirtschaftliche Kulturarten genetisch definiertes Basismaterial durch Erschließung der vorhandenen genetischen Ressourcen zu erstellen und effiziente Züchtungsmethoden zur Schaffung von Kulturpflanzen für eine leistungsfähige, ökologisch verträgliche und nachhaltige Landwirtschaft zu erarbeiten. Hierbei stehen Aspekte der gesunden Pflanze, der Produktqualität und der nachwachsenden Rohstoffe im Vordergrund. Zu diesem Zweck wird das gegenwärtig in der Pflanzenzüchtung verfügbare Spektrum klassischer, biotechnologischer und gentechnischer Verfahren eingesetzt. Die Auswahl der Kulturarten orientiert sich am langfristigen Forschungsbedarf sowie an den ökologischen und pflanzenbaulich-züchterisch relevanten Gegebenheiten.

Gegenwärtige Forschungsschwerpunkte sind:

- Erschließung und Nutzung genetischer Ressourcen zur Erstellung von Basismaterial mit erhöhter Resistenz gegen pilzliche, virale und bakterielle Schaderreger sowie verbesserter Produktqualität
- Entwicklung und Einsatz molekularer Züchtungsmethoden für die markergestützte Introgression und Selektion züchterisch bedeutsamer Merkmalsgene
- Angewandte Genomforschung an ausgewählten Kulturpflanzen und Merkmalen
- Somatische Hybridisierung durch Protoplastenfusion bei Solanaceen und Brassicaceen
- Verwendung der somatischen Embryogenese, Organogenese und Haploidentechnik bei landwirtschaftlichen Kulturarten
- Anwendung gentechnischer Verfahren zur gezielten Veränderung von Merkmalen bei Raps in Verbindung mit Freisetzungsversuchen

Schwerpunkte in der züchterischen Bearbeitung der Kartoffel durch die AG Züchtung/Basismaterial bleiben Resistenzen gegenüber *Phytophthora* und Knollenfäulen sowie Aspekte der Qualität. Neben der bereits im vorangegangenen Jahresbericht hervorgehobenen Erfolge im Groß Lüsewitzer Zuchtmaterial bei der Brechung der allgemein zu beobachtenden Korrelation zwischen *Phytophthora*-Resistenz und später bis sehr später Reife sei für den vorliegenden Jahresbericht auf die ebenfalls deutlichen Fortschritte in der Verbesserung der Kaltlagerungseignung hingewiesen, die eine wesentliche Voraussetzung für die Züchtung von Kartoffeln mit guter Veredelungseignung, insbesondere für die Verwendung als Chips und Pommes frites, darstellt. Das entsprechende Basismaterial wurde in enger Zusammenarbeit der AG Züchtung/Basismaterial und der AG Biotechnologie unter Verwendung dihaploider Klone und mit Hilfe der somatischen Hybridisierung geschaffen ( Abb. 1). Einen Überblick über die gegenwärtig am Standort laufenden Arbeiten an der Kartoffel konnten sich die Mitglieder der GFP-Abteilung Kartoffeln auf ihrer diesjährigen Sommertagung am 11. Juli,

für welche die BAZ-Groß Lüsewitz Gastgeber war, verschaffen. Wesentliche Fortschritte wurden auch hinsichtlich der Erschließung neuartiger, bisher noch kaum genutzter genetischer Ressourcen für die Gerste durch die AG Molekulare Züchtungsmethoden erzielt. Diese Arbeiten, deren übergeordnetes Ziel die Introgression neuartiger, dominanter Resistenzgene



Abb. 2: *Hordeum bulbosum* - eine neue genetische Ressource für die Züchtung krankheitsresistenter Gerste

Fig. 2: *Hordeum bulbosum* - a novel genetic resource for the breeding of disease-resistant barley

gegen Gelbmosaikviren aus der Wildart *Hordeum bulbosum* in züchterisch relevantes Basismaterial der Kulturgerste ist, führten mittlerweile zur genomischen Kartierung beider Virusresistenzgene und zur Entwicklung diagnostischer, molekularer Marker. Diese werden zur Zeit im Rahmen eines Kooperationsprojektes mit einem deutschen Züchterkonsortium für ein markergestütztes Rückkreuzungsprogramm eingesetzt. Die Forschungsergebnisse der Arbeitsgruppe am Institut offenbaren ferner, dass *H. bulbosum* auch für weitere Krankheitsresistenzen, nämlich Zwergrost und Mehltau, eine wertvolle Quelle genetischer Diversität für die Züchtung gesunder Gerste darstellt (Abb. 2). Die Erschließung genetischer Ressourcen zur markergestützten Introgression wertvoller Resistenzgene steht auch bei Roggen im Vordergrund. Dank einer engen Verzahnung der Forschungsaktivitäten der AG Züchtung/Basismaterial und der AG Molekulare Züchtungsmethoden konnten durch systematisches Screening von Genbankherkünften und Einsatz molekularer Marker bislang fünf Resistenzgene (*Lr*-Gene) identifiziert

und im Roggengenom kartiert werden. Der Aufbau isogener Linien als Grundlage für die markergestützte Kombination („Pyramidisierung“) dieser und weiterer *Lr*-Gene hat bereits begonnen (Abb. 3). Erfreulich war die hohe Wirksamkeit der Resistenzquellen unter dem extrem hohen Befallsdruck dieses Jahres.

Die Neuentwicklung molekularer Marker des Roggengenoms stellt einen weiteren Schwerpunkt der AG Molekulare Züchtungsmethoden dar. Im Rahmen eines einjährigen Kooperationsprojektes mit einem internationalen Züchterkonsortium wurden von der Arbeitsgruppe ca. 80 neue Mikrosatellitenmarker entwickelt, die nun für züchterisch angewandte Fragestellungen zur Verfügung stehen. Ein unabhängiges Forschungsvorhaben mit ähnlichem Ziel wurde im September des Jahres im Rahmen des nationalen Programms „Genomanalyse im biologischen System Pflanze“ (GABI) gestartet. In Zusammenarbeit mit Partnern aus Wissenschaft und Wirtschaft sollen SSR-Marker für das Roggengenom von der Arbeitsgruppe entwickelt und anschließend für die systematische Identifizierung wertvoller genetischer Ressourcen eingesetzt werden. Ein zweites GABI-Vorhaben, welches gleichzeitig am Institut begann, befasst sich mit der molekularen Charakterisierung von Resistenzgenen in Roggen, Gerste, Hafer und Weidelgras mit Hilfe von Resistenzgen-Analoga.

Of the ten research institutes at the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ) two institutes, namely the Institute of Agricultural Crops and the Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials, are situated in Groß Lüsewitz near the Hanseatic town of Ros-

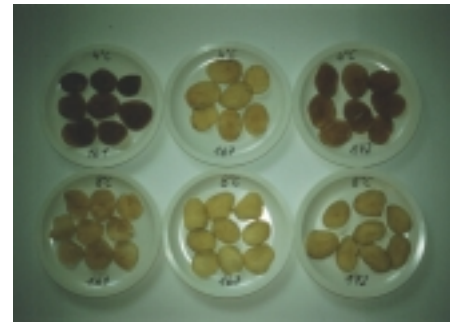


Abb. 1: Selektion von BAZ-Zuchtclonen auf Chipseignung nach Lagerung bei 4 °C (obere Reihe) im Vergleich zu 8 °C

Fig. 1: Selection of BAZ potato clones for chips quality after storage at 4 °C (row above) as compared to 8 °C

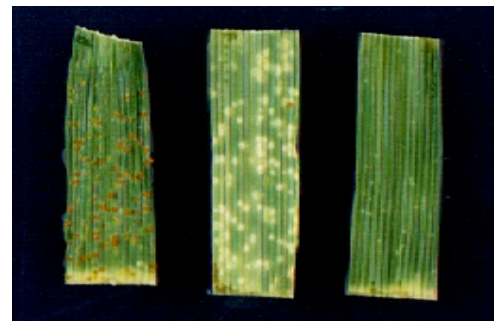


Abb. 3: Pyramidisierung von Braunrostresistenzgenen bei Roggen (1, public line (pl), anfällig; 2, pl+*Lr-a*+*Lr-c*)

Fig. 3: Pyramiding of leaf rust resistance genes in rye (1, public line (pl), susceptible; 2, pl+*Lr-a*, pl+*Lr-a*+*Lr-c*)

tock (Mecklenburg-West Pomerania). 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 Prof. Dr. 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 Federal Ministry of Nutrition, Agriculture and Forestry.

The Institute of Agricultural Crops with its three working groups has the task to develop efficient breeding methods and to create genetically defined basic materials for plant breeding, especially in relation to disease resistance, product quality and suitability as renewable resources. The spectra of 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:

- Exploitation of genetic resources to create basic materials 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
- Applied genome analysis on selected crops and traits
- Somatic hybridization by protoplast fusion in *Solanum* species and Brassicaceae
- Adaptation and use of somatic embryogenesis and haploid techniques in agricultural crop species
- Genetic engineering and field release of oilseed rape to specifically modify or generate crop traits

In potato, breeding efforts continuously focus on resistances to *Phytophthora* and rot diseases as well as on quality aspects. Besides success in breaking the generally-observed close correlation between late blight resistance and lateness there is also progress in the Groß-Lüsewitz genetic materials in respect to chips and french fries quality after storage of the tubers at 4°C for five months. The respective genetic material was produced in a close cooperation between the institute's working groups of Breeding/Basic Materials and Biotechnology by use of dihaploid plants which after selection had been somatically fused to the tetraploid level. These and other research activities in potato were presented and discussed with plant breeders in July when BAZ-Groß Lüsewitz hosted the annual summer meeting of the Association of Potato Breeders in Germany.

Substantial progress was also achieved by the third institute's working group of Molecular Breeding Methods in the exploration of novel genetic resources, i.e., *Hordeum bulbosum*, for barley breeding. Milestones of these efforts are the identification and genomic mapping of two dominant resistance genes to yellow-mosaic viruses. Diagnostic molecular markers for these genes were developed and are currently being used to run a marker-assisted backcross programme together with plant breeders. A further result of the group's research was the discovery of additional disease resistances from *H. bulbosum* toward leaf rust and powdery mildew.

Exploitation of genetic resources and marker-assisted introgression of novel resistance genes has also been a main research activity in rye. As a result of synergistic cooperation of the working groups of Breeding/Genetic Materials and Molecular Breeding Methods, a number of different leaf rust resistance genes (*Lr* genes) could be genetically analyzed and mapped within the rye genome. Development of near-isogenic lines is underway as a base for the pyramiding of *Lr* genes and resistance gene management.

*De novo* development of molecular markers for the rye genome has constituted another focus of the working group of Molecular Breeding Methods. In the course of a one-year research cooperation project with an international plant breeders' syndicate the working group developed approximately 80 novel microsatellite markers which have been made available for applied breeding purposes. A



second, independent rye SSR development project was launched in September together with scientific and commercial cooperation partners. This project runs under the national plant genome initiative GABI and aims at the systematic exploration of genetic resources for rye by use of molecular markers. A second GABI project started simultaneously at the institute deals with the molecular characterization of resistance genes in rye, barley, oats, and ryegrass by use of resistance gene analogues.

## 1. Basismaterial/Genetische Ressourcen Pre-Breeding/Genetic Resources

### 1.1. 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**

Darsow, U.

Zielsetzung/Aim:

Das langfristige Programm zum Auffinden neuer Resistenzquellen sowie zur Einführung der Resistenzgene in das Genom von *S. tuberosum* (= tbr) einschließlich der Vorlaufzüchtung bis zur BC4 berücksichtigt alle wichtigen weiteren Zuchtmerkmale in Abhängigkeit vom Verwendungszweck. Mehrjährige Resistenzprüfungen am Kraut und an den Knollen erfolgen nach angepassten Prüfungsmethoden.

The aims of a long-term programme are: discovery of new resources for 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. Several years of resistance tests on foliage and tubers are carried out by use of different methods.

Ergebnisse:

Bei einem Generationsabstand von etwa 7 Jahren kann Zuchtfortschritt bei der Kartoffel nur in größeren Zeitabständen nachgewiesen werden. Um so wichtiger ist die Züchtungsstrategie und langfristige Planung. Zur Wirkung kommen derzeit folgende Zielsetzungen:

1. Kombination von *Phytophthora*-Resistenz und früherer Reifezeit
2. Kombination von Verwertungsrichtung und *Phytophthora*-Resistenz in getrennten Unterprogrammen,
3. Verbreiterung der genetischen Basis der *Phytophthora*-Resistenz
4. Züchtung auf tetraploider und diploider Stufe.

Zur Kombination von Resistenz und Frühreife lässt sich die Bilanz ziehen, dass in 15 Jahren eine Verfrühung der Reifezeit um etwa 1 Note bei annäherndem Erhalt des Resistenzniveaus erreicht wurde. Der vorjährige Bericht gibt Anhaltspunkte für die gleichzeitige Verbesserung in einer Vielzahl weiterer Merkmale.

Eine Konzentration auf die Kombination *Phytophthora*-Resistenz und Stärkegehalt braucht eine breite Basis nicht verwandten Materials und einige Klone, die diese Kombi-

nation in geeigneter Weise ausprägen, bevor spezifische Unterprogramme greifen können. Dieser Zeitpunkt ist erreicht. Da der Hauptteil der Kreuzungen nicht Rückkreuzungen sein dürfen und eine Ausbeute von etwa 5 % besserer Nachkommen nur zu erwarten ist, müssen alle Fehlerquellen der Merkmalsermittlung minimiert werden. Die Verbreiterung der genetischen Basis schreitet fort. Neue Resistenzquellen aus *S. demissum*, *S. hjertingii*, *S. papita*, *S. stoloniferum* und *S. circaefolium* stehen im Stadium der ersten Kreuzung mit *S. tuberosum* oder der 1.–2. Rückkreuzung bzw. Geschwisterkreuzung in der Prüfung und Selektion. Sie dienen der Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Basismaterial mit möglicherweise neuen oder z. T. anderen quantitativen Resistenzgenen. Unveröffentlichte Ergebnisse dieses Jahres zeigen, dass das derzeit von uns angebotene resistente Basismaterial andere genetische Resistenzgrundlagen aufweist als jene, die in den Sorten bisher vorhanden sind.

In der Zuchtichtung „*Phytophthora*-Resistenz“ wurden im Jahr 2000 207 Klone angebaut, die wenigstens im 3. Jahr des Feldanbaus standen (B-Klone und älter). Für die Feldprüfung auf relative Krautfäuleresistenz (*Phytophthora*-Feld) stand erstmals Beregnung zur Verfügung. Wieder gab es einen Anteil mittelfrüher Klone, der nach künstlicher Inokulation um den 10. Juli und ohne Fungizidschutz weitgehend ohne stärkeren Befall abreifte. Insbesondere die Aussaatjahre 1999 und 2000 werden stärkeren Nachschub bringen.

Abstract:

Progress is obtained in respect to the four main aspects of breeding strategy: (1), the combination of late blight resistance and earliness, (2), the combination of late blight resistance with starch content or table quality in breeding sub-programmes, (3), the widening of genetic basic of resistance by using new accessions of five species, and (4), breeding on tetraploid and diploid level. Earliness of the prebreeding material could be improved by 1 score on a 1 - 9 scale during the past 15 years from middle late to between middle late and second early whilst maintaining nearly the same level of late blight resistance. 207 B clones and elder ones were grown and tested in this year.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Genbank Groß Lüsewitz, Schüler, K.; Univ. Tübingen, Schilderentschler, L.; BBA Braunschweig, Schöber-Butin, B.; Niepold, F.; Stachewicz, H.; BAZ-Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik Aschersleben, Zielke, R.; dt. Zuchtfirmen (BAZ-3114)

**1.2. Erstellung von Basismaterial mit hoher Nematoden- und Virusresistenz sowie Produktqualität in Form von 24-chromosomigen Kartoffeln unter Nutzung der somatischen Hybridisierung**  
**Breeding of diploid potato basic material with high level of resistance to nematodes and viruses and product quality by use of somatic hybridization**

Darsow, U.; Sonntag, K.; Thieme, R.

**Zielsetzung /Aim:**

Gegenüber der bisherigen komplexen Bearbeitung vieler Merkmale der Kartoffel auf dihaploider und tetraploider Stufe erfolgt eine weitergehende Orientierung auf schwierige polygene Merkmale wie Resistenz gegen *Globodera pallida* und deren Verbindung mit Qualitätseigenschaften.

Potato prebreeding at the dihaploid and tetraploid level will be focussed on troublesome polygenically determined traits like resistance to *Globodera pallida* and their combination with quality characters.

**Ergebnisse:**

Im Rahmen dieses Themas standen im Jahr 2000 120 dihaploide und 115 tetraploide Klone in der Leistungsprüfung, 41 im Kreuzungsprogramm, 697 A-Klone und 1400 Einzelstauden im Feld.

Neue Quellen der Resistenz gegenüber *Globodera pallida* stammen aus *Solanum sparsipilum* und *S. berthaultii* und liegen in Kreuzung mit dihaploidem *S. tuberosum* bzw. in tetraploidem Fusionat vor. Weitere untersuchte Klone reiner Wildarten werden zur Kreuzung vermehrt.

Veredlungseignung gewinnt stetig an Bedeutung. Ein wesentliches Kriterium dabei ist der Gehalt reduzierender Zucker, der die Farbe der Chips und Pommes bestimmt. Ein Ersatz der Keimhemmungsmittel durch Lagerung bei 4°C statt bisher üblich 8°C bzw. langer Erwärmung vor der Verarbeitung verschärft diese Anforderung. Entsprechende Züchtungsarbeiten beim Basismaterial erfolgen seit 1991 auf dihaploider Stufe. Als Beispiel für den Zuchtfortschritt hinsichtlich der Produktfarbe wird in Tabelle 1 die Entwicklung bei Pommes frites dokumentiert.

Tab. 1: Anteil (%) dihaploider Klone in Gruppen der Pommes-Färbung nach fünfmonatiger Lagerung bei 4 °C  
 Table 1: Percentage (%) of dihaploid clones in groups of discoloration of French fries after potato storage at 4 °C for five months

Jahr	Anzahl Klone	Farbe der Pommes frites					
		9-8	7	6	5	4	3-1
1992	250	0	0,8	4,4	21,2	28,0	45,6
1995	47	10,6	10,6	14,9	27,8	23,4	12,7
1999	107	21,5	23,4	27,1	13,1	13,1	1,8

Für die Gesamtbeurteilung des Zuchtwerts für Pommes-frites-Eignung sind darüber hinaus aber besondere Anforderungen hinsichtlich Knollenform (lang), Knollengröße (groß, einheitlich) und des Stärkegehalts ( $\geq 17\%$ ) zu erfüllen. Bezüglich der Form und Größe steht der Hauptteil der züchterischen Arbeit noch aus.

Bezüglich der Chipseignung laufen die Untersuchungen und Kreuzungen weiter, Fusionen werden ebenfalls als Möglichkeit der Elternkombination herangezogen, um männliche Sterilität zu umgehen. Auf Speiseeignung oder hohen Stärkegehalt wird alternativ ausgelesen. Ziel ist die Kombination mit weiteren wichtigen Merkmalen, wie z. B. Resistenz gegen *Globodera pallida*. Beim Klon BAZ-GL-86.625.1 ist diese Kombination z. B. mit hohem Stärkegehalt gelungen. 19 dihaploide Klone, die wegen ihrer Qualität oder Resistenz zur Fusion vorgesehen wurden, sind im Jahr 2000 in die In-Vitro-Kultur aufgenommen worden. Aus dem Programm des Vorjahres konnten nur bei 16 von 44 vorgesehenen Kombinationen Regenerate erzeugt werden. Unter 164 tetraploiden Fusionaten erwiesen sich 10 % als Hybriden, von denen Knollen erzeugt wurden. 123 ältere Fusionate wurden zur Knollenbildung gebracht, um in den folgenden Jahren auf ihren Stärkegehalt untersucht zu werden.

**Abstract:**

In the framework of this project 120 dihaploid and 115 tetraploid clones were grown in field trials for assessment of traits, 41 were crossed, 697 clones grew in the second

and 1400 in the first year in the field. Focus is laid on the aspects: processing quality, starch content, table quality, resistance to *Globodera pallida* and combination of resistance and quality. The main breeding work is carried out at the diploid level. Results of decreasing discoloration of french fries by breeding are given in table 1. Progress in tuber shape, tuber size and uniformity are tasks for the future. Low output was obtained in the fusion programme of 1999/2000.

In Zusammenarbeit mit: BAZ-Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik Aschersleben, Zielke, R.; BAZ Aschersleben, Kleemann, M.; BBA Braunschweig/Kleinmachnow, Niepold, F., Stachewicz, H.; IPK Gatersleben, Genbank Groß Lüsewitz, Schüler, K. (BAZ-3130)

**1.3. Verbesserung der quantitativen Phytophthora-Resistenz der Kartoffel für Entwicklungsländer**  
**Improvement of quantitative resistance to late blight of potato for developing countries**

Darsow, U.

**Zielsetzung/Aim:**

In diesem Drittmittelprojekt, das im wesentlichen durch Markererprobung und -entwicklung gekennzeichnet ist, besteht unser Teil in der Durchführung von Resistenzprüfungen und Kreuzungen, Zugabe von Kreuzungspartnern und gegebenenfalls in Markererprobung.

This joint project is mainly focussed on the application of marker technology for the selection of late blight resistance. Our part concerns the assessment of late blight resistance with different methods, addition of breeding material, crossings and testing of markers.

Ergebnisse:

Das Jahr 2000 ist das letzte im Rahmen dieses BMZ-Projekts. Die Untersuchungen richteten sich auf die in Peru ausgewählte PD-Population mit 246 Klonen aus der Kreuzung *Solanum phureja* x *S. tuberosum* dihaploid. Dieses Material erwies sich nach südamerikanischen Ergebnissen geeignet als spaltende Population für molekularbiologische Untersuchungen zur *Phytophthora*-Resistenz in Peru.

Wir bewerteten die Resistenz dieses Materials unter mitteleuropäischen Bedingungen (Langtag, gemäßigte Temperaturen) an Kraut und Knollen. Dabei zeigte sich von Anfang an ein anderes Resistenzverhalten als bei unserem Basismaterial aus anderen Quellen. Die PD-Population ist an Kurztagsbedingungen adaptiert. Wir konnten in der Reifezeit nur geringe Variation (Note 1,3...2,6 in der Skala von 1 - 9, 1 = extrem spät) innerhalb der sehr späten Reifegruppe erkennen. Krautfäuleinfektionen erfolgten in der Feldprüfung mit Inokulation z. T. noch vor Blühbeginn. Anfangs war die Ausbreitung längere Zeit gehemmt; nach Überschreiten einer physiologischen Schwelle in der Ontogenese schritt die Krautfäule jedoch zügig fort. Es blieb der Eindruck, dass dem Abwehrverhalten im wesentlichen eine physiologische Komponente zugrunde liegt. Das Niveau der genetisch bedingten relativen Krautfäule-resistenz des *S.-phureja*-Elters genügt den Erfordernissen unter mitteleuropäischen Bedingungen nicht. Die zweijährigen Mittelwerte der Krautfäule-resistenz in der Feldprüfung ergaben die Note 3,0 in der Skala 1 - 9 (9 = sehr resistent, 1 = sehr anfällig) für die Population bei einer Variation von 1,0 (Minimum) bis 7,0 (Maximum). Gute Resistenz in Peru und Ecuador erwies sich in Europa in diesem Falle als unzureichend. Damit wird die Auswirkung unterschiedlicher Umweltbedingungen und Pilzpopulation auf die relative *Phytophthora*-Resistenz eindrucksvoll belegt.

Für die Braunfäule-resistenz dieser Population liegen ebenfalls zweijährige Ergebnisse vor. Für die Population ergab sich ein Mittelwert von Note 3,4 bei einem Minimum von Note 1,5 und Maximum von 6,3. Damit ergab sich auch in der Braunfäule-resistenz nach unseren Maßstäben ein unzureichendes Resistenzniveau. Entsprechend lag der natürliche Braunfäulebefall im Mittel der Jahre 1999 und 2000 auf dem „*Phytophthora*-Feld“ bei 11,6 % in einer Variation zwischen 0 % und 67 % zwischen den Klonen. 24 % der Klone wiesen einen Befall zwischen 12 % und 20 % auf.

Im ersten Projektjahr wurden nach peruanischer Resistenzbewertung und ersten eigenen Eindrücken Eltern zur ersten Rückkreuzung mit dihaploiden Kulturkartoffeln ausgewählt bzw. Selbstungen erzeugt und die Samen sofort ausgesät. Einjährige Feldprüfung dieser Nachkommenschaften auf *Phytophthora*-Resistenz entspricht den Ergebnissen der PD-Population. Unter 259 Nachkommen aus 7 Populationen erscheinen 3-4 Klone wert, ein zweites Jahr geprüft zu werden. Klone daraus bzw. weitere

Samen unter Nutzung der besten Klone werden zur Abgabe nach Peru bereitgehalten.

Abstract:

Results of both years of assessment of late blight resistance on foliage and tubers were in good agreement. In contrast to South American conditions, genetically determined late blight resistance of the PD population appears insufficient under Middle European conditions. The resistance of foliage ranged from 1 - 7 in a 1 - 9 scale (9 = highly resistant). Tuber resistance varied from 1.5-6.3; 0-67 % of the tubers in the field were naturally infected. In the backcross generation 3 - 4 clones among a total of 259 clones were good enough to continue the assessment for a second year. The project is finished. Seeds and a few clones are offered to CIP, Lima, Peru.

In Zusammenarbeit mit: CIP Peru, Trognitz, B.; Bonierbale, M.; Ghislain, M.; Nelson, R.; Landeo, J.; MPIZ Köln-Vogelsang, Gebhardt, Ch.; BBA Braunschweig, B. Schöber-Butin  
(BAZ-3133, gefördert durch das BMZ)

#### **1.4. Freisetzungsversuch zum Einfluss transgener, T4-Lysozym produzierender Kartoffellinien auf Nicht-Zielorganismen**

##### **Field release of transgenic, T4 lysozyme-producing potato plants in respect to their impact on non-target organisms**

Darsow, U.; Wehling, P.

Zielsetzung/Aim:

Im Rahmen der Begleitforschung zu transgenen Kulturpflanzen sollen in einem zweijährigen Freisetzungsversuch in Groß Lüsewitz transgene Kartoffelpflanzen geprüft werden, die das T4-Lysozymgen tragen. Die Freisetzung erfolgt als Teil eines Verbundprojektes, bei welchem es vorrangig um die Wirkung der transgenen Kartoffeln auf Nicht-Zielorganismen geht und das dem BMBF-Förderschwerpunkt „*Freisetzung gentechnisch veränderter Pflanzen und Mikroorganismen im Zusammenhang mit einer biologischen Begleitforschung*“ im Programm Biotechnologie 2000 angegliedert ist. Das Verbundprojekt hat den Titel „*Untersuchungen zum Einfluss transgener, T4-Lysozym produzierender Kartoffellinien auf Mikroorganismen im Freiland*“ und ist in zwei Teilprojekte gegliedert, nämlich „*Analyse der Auswirkungen von transgenkodiertem T4-Lysozym auf pflanzenassoziierte bakterielle Nützlinge*“ und „*Analyse der Auswirkungen von transgenkodiertem T4-Lysozym auf *Rhizobium leguminosarum* im Freiland*“.

In a three-year field release transgenic potato clones are tested which carry the lysozyme gene from bacteriophage T4. The expression of the transgene which is primarily directed towards soft rot disease and shall be tested for its possible impacts on non-target microorganisms. The field release is part of a joint research project on the safety aspects of transgenic plants and is funded by the German Ministry of Education and Research.

Ergebnisse:

Der Freisetzungsversuch 2000 stand im zweiten und letzten Jahr. Unser Anteil im Verbund der Bearbeiter bezog

sich auf die Versuchsanlage und -betreuung unter den Aspekten: 1. Pflanzguterzeugung für die Versuchsdurchführung möglichst ohne Virusbefall (Gesundlage), 2. Versuchsanlage mit weitgehend gesunden Pflanzen zur Ermittlung der Wirkung der transgenen Veränderung auf Nichtzielorganismen an der Knollenoberfläche und im Wurzelbereich (normale Pflanzenschutzmaßnahmen durchgeführt), 3. Untersuchung der Auswirkung gentechnischer Veränderungen auf Kartoffelpathogene (keine Beizung, keine Fungizidbehandlung während der Vegetation, Inokulation mit *Phytophthora infestans* Mitte Juli). Dazu bedurfte es räumlicher Trennung und unterschiedlicher Bearbeitung der drei Versuche auf etwa 1500 m<sup>2</sup>. Die Versuche 2 und 3 enthielten 5 bzw. 4 Wiederholungen mit je 18 Pflanzen der Sorte 'Desiree' (Kontrolle), von Klon 1 ('Desiree' mit Markergen) und drei Lysozym exprimierenden Klonen (DL10, DL11, DL12). Die Ergebnisse der Testung auf Virusbefall (ELISA) und die Symptomausbildung während der Vegetation deuten auf erhöhte PVY-Anfälligkeit, insbesondere bei DL11 gegenüber der Kontrolle.

Die Freisetzungsversuche 2000 konnten störungsfrei und planmäßig durchgeführt werden. Die wissenschaftlichen Ergebnisse werden von den jeweiligen Bearbeitern vorgelegt. Zusätzliches Pflanzgut bzw. Untersuchungsmaterial für 2001 wurde den beteiligten Interessenten überlassen.

#### Abstract:

The field release was performed with tree objectives:

1. Propagation of transgenic clones free of viruses and PSTV for further investigations, 2. impact of transgene expression of three T4 lysozyme-producing clones on non-target organisms on tuber surface and in mean root room, with non-transgenic as well as *nptII*-transgenic 'Desiree' clones as negative controls and 3. impact of these clones on potato pathogenes. Transgenic clone DL11 showed higher susceptibility to PVY. Transgenics were assessed for their biological effects by project partners.

In Zusammenarbeit mit: Universität Rostock, Fachbereich Biologie, Erdmann, N.; Broer, I.; Berg, G.; Universität Oldenburg, Fachbereich Biologie, Wackernagel, W.; BBA Braunschweig, Institut für Biochemie und Pflanzenvirologie, Smalla, K.; BioMath GmbH Rostock, Schmidt, K.; Prophyta GmbH Malchow/Poel, Lüth, P.; MPB Cologne GmbH Köln, Düring, K.

(BAZ-3115, gefördert durch das BMBF)

### 1.5. 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.

#### Zielsetzung/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 Vererbungsanalyse 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 genetic analysis of these traits is the major goal.

#### Ergebnisse:

Zur Selektion weiterer potenzieller Resistenzquellen gegen Braunrost (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*), Mehltau (*Erysiphe graminis*), Blattflecken (*Rhynchosporium secalis*) und Schwarzrost (*Puccinia graminis*) wurden im Jahr 2000 insgesamt 85 Genbankherkünfte in einer Mikroprüfung (1,5 m<sup>2</sup>, Dünnsaat) auf ihren Befall unter natürlichem Infektionsdruck untersucht. In einer zweiten Prüfparzelle in normaler Saatstärke erfolgte parallel die Erfassung verschiedener agronomischer Merkmale (Standfestigkeit, Wuchshöhe, TKG usw.).

Bei einem mittelstarken natürlichen Befall konnten 6 Akzessionen ohne jegliche Mehltausymptome registriert werden. Das starke Auftreten von *Rhynchosporium*-Blattflecken im Berichtsjahr zeigte sich an einem hohen Befall der Standardsorte 'Motto'. Jedoch wies 1 Population des geprüften Materials einen nur schwachen bis mittleren Befall mit dieser Krankheit auf und soll zur Erschließung einer möglichen Resistenz weiter bearbeitet werden. Eine Erfassung der Anfälligkeit gegenüber Schwarzrost konnte im Anbaujahr 2000 aufgrund des späten und schwachen Auftretens dieser Krankheit nicht durchgeführt werden. Im Gegensatz zum Schwarzrost trat Braunrost früh und extrem stark auf. Auch die als wenig anfällig eingestufte Standardsorte 'Motto' wies 2000 einen sehr starken Befall auf. Insgesamt konnten in der angelegten Prüfung eine Population mit schwachem bis mittlerem Befall und 3 Populationen mit mittlerem Befall selektiert werden. Die in den vergangenen Jahren nach der gleichen Methode selektierten potenziellen Braunrostresistenzquellen zeigten auch in dem extremen Braunrostjahr 2000 nur schwache bis mittlere Befallsgrade.

Aufgrund der wirtschaftlichen Bedeutung von Braunrost wurden von den in den Vorjahren in entsprechenden Prüfungen selektierten Populationen in erster Linie potenzielle Braunrost-Resistenzquellen weiter bearbeitet. Dabei konnten aus 36 Vollgeschwisterfamilien (VGF) aus einer

1998 selektierten Population mit geringem Braunrostbefall 3 VGF selektiert werden, die dem extremen Befallsdruck 2000 standhielten und nur geringste Befallssymptome zeigten. Diese VGF sollen zum Aufbau von spaltenden Populationen für Arbeiten zur genetischen Charakterisierung in Kreuzungen mit der hochanfälligen Inzuchtlinie L301-N eingesetzt werden. Eine VGF aus einer bereits 1997 selektierten Population wurde im Berichtsjahr sowohl im In-Situ-Blattsegmenttest im Keimpflanzenstadium als auch im Freiland geprüft. Dabei reagierten alle geprüften Pflanzen im In-Situ-Blattsegmenttest anfällig und im Gegensatz dazu im Freiland ausnahmslos resistent. Diese Ergebnisse deuten auf die Existenz einer reinen Adultpflanzenresistenz in dieser Population hin. Kreuzungen mit L301-N wurden bereits erstellt.

Spaltende Populationen der bereits kartierten Braunrostresistenzgene *Lr-c* und *Lr-g* wurden ebenfalls in In-Situ-Blattsegmenttests im Keimpflanzenstadium und im Freiland geprüft. Dabei konnten für *Lr-c* ( $n=99$ ) und *Lr-g* ( $n=132$ ) Übereinstimmungen von 81% bzw. 95% festgestellt werden. Dies weist auf eine stadienunabhängige Wirksamkeit dieser Resistenzgene hin.

Aus weiteren 5 in den vergangenen Jahren selektierten Resistenzquellen wurden spaltende F<sub>2</sub>-Populationen nach Kreuzung mit L301-N entwickelt. Bisher konnten in In-Situ-Blattsegmenttests aufgrund der außergewöhnlichen Empfindlichkeit der Genotypen gegenüber den Testbedingungen (Anthozyanverfärbung; vorzeitige Blattseneszenz) noch keine eindeutigen Ergebnisse zur genetischen Charakterisierung der Resistenzen erzielt werden. Erste Hinweise auf eine einfache genetische Kontrolle liegen jedoch vor. Deren Verifizierung soll durch die Feldprüfung der gesamten F<sub>2</sub>-Populationen im Vegetationsjahr 2001 erfolgen.

Die Einlagerung der bereits kartierten Resistenzgene *Lr-a*, *Lr-b*, *Lr-c*, *Lr-g* und *Lr-h* in L301-N zur Bildung isogener Linien wurde fortgesetzt und BC<sub>2</sub>- bzw. BC<sub>3</sub>-Generationen wurden erstellt. BC<sub>2</sub>-Familien für die aufgrund ihrer charakteristischen Resistenzreaktionen im In-Situ-Blattsegmenttest phänotypisch gut zu unterscheidenden Gene *Lr-a* und *Lr-c* wurden in Pyramidisierungskreuzungen eingesetzt. In In-Situ-Blattsegmenttests daraus resultierender F<sub>1</sub>en war anschließend eine phänotypische Differenzierung von Trägern der verschiedenen *Lr*-Gene eindeutig möglich. Die molekulargenetische Verifizierung dieser Ergebnisse steht noch aus.

Neben molekulargenetischen Ansätzen (s. BAZ-3140) wurden zur Differenzierung einiger der bearbeiteten *Lr*-Gene in In-Situ-Blattsegmenttests verschiedene Einzelpustelisolat eingesetzt. Aufgrund seiner Anfälligkeit gegenüber dem hochvirulenten Einzelpustelisolat NBK4 konnte *Lr-g* eindeutig als weiteres *Lr*-Gen von den Genen *Lr-c* und *Lr-h*, die auch gegenüber NBK4 resistent reagierten, unterschieden werden.

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 85 accessions from different genebank collections

which were tested in 2000 for resistances to leaf rust, stem rust, powdery mildew, and scald under natural infection pressure, 5 potential sources of resistance showing little to medium leaf rust symptoms, were selected. Additionally, for the majority of sources for leaf rust resistance selected in the years before, the level of resistance was confirmed in the field in 2000. The extreme high natural infection pressure in this year was demonstrated by the high infestation of the reference variety 'Motto'. Concerning scald, one population was found to allow little to medium infestation and thus represents a potential source for resistance.

The results of detached-leaf tests of segregating generations of the leaf rust resistance genes *Lr-c* and *Lr-g*, which were already mapped, show a high conformity with field tests in 2000. This indicates that *Lr-c* and *Lr-g* are effective in the seedling as well as in the adult plant stage. Furthermore, comparison of resistance reactions towards different single-pustule isolates in detached-leaf tests clearly indicated that *Lr-g* represents a resistance gene distinct from *Lr-c* and *Lr-h*.

Concerning *Lr-a*, *Lr-b*, *Lr-c*, *Lr-g*, and *Lr-h* the development of nearly-isogenic lines on the basis of L301-N was continued and the pyramiding of different *Lr* genes was initiated.

In Zusammenarbeit mit: VIR (St. Petersburg), Solodukhina; Universität St. Petersburg; Voylovkov; BAZ, Inst. f. landwirtschaftl. Kulturen, Groß Lüsewitz, Ruge, (BAZ-3140) (BAZ-3122)

## 1.6. Untersuchungen zur Nutzung und züchterischen Verbesserung von perennierendem Roggen

### Investigations on the use and breeding improvement of perennial rye

Roux, S. R.

Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe eines rekurrenten Selektionsprogramms soll die Perennierungsfähigkeit des bearbeiteten Materials verbessert werden.

The character 'perennial habit' will be improved by the means of recurrent selection.

Ergebnisse:

Der 3. Zyklus eines rekurrenten Selektionsprogramms zur Steigerung der Perennierungsfähigkeit im untersuchten Material wurde im Oktober 1999 begonnen. Die im 2. Zyklus im Anbau in Groß Lüsewitz und die in der Feldprüfung an der Universität Stuttgart-Hohenheim selektierten Subpopulationen wurden dabei in getrennten Blöcken angelegt. Die beiden Subpopulationen umfassten 360 bzw. 355 Einzelpflanzen, die mit jeweils 2 Klonteilen ausgepflanzt wurden.

Die im Herbst 2000 erfasste Perennierungsfähigkeit betrug in dem Hohenheimer Material 51,0 % [mindestens 1 Klonteil der Einzelpflanze perennierend (KT1)] bzw. 29,6 % [beide Klonteile perennierend (KT2)]. In der Subpopulation, die im 2. Zyklus in Groß Lüsewitz selektiert wurde, wurde eine Perennierungsfähigkeit von 77,2 %

(KT1) bzw. 53,0 % (KT2) beobachtet. Die Perennierungsfähigkeit ergab sich hierbei aus dem Anteil im Herbst 2000 vorhandener, neu ausgetriebener Pflanzen, prozentual bezogen auf die Pflanzenzahlen im Frühjahr des Jahres.

Verglichen mit den in den vergangenen Jahren in Groß Lüsewitz durchgeführten Prüfungen konnten im Berichtsjahr die sehr hohen Perennierungsraten von 1998 nicht erreicht werden. Die Raten des Jahres 2000 lagen jedoch weiterhin deutlich über den Perennierungsraten zu Beginn der Selektionsarbeiten.

Im Frühjahr 2001 werden anhand der Merkmale Lagerneigung, Vitalität, TKG und Fallzahl aus den mit jeweils 2 Klonteilen perennierenden Einzelpflanzen beider Subpopulationen insgesamt ca. 100 Einzelpflanzen selektiert und diese im Jahr 2001 zum Start eines neuen Zyklus durchkreuzt.

Abstract:

Two subpopulations derived from the 2<sup>nd</sup> cycle of a recurrent selection programme at the locations Groß Lüsewitz and Stuttgart-Hohenheim were tested in 2000 with 360 and 355 plants, respectively, and 2 clones per individual. Besides the trait 'perennial habit' several agronomical traits were assessed.

The subpopulation which was selected in Groß Lüsewitz revealed a 'perennial habit' (difference of the number of plants in spring and autumn of 2000) of 77.2 % (at least 1 clone perennial) and 53.0 % (both clones perennial).

In Zusammenarbeit mit: Universität Hohenheim, Stuttgart, Geiger; Landessaatzuchtanstalt, Stuttgart, Miedaner. (BAZ-3129)

### **1.7. Erstellung von Basismaterial bei Hafer mit Resistenz gegen Echten Mehltau und Gerstengelbverzweigungsvirus**

#### **Development of oat germplasm with resistance to powdery mildew and barley yellow dwarf virus**

Herrmann, M.

Zielsetzung/Aim:

Mehltauresistentes Ausgangsmaterial unterschiedlicher Abstammung wird über Rückkreuzungen mit virustolerantem Material kombiniert. Dabei werden vorwiegend Resistenzquellen aus Wildhaferarten (*Avena occidentalis*, *A. prostrata*, *A. strigosa*) als Donoren für Mehltauresistenz und Toleranz gegen Barley Yellow Dwarf Virus (BYDV) genutzt. Ergänzend dazu wird die Vererbung der Resistenzen untersucht und eine Methode zur Erzeugung doppelhaploider Haferlinien entwickelt.

Resistances to powdery mildew and barley yellow dwarf virus will be combined using backcrosses and wild oats (*Avena occidentalis*, *A. prostrata*, *A. strigosa*) as donors for resistances. Additionally, the inheritance of resistances will be investigated and a method to generate double-haploid oat lines is being developed.

Ergebnisse:

Zur Übertragung der Mehltauresistenzen aus den *A. strigosa*-Herkünften AVE 128 und AVE 488 und der

BYDV-Toleranz aus der *A. strigosa*-Sorte 'Saia' auf Saathafer wurden in einem umfangreichen Kreuzungsplan Bastarde zwischen AVE128 und *A. sativa* erzeugt. Weiterhin wurde eine F1 zwischen AVE488 und einer Kreuzung aus 'Saia' und *A. longiglumis* CW57 geschaffen, die als Brückenform zur Übertragung der Resistenzen auf *A. sativa* dienen soll.

Für die Etablierung einer Methode zur Erzeugung doppelhaploider Haferpflanzen über Maispollenbestäubung wurden die Einflussfaktoren Maisgenotyp und Auxinbehandlung (Wirkstoffkombination) auf die Ausbeute haploider Embryonen untersucht. Bei der insgesamt sehr geringen Embryoausbeute zwischen 0 % und 7 % bezogen auf die Anzahl kastrierter Blüten war ein signifikanter Effekt seitens des Maisgenotyps und der Auxinbehandlung nicht nachweisbar.

Im Freilandversuch wurden 29 selektierte Einzelpflanzennachkommenschaften mit Mehltauresistenzen aus *A. macrostachya* CAV5264, *A. occidentalis* CAV3889, *A. prostrata* CAV5263 und *A. pilosa* CAV0128 in den Merkmalen Datum Rispenstehen, Wuchshöhe, Standfestigkeit, Homogenität, Mehltaubefall, Strohabreife, Kornertrag pro Rispe, Tausendkorntmasse und Spelzengehalt geprüft. Von 30 weiteren Zuchtstämmen wurde ferner in Zusammenarbeit mit der BBA die BYDV-Toleranz ermittelt. Als Ergebnis wurden agronomisch positive Zuchtstämmen mit kombinierter Resistenz gegen Mehltau und BYDV für die weitere Bearbeitung selektiert.

Abstract

Hybrids of powdery-mildew resistant *A. strigosa* accession AVE128 with *A. sativa* genotypes have been developed to transfer the powdery mildew resistance to *A. sativa*. Furthermore, a F1 between *A. strigosa* AVE488 and a hybrid between cv. 'Saia' and *A. longiglumis* CW57 was produced.

Investigations to generate double-haploid oat plants were focussed on the factors influencing embryo frequencies after pollination with maize pollen. In this period no influence of maize genotypes out of three was significant and no higher frequency of embryo formation per parthenocarpic caryopses after dipping the panicles in a solution of 50mg/l ABA + 100ppm 2,4-D in comparison with other solutions was observed.

In Zusammenarbeit mit: Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Biochemie und Pflanzenvirologie, Huth, W.

(BAZ-3118)

**1.8. 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**

Herrmann, M.

Zielsetzung/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 sowie Genbankherkünfte bezüglich der relevanten Merkmale untersucht.

To develop triticale lines resistant to lodging, preharvest sprouting and diseases primary triticales are combined with high-yielding genotypes. Furthermore, genebank accessions and advanced breeding lines will be selected for the relevant traits.

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' gekreuzt und geselbstet. Erste Ergebnisse zur Fertilität anhand der F2- bzw. F3-Generation sind in Tab. 1 dargestellt.

Tab. 1: Kornzahl pro Pflanze von unterschiedlichen Kreuzungsnachkommen mit primären Triticale  
Table 1: Kernel number per plant of different combinations with primary triticale

Abstammung Mütter			Kornzahl pro Pflanze (Gewächshaus 2000)			
primärer Triticale		1. Kreuzung	2. Kreuzung mit			
Weizen	Roggen	mit	'Trimaran'	KIHALA <sup>1)</sup>	Selbstung	
			F2	F2	F3	Mittelwert
'Bovictus'	'Hacada'	'Vision'	172,0	44,5	151,5	122,7
'Bovictus'	'Hacada'	'Vision'	161,5	92,3	64,3	106,0
'Pegassos'	'Hacada'	'Vision'	69,5	61,5	62,0	64,3
'Piko'	'Motto'	'Lasko'	114,3	86,8	22,5	74,5
'Piko'	'Motto'	'Lasko'	79,0	39,0	42,5	53,5
WW2509	'Motto'	'Vision'	123,3	69,0	95,3	95,8
'Kimon'	'Motto'	'Vision'	140,8	61,8	74,0	92,2
'Lindos'	'Motto'	'Vision'	167,8	55,3	13,0	78,7
'Aristos'	'Motto'	'Vision'	91,3	96,0	69,0	85,4
'Aristos'	'Motto'	'Vision'	201,0	106,5	97,8	135,1
Mittelwerte			132,0	71,3	69,2	
'Trimaran' (Standard)						203,0

<sup>1)</sup> Fertile F1 von ('Kimon' x 'Hacada') x 'Lasko'

Hierbei zeigt sich bereits in der F2 ein deutlicher Fertilitätsgewinn nach einmaliger Kreuzung mit der Sorte 'Trimaran'. Die Rekombination mit einer fertilen Triticale-F1 und die Selbstungsvariante sind in der Fertilität, im Reifeverhalten und in der Kornbonitur im Mittel über alle Kombinationen schlechter als die Kreuzung mit 'Trimaran'. Ein starker Einfluss wird jedoch auch seitens des mütterlichen Genotyps deutlich, wobei angenommen werden kann, dass die meiotischen Störungen in den primären Weizen-Roggen-Bastarden zu den signifikanten mütterlichen Effekten geführt haben.

In einem weiteren Selektionsprogramm mit primären Triticale, in denen auswuchsfeste Roggenstämme als Kreuzungspartner einbezogen waren, standen in diesem Jahr 115 F3-Familien im Zuchtgarten. Diese wurden einzelpflanzenweise auf Blattgesundheit, Reife, Auswuchsfestigkeit, Fertilität und Kornbonitur selektiert. Es wurde eine starke interfamiliäre als auch intrafamiliäre Variabilität für Homogenität, Wuchshöhe, Bestockung,

Reifeverhalten, Auswuchsneigung nach Provokation, TKG und Fertilität festgestellt und für die Selektion genutzt. Von den insgesamt 9100 Pflanzen wurden 112 für die Weiterbearbeitung selektiert.

Das mehrortige Evaluierungsprogramm von Genbankkzessionen auf Resistenzen und Qualitätsmerkmale in Zusammenarbeit mit der Landessaatzuchtanstalt Stuttgart, der SAKA-GmbH, der Nordsaatzuchtgesellschaft m.b.H. und Lochow-Petkus-GmbH wurde fortgesetzt. Hierzu wurden in dieser Prüfperiode 76 Genotypen in je einer Doppelreihe pro Ort angebaut, wobei in Groß Lüsewitz, Hohenheim und Langenstein (Nordsaat) die Fusariumresistenz unter künstlicher Inokulation geprüft wurde. Bei starker Differenzierung des Sortimentes in diesem Jahr lagen die hochsignifikanten Korrelationskoeffizienten zwischen den Fusariumboniturwerten der drei Orte zwischen 0,66 und 0,83.

In einer Leistungsprüfung wurden Triticale-Zuchtstämme hinsichtlich Ertragskomponenten und Ertrag, Datum Äh-

renschieben, Resistenz gegen *Rhynchosporium*, Wuchshöhe, Hektolitergewicht, Fallzahl und Auswuchs unter Provokation mit den Genotypen des EUCARPIA-Triticale-Versuches verglichen. Als unzureichend muss die Auswuchsfestigkeit im Gesamtversuch bezeichnet werden.

#### Abstract

To develop basic genetic materials with resistances to scab, preharvest sprouting and lodging, the crossing programme of primary triticale with secondary triticale was continued. Up to now the most fertile recombined triticales where derived from two crosses of primary triticales with secondary triticale cultivars. Progenies out of this programme were selected for improvements in fertility, lodging resistance, preharvest sprouting and seed shrivelling.

The joint programme to evaluate genebank accessions for lodging resistance, heading date, head blight resistance and other traits was continued. In this period 76 genotypes were seeded at 5 locations. Evident differences were recorded for disease ratings after inoculation with *Puccinia recondita*, *P. striiformis* and *Fusarium culmorum*. The coefficients of correlation between the *Fusarium* head blight ratings at 3 locations where highly significant.

Secondary hexaploid triticale lines and the EUCARPIA Triticale Yield Nursery were seeded in drillplots and yield, yield components, date of heading, diseases, lodging, plant height, testweight, falling number and sprouting after provocation were measured. In all recorded features significant differences occurred between the genotypes but there was generally a very weak sprouting resistance in this material.

In Zusammenarbeit mit: LSA Stuttgart, Oettler, G.; SAKA GmbH, Wahle, G.; Nordsaat Saatzucht GmbH, Schachschneider, R.; Lochow-Petkus-GmbH, Schinkel, B.  
(BAZ-3119)

### 1.9. 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 Freisetzungsvorsuches ist es, die Stärke und Stabilität der Expression des Thioesterasegens ClFatB4 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 ClFatB4 from *Cuphea lanceolata* displays 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 released in the field since 1996. The objectives are (1) to study the stability and strength of transgene expression, (2) to select suitable basic material for breeding and (3) to produce sufficient amounts of rapeseed from transgenic lines with high C14:0 content for studies of seed and oil processing.

#### Ergebnisse:

Die Selektion auf hohen C14:0-Gehalt war 1996 an transgenen Linien aus insgesamt 5 Primärtransformanten (OTL) begonnen worden. Nachdem die Linien aus OTL T95-3 1997 keine Reaktion auf die Selektion auf erhöhten C14:0-Gehalt zeigten (s. Jahresbericht 1999), sind gegenwärtig transgene Linien aus den OTL T95-1, T95-2, T95-6 und T95-7 im Selektionsprogramm vertreten. Offensichtlich ist mit der Selektion inzwischen das Potential des C14:0-Gehaltes ausgeschöpft worden, denn es konnte über mehrere Generationen keine signifikante Zunahme festgestellt werden. Wie die Tabelle 1 zeigt, war dies in den Linien aus T95-1 in T<sub>7</sub> und in den anderen Linien in T<sub>6</sub> der Fall.

Tab. 1: Wirkung der Selektion über 5 Generationen (T<sub>4</sub> – T<sub>8</sub>) auf den mittleren C14:0-Gehalt der transgenen Linien in Abhängigkeit von der Abstammung (OTL)

Table 1: Effect of 5 cycles of selection (T<sub>4</sub> – T<sub>8</sub>) on the mean C14:0 content of transgenic lines with respect to their origin (OTL)

Generation	C14:0-Gehalt (%) <sup>1)</sup>			
	OTL			
	T95-1	T95-2	T95-6	T95-7
T4	8,8 a	2,1 a	10,0 a	8,6 a
T5	9,8 b,f	2,7 a	10,7 b	9,2 a
T6	10,2 a	13,1 b,e	14,1 c,f	12,9 b,e
T7	12,5 d,g	12,4 c,e	13,5 d,f	13,2 c,e
T8	12,2 e,f,g	12,6 d,e	13,1 e,f	12,6 d,e

<sup>1)</sup> Spalten-Werte mit gleichem Buchstaben sind nicht signifikant verschieden  
Studentisierter Spannweitentest nach Tukey, unbalancierte Daten,  $\alpha = 0.01$

<sup>1)</sup> figures in columns followed by the same letter do not differ significantly  
Tukey's studentised range (HSD) test, unbalanced data,  $\alpha = 0.01$

Im Jahr 2000 (Generation T<sub>8</sub>) sind zwischen den vier OTL keine signifikanten Differenzen festzustellen. Die 1999 geäußerte Erwartung, dass durch die Selektion eine zunehmende Homogenisierung des C14:0-Gehaltes auch zwischen den OTL erreicht wird, scheint sich damit zu bestätigen.

Geht man davon aus, dass die 1995 übernommenen Primärtransformanten unterschiedliche Insertionsorte aufweisen, so könnte die Kombination von Linien zu einer Akkumulation von transgenen Loci und damit einer Steigerung des C14:0-Gehaltes führen. Unter diesem Aspekt waren 1996 Kreuzungen zwischen Linien gleicher Abstammung (Typ a) bzw. unterschiedlicher Abstammung (Typ b) durchgeführt worden, an deren Nachkommen eine Selektion auf hohen C14:0-Gehalt durchgeführt wird, indem in jeder Generation Nachkommen von den Indivi-



duen mit dem höchsten C14:0-Gehalt weitergeführt werden. In 2000 wurden von 57 Linien die F<sub>5</sub> geerntet. Das Gesamtmittel liegt bei 13,3 %, die beste Linie hat 18,6 % C14:0. Der individuelle C14:0-Gehalt schwankt von 4,5 % bis 22,0 %. Wie schon in der vorigen Generation beobachtet (s. Jahresbericht 1999) zeigt sich auch in F<sub>5</sub>, dass die Nachkommen aus Kreuzungen von Linien verschiedener Abstammung im Mittel einen höheren C14:0-Gehalt haben als Kreuzungen von Linien gleicher Abstammung. Die Mittelwerte (12,6 % bzw. 13,9 %) sind

signifikant verschieden (Tukey-Test, unbalancierte Daten,  $\alpha = 0.01$ ). Während bei Typ b der Anteil von Individuen mit < 14 % C14:0 etwa dem mit > 14 % C14:0 entspricht (49 % gegenüber 51 %), zeigen bei Typ a 69 % der Individuen mehr als 14 % C14:0. In Abbildung 1 sind die F<sub>5</sub>-Linien der beiden Kreuzungstypen nach steigendem mittleren C14:0-Gehalt geordnet dargestellt.

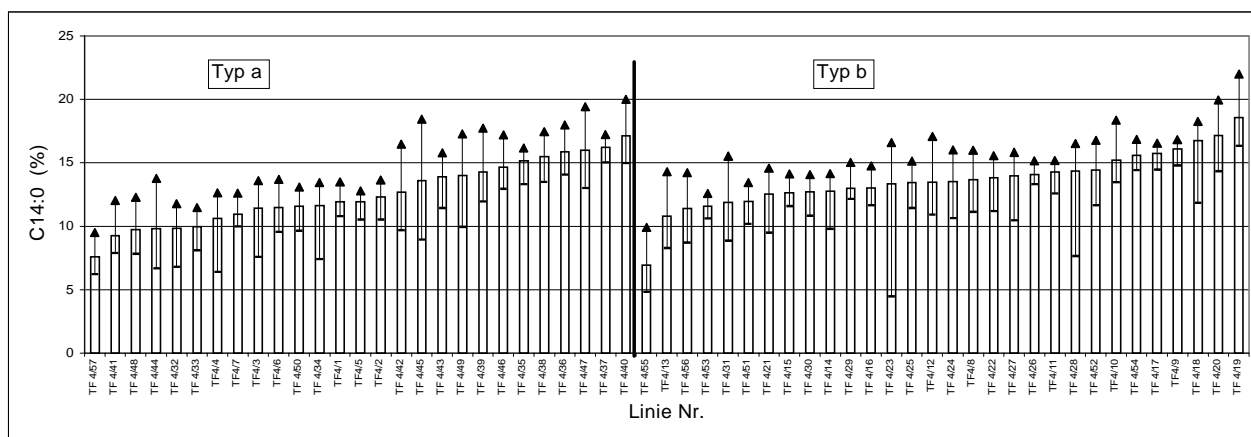


Abb.: 1 Mittlerer C14:0-Gehalt □ Minimal-≡ und Maximalwert ▲ der F<sub>5</sub> aus Kreuzung von Linien gleicher (Typ a) und unterschiedlicher Abstammung (Typ b) (Groß Lüsewitz 2000)

Fig. 1: Mean □ minimum ≡ and maximum ▲ C14:0 content F<sub>5</sub> in from crosses between lines of the same (tYape a) and different origin (type b)

In der Summe von C14:0 und C16:0 hat die beste Nachkommenschaft einen Gehalt von 42,6 %, der höchste Einzelpflanzenwert liegt bei 48,1 %.

Die Linienkreuzungen und die im ersten Teil behandelten Linien im Selektionsprogramm gehen auf dieselben Primärtransformanten zurück. Während bei der Linienselektion in der Generation T<sub>8</sub> 1,25 % der Individuen mehr als 40 % C14:0 + C16:0 zeigen, sind es bei den Kreuzungsnachkommen von Typ b in der F<sub>5</sub> 10,5 %. Dies deutet darauf hin, dass durch Rekombination eine erhöhte Variabilität indiziert wird, die mittels Selektion in eine Steigerung des C14:0-Gehaltes umgesetzt werden kann.

Mit der gleichen Zielstellung wurden 1999 transgene Linien aus allen sieben Primärtransformanten (OTL) ausgewählt, die einen konstanten und möglichst hohen C14:0-Gehalt zeigen. Im Gegensatz zu den 1996 ausgewählten Linien ist damit zu rechnen, dass durch die mehrmalige Selektion die Kopienzahl innerhalb der jeweiligen Linie homogen ist. Es wurden zum einen manuelle Kreuzungen ausgeführt, von denen an 13 Kombinationen gegenwärtig die F<sub>2</sub> geerntet wird. Hieraus sollen anhand des Fettsäuremusters Individuen mit erhöhter Kopienzahl selektiert werden. Parallel dazu werden 6 transgene Eltern-Linien unter den gleichen Bedingungen vermehrt, um die Verteilung des Fettsäuremusters von Eltern und spaltender Nachkommenschaft vergleichen zu können. Zum anderen wurde ein Programm zur rekurrenten Selektion auf hohen C14:0-Gehalt begonnen, für das insgesamt 35 transgene Linien aus den sieben OTL verwendet werden, die isoliert von anderem Raps offen ab-

blühen. Der zweite Zyklus wurde in diesem Jahr durchgeführt. Das Material aus der Spaltungsgeneration und aus der rekurrenten Selektion wird gegenwärtig analysiert.

#### Abstract:

The selection programme to study the response of transgenic lines on selection for high levels of myristic acid (C14:0) content was continued in the 5<sup>th</sup> cycle of field release in 2000. Comparison of the cycles of selection reveals that during the last 3 or 2 cycles no further significant change in the level of C14:0 occurred.

Crosses between transgenic lines of different origin may be used to broaden the variability for selection toward increased C14:0. The best line of generation F<sub>5</sub> contained 18.6 % C14:0. The proportion of individuals containing more than 40 % C14:0 + C16:0 is 1.25 % in selected lines (generation T<sub>8</sub>) as compared to 10.5 % in the offspring of crosses (generation F<sub>5</sub>) both originating in the same original transgenic lines (OTL).

To combine different transgenic loci of insertion, lines of advanced generation (T<sub>7</sub>) originating in different OTLs are crossed to create (1) segregating offspring for selection by intercrossing the lines and (2) an improved population by recurrent selection in open pollinated plants.

In Zusammenarbeit mit BAZ, Inst f. Stressphysiologie und Rohstoffqualität, Jürgens, H.-U.

(BAZ-3121)

**1.10. Genetisch-züchtmethodische Untersuchungen zur Etablierung eines praktikablen Funktionssystems für die Nutzung der Heterosis bei Winterraps (*Brassica napus* L.) auf der Basis der sporophytischen Selbstinkompatibilität**

**Investigations on the utilisation of self-incompatibility for hybrid seed production in oilseed rape (*Brassica napus* L.)**

Rudloff, E.

**Zielsetzung/Aim:**

Vorhandene Linien von erucasäurefreiem, glucosinolatreichem (Einfach-Null) Raps mit einer rezessiven Form der Selbstinkompatibilität (SI) sollen mittels markergestützter Rückkreuzung in erucasäurefreie, glucosinolatarme (Doppel-Null) Sorten eingekreuzt und Linien mit stabiler und starker SI selektiert werden, die als Basismaterial für die Züchtung von Hybridsorten geeignet sind.

Lines of zero-erucic but high-glucosinolate oilseed rape carrying a recessive type of self-incompatibility will be introduced in zero-erucic and low-glucosinolate varieties by means of marker-assisted backcrossing to form lines with high and stable self-incompatibility which are suited as base material for hybrid breeding.

**Ergebnisse:**

Die im Jahresbericht 1998 beschriebenen 14 selbstinkompatiblen Linien (SI-Linien) wurden in den Folgejahren hinsichtlich ihrer Selbstinkompatibilität überprüft und reproduziert. Dabei zeigte die Linie SI 23/88 eine instabile Inkompatibilitätsausprägung und wurde deshalb verworfen.

Tab. 1: Selbstinkompatible Linien von Winterraps  
Table 1: Self-incompatible lines from winter oilseed rape

Bezeichnung	S-Allel	Abstammung
SI 2/85	a	Primor
SI 3/85	a	Primor
SI 5/85**	b	SR *
SI 12/87	a	A-St. 619/75
SI 13/87	a	A-St. 619/75
SI 17/88	c	SR 428/84*
SI 19/88	c	SR 428/84*
SI 20/88**	a	BNW 1.43
SI 23/88	a	BNW 1.43
SI 24/88	c	SR 428/84*
SI 25/88	c	SR 428/84*
SI 27/88	a	PM 7 (Polen)
SI 28/89**	c	SR 428/84*
SI 36/89**	d	SR 111*

\* Resyntheseraps  
resynthesised oilseed rape

\*\* im Rückkreuzungsprogramm verwendet  
used in backcross programme

Die verbleibenden 13 Linien (Tab. 1) wurden für die Erzeugung von Testhybriden mit Doppel-Null-Bestäubersorten verwendet. Dazu wurden sowohl originale SI-Linien als auch die F<sub>1</sub> von bestimmten SI-Linienkombinationen räumlich voneinander isoliert in Bestäubfelder eingesät, mit denen sie offen abblühten.

1998 wurden Kombinationen von 8 SI-Partnern (3 SI-Linien, 5 F<sub>1</sub>-Kombinationen) mit 3 Topcross-Eltern (Zuchtsorten) in einer Blockanlage mit 4 Wiederholungen geprüft. Der Ertrag liegt im Versuchsmittel bei 38,9 dt/ha, die Testhybriden bewegen sich zwischen 30,5 dt/ha und 47,9 dt/ha, die Bestäubersorten zwischen 40,1 dt/ha und 44,3 dt/ha. Der Versuch hat einen Variationskoeffizienten von 9,4 %, die Grenzdifferenz ( $\alpha = 0,01$ ) für den Mittelwertvergleich (Tukey-Test) beträgt 11,3 dt/ha, für den Vergleich mit dem Standard (Dunnett-Test) 9,4 dt/ha. Die beste Testhybride ist eine Kombination mit einer SI-Linie und hat 47,9 dt/ha, die beste Kombination mit einer F<sub>1</sub> aus SI-Linien hat einen Ertrag von 42,9 dt/ha. Zwischen den Hybriden treten signifikante Differenzen auf, aber keine ist signifikant besser als die Topcross-Eltern.

Weitere Topcross-Hybriden zwischen 10 SI-Partnern (4 SI-Linien, 6 F<sub>1</sub>-Kombinationen) und 5 weiteren Zuchtsorten als Topcross-Eltern wurden 1999 nach dem gleichen Schema erzeugt und 2000 ebenfalls in vierfacher Wiederholung auf 10 m<sup>2</sup> großen Parzellen geprüft. Der Ertrag beträgt im Versuchsmittel 46,9 dt/ha, die Testhybriden liegen zwischen 39,9 dt/ha und 54,0 dt/ha, die Topcross-Eltern zwischen 42,9 dt/ha und 49,5 dt/ha. Der Variationskoeffizient für den Versuch beträgt 6,0 %, die Grenzdifferenzen für  $\alpha = 0,01$  betragen für den Mittelwertvergleich (Tukey-Test) 9,1 dt/ha und für den Vergleich mit dem Standard (Dunnett-Test) 7,4 dt/ha. Auch hier ist die beste Testhybride (54,0 dt/ha) eine Kombination mit einer SI-Linie. Einige Hybriden mit der Linie SI 27/88 übertreffen den schlechtesten der Topcross-Eltern signifikant. Die Kombinationen mit SI-Linien haben einen mittleren Ertrag von 49,8 dt/ha, der sich signifikant von Ertragsmittel der Hybriden mit F<sub>1</sub>-Kombinationen (45,7 dt/ha) unterscheidet.

Für die Einlagerung des Inkompatibilitätsgens in Doppel-Null-Raps wurde für jedes der vier verschiedenen S-Allele eine SI-Linie ausgewählt und mit 2 verschiedenen Doppel-Null-Zuchtsorten kombiniert. Insgesamt sind 5 Rückkreuzungen vorgesehen, wobei aus jeder Rückkreuzungsgeneration mittels S-Allel-spezifischer Marker die geeigneten Individuen für die nächste Rückkreuzung identifiziert werden. Ab der zweiten Rückkreuzungsgeneration wird auch auf geringen Gesamtglucosinolatgehalt selektiert.

**Abstract**

Thirteen self-incompatible (s.i.) lines of zero erucic, but high glucosinolate oilseed rape displaying a recessive type of s.i. were developed in the past years. They are used to produce experimental topcross hybrids for yield trials. The s.i. parents (s.i. lines as well as F<sub>1</sub> between different s.i. lines) are grown in a field of the topcross parent (commercial variety) and the seeds harvested from the different s.i. parent serve as experimental hybrids. Several hybrids displayed a high yield but only one s.i. line outyields the relatively low yielding topcross parent in several but not all combinations.

In Zusammenarbeit mit: Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH, Busch, H.; Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG, Frauen, M. (BAZ-3120)

### 1.11. Erarbeitung von Selektionsmethoden und -modellen für Kronenrostresistenz bei *Lolium*-Arten Development of models and methods for selection of crown rust resistance in *Lolium* species

Lellbach, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Auf der Grundlage eines geeigneten In-Situ-Resistenztests sind die Fragen der Vererbung des Merkmals Kronenrostresistenz zu klären. Die Identifizierung der Resistenzgene *Cr1* und *Cr2* (s. Jahresbericht 1999) ist durch Erstellung der F<sub>3</sub> und anderer definierter Nachkommenschaften weiterzuführen. Diese sollen es erlauben, Resistenzgene unter Verwendung molekularer Marker im *Lolium*-Genom zu kartieren. Außerdem ist die Rassenspezifität dieser Resistenzgene gegenüber einer vorhandenen Einzelpustelisolat-Kollektion in Verbindung mit der Erstellung eines Testsortimentes zu überprüfen. Es gilt weiterhin, die Beziehung zwischen der Resistenz im Blattsegmenttest und dem Freilandbefall zu analysieren.

The inheritance of crown rust resistance shall be clarified based on a suitable *in situ* test for resistance. Genetic analysis using F<sub>3</sub> generation and other defined progenies will be continued to characterize genes for resistance and develop molecular markers for mapping purposes and marker-assisted selection. Race-specificity of resistance genes shall be characterized by use of a set of single-pustule isolates of crown rust and the relationship between resistance in the detached-leaf test and in the field shall be analyzed.

#### Ergebnisse

Durch die In-Situ-Prüfung (Blattsegmenttest) von I<sub>0,1</sub>-Linien auf Resistenz gegenüber dem Erreger des Kronenrostes (*P. coronata*) konnten in *Lolium perenne* spaltende F<sub>2</sub>- und Rückkreuzungspopulationen erzeugt werden. Die F<sub>2</sub>- und BC<sub>1</sub>-Spaltungsdaten sind vereinbar mit einer 15:1- bzw. 3:1-Spaltung, wie sie unter der Annahme einer Segregation zweier unabhängiger, dominanter Resistenzgene in den untersuchten Nachkommenschaften zu erwarten sind. Die durch die Analyse in dem entsprechenden *L. perenne*-Material beschriebenen Resistenzgene erhielten die Bezeichnung *Cr1* und *Cr2*. Zur weiteren Identifizierung dieser Resistenzgene wurde versucht, die F<sub>3</sub>-Generation durch Selbstung der F<sub>2</sub>-Pflanzen zu erzeugen und auf Resistenz gegenüber dem Erreger des Kronenrostes zu prüfen. Gleichzeitig erfolgte die Kreuzung der F<sub>2</sub>-Individuen mit dem anfälligen Elter. Die Erzeugung der F<sub>3</sub>-Nachkommenschaften durch Selbstung war nur bei wenigen Individuen erfolgreich, so dass zur Verifizierung der Genotypen die Nachkommenschaften aus den Kreuzungen mit dem anfälligen Elter herangezogen wurden. Von den 22 untersuchten Nachkommenschaften zeigten 14 das erwartete Spaltungsverhalten. Davon wiesen neun keine Spaltung auf (alle Pflanzen resistent bzw. anfällig), und in fünf Nachkommenschaften konnten Spaltungszahlen resistent : anfällig von 1:1 bzw. 3:1 analysiert werden (Tabelle 1). Durch diese Segregation wird die Wirkung der zwei dominanten Resistenzgene *Cr1* und *Cr2* bestätigt. In den restlichen acht Nachkommenschaf-

ten zeigten sich signifikante Abweichungen von den Erwartungswerten.

Tab. 1: Aufspaltung von resistenten und anfälligen Genotypen in F<sub>2</sub> - Rückkreuzungen mit dem homozygot anfälligen Elter

Table 1: Segregation of resistant and susceptible genotypes in BC<sub>1</sub>

BC <sub>1</sub>	n	Aufspaltungen		χ <sup>2</sup>	
		res.	anf.	1:1	3:1
1	72	48	24	-	2,66
2	90	67	23	-	0,01
3	91	47	44	0,10	-
4	78	52	26	-	2,88
5	96	71	25	-	0,05

Es wird davon ausgegangen, dass die Genotypen der nicht spaltenden resistenten Nachkommenschaften heterozygot an beiden Genorten sind und durch weitere Rückkreuzung zum anfälligen Elter Linien mit nur einem segregierenden Resistenzgen erzeugt werden können. Diese Populationen bilden die Grundlage für die Identifizierung von einzelnen Kronenrostresistenzgenen mit Hilfe von molekularen Markern.

#### Abstract:

F<sub>2</sub> and BC<sub>1</sub> progenies were produced and tested for their resistance to *P. coronata*. Segregation analysis reveals that the resistance is controlled by two dominantly acting genes. These genes were named *Cr1* and *Cr2*. Since selfing of F<sub>2</sub> plants was difficult due to self-incompatibility, the resistant genotypes of F<sub>2</sub> plants were inferred from the segregation patterns in BC<sub>1</sub> progeny. Segregation of resistant and susceptible plants in 14 progenies of backcrossed F<sub>2</sub> plants (Table 1) confirms the acting of two dominant genes for crown rust resistance. Nine of the 22 tested BC<sub>1</sub> progenies were homogeneously resistant. Further backcrossing of these plants should yield monogenic segregation which may be used for mapping with molecular markers.

In Zusammenarbeit mit: Inst. of Grassland and Environmental Research, Aberystwyth, UK, Roderick, H., (BAZ-3205)

**1.12. 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 von den Zuchtfirmen 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 bilden.

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 carefully 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 der Erschließung genetischer Ressourcen von interspezifischen und intergenerischen Gräserbastarden zwischen *Festuca* und *Lolium multiflorum* (GFP Forschungsprojekt F48/94,92 HS 002 des IPK Gatersleben) wurden Inzuchtlinien für weiterführende genetische Untersuchungen erzeugt. In Tabelle 1 sind die Ergebnisse der spaltenden Populationen angegeben. Die Spaltungsdaten sind vereinbar mit einer 15:1-Spaltung, wobei zwei der  $\chi^2$ -Werte im Grenzbereich der Wahrscheinlichkeit von  $\alpha = 0,05$  liegen. Die Spaltungen entsprechen der Annahme zweier unabhängiger und dominant wirkender Resistenzgene, wie sie auch in *Lolium perenne* beschrieben worden sind (s. BAZ-3205). Es wird in den weiteren Arbeiten zu untersuchen sein, ob diese Resistenzgene mit denen in *Lolium perenne* homoeolog sind.

Tab. 1: Spaltungszahlen in Selbstungsnachkommen-schaften von *Festuca*-Introgressionsgenotypen  
Table 1: Numbers of segregation in selfed progeny of *Festuca* introgression genotypes

Pop.	n	Aufspaltungen		$\chi^2$ (15:1)
		res.	anf.	
2813	35	33	2	0,02
2815	86	85	1	3,84
2818	45	41	4	0,54
2819	62	60	2	0,98
2820	66	58	8	3,95
2822	88	81	7	0,44

Abstract

Inbred lines were produced in material derived from the GFP programme on genetic resources using interspecific and intergeneric hybrids between *Festuca* sp. and *Lolium* sp. (Project F 48/94;92 HS 002; IPK Gatersleben). Introgression plants (*Festuca* introgression into genome of *Lolium multiflorum*) were selfed and their progenies tested for resistance to crown rust. The results in Table 1 reveal that the resistance in this material is controlled by two independently acting, dominant genes. In further genetic studies it shall be tested whether those genes of resistance are homoeologous with the two dominant genes described in *Lolium perenne*.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Genbank, Willner, E.; IPK Gatersleben, Matzk, F., (BAZ-3214)

**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.; Wehling P.

Zielsetzung/Aim

Für die effektive markergestützte Selektion bei Roggen soll die bislang unzureichende Zahl verfügbarer Mikrosatellitenmarker wesentlich erhöht werden. Hierzu werden im Rahmen eines Kooperationsprojektes mit einem internationalen Züchterkonsortium sowie eines weiteren, im Genomforschungsprogramm GABI eingebetteten Forschungsprojektes neuere Strategien der SSR-Markerentwicklung angewandt.

To support marker-assisted selection in rye the number of microsatellite markers available for the rye genome has to be considerably increased. Novel strategies shall be applied to this end.

Ergebnisse:

Als Voraussetzung für eine arbeits- und kosteneffiziente Darstellung von Mikrosatelliten-Markern wurde ein Protokoll zum fluoreszenzbasierten Nachweis von PCR-Amplifikaten auf automatischen Sequenzieranlagen etabliert. Während der Nachweis von Mikrosatelliten in der Regel durch die direkte Markierung einer der beiden locus-spezifischen Primer erfolgt, zeichnet sich die hier adaptierte Methode durch den Einsatz eines fluoreszenzmarkierten M13-Primers als Reporter neben den zwei nicht-markierten, sequenzspezifischen Primern aus. Über einen M13-Tail am 5'-Terminus des locus-spezifischen Forward-Primers wird dieser Reporter im Verlauf der PCR in das Amplifikationsprodukt eingebaut.

Auf der Grundlage dieses Protokolls sind bislang 180 identifizierte Roggen-Mikrosatelliten (*Secale Cereale* MICROSATELLIT/SCM) im Hinblick auf ihre Darstellbarkeit durch PCR sowie ihren Polymorphismus überprüft worden. Insgesamt konnten 234 Primer-Paare (57 %) aus 406 Mikrosatellitensequenzen abgeleitet werden. 121 (67 %) der bislang untersuchten 180 Primer-Paare führen zu Amplifikationsprodukten im erwarteten Größenbereich. Im Berichtszeitraum konnten 77 neue SSR-Marker, d.h. Mikrosatelliten mit Längenpolymorphismus, zwischen verschiedenen Inzuchtlinien entwickelt werden (Abb. 1).

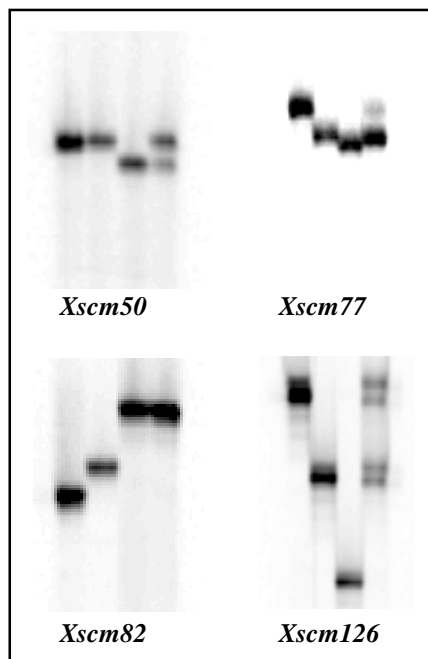


Abb. 1: Nachweis von Roggen-Mikrosatelliten (*Xscm*) aus 4 Inzuchtlinien auf einem automatischen Sequenzierer (LI-COR)

Fig. 1: Detection of rye microsatellites (*Xscm*) in four inbred lines on an automatic sequencer (LI-COR)

Gegenwärtig erfolgt die genetische Kartierung dieser neuen RMS-Marker in zwei F2-Kartierungspopulationen mit Hilfe von Ankermarkern.

Darüber hinaus soll versucht werden, die Effizienz der Methode durch ein Multiplexing von jeweils drei bis fünf geeigneten Mikrosatelliten-Loci zu steigern. Als Quelle für weitere Mikrosatelliten-Sequenzen erfolgt gegenwärtig die Anlage affinitätschromatographisch angereicherter, subgenomischer Bibliotheken.

#### Abstract:

A labour- and cost-effective protocol based on a three-primer strategy with a fluorescence-labelled M13 primer as reporter was established to analyze rye microsatellites on automatic sequencers. Out of 406 sequences analyzed, 234 primer pairs (57 %) could be developed. Of 180 primer pairs tested yet, 121 (67 %) yielded amplicons in the expected size range. In total, 77 (64 %) polymorphic rye microsatellites (*Xscm*) could be developed during the

past twelve months (Fig. 1). Mapping of this new set of *Xscm* markers is in progress. Libraries enriched for microsatellites will be established as an additional resource for *Xscm* development.

In Zusammenarbeit mit: Hybro GmbH, Wortmann, H.; Boreal Plant Breeding, Tanhuanpää, P.; Svalöf Weibull, Tuveßons; Saaten-Union Resistenzlabor GmbH, Schöndelmaier, J. (BAZ-3136, BAZ-3146)

## 2.2. Erstellung definierter Selbstinkompatibilitätsgenotypen bei Roggen

### Development of defined self-incompatibility genotypes in rye

Hackauf, B.

#### Zielsetzung/Aim:

Das Ziel dieser Arbeiten ist die Erfassung der genetischen Variabilität an den Selbstinkompatibilitätsgenorten *S* und *Z*. Definierte Inkompatibilitätsgenotypen werden für molekulare Studien des gametophytischen Inkompatibilitätssystems im Roggen selektiert.

The aim of this project is to record the genetic variability at the self-incompatibility loci *S* and *Z*. Defined incompatibility genotypes will be selected for molecular investigations on gametophytic self-incompatibility in rye.

#### Ergebnisse:

Durch vegetative Erhaltung stehen auch in der kommenden Vegetationsperiode die definierten Selbstinkompatibilitätsgenotypen der segregierenden Selbstungsfamilie *033* für molekulare Analysen zur Verfügung. 22 *S*- bzw. *Z*-Genotypen dieser Nachkommenschaft wurden durch 2-D-Elektrophorese in ihren Narbenproteinen charakterisiert (Abb. 1), um *S*- bzw. *Z*-spezifische Genprodukte zu identifizieren.

Durch Paarkreuzungen innerhalb der Selbstungsnachkommenschaft *033* sind weitere definierte Selbstinkompatibilitätsgenotypen in Form von BC1-Kartierungspopulationen entwickelt worden. *S*-heterozygote Populationen stehen aus 5 Kreuzungen vom Typ  $S_{hom1}Z_{hom1} \times S_{het}Z_{hom1}$  mit einem Umfang von  $n = 274$  bis  $n = 914$  zur Verfügung. In 5 Kreuzungen vom Typ  $S_{hom1}Z_{hom1} \times S_{hom1}Z_{het}$  konnten zwischen  $n = 255$  und  $n = 799$  definierte *Z*-Genotypen erzeugt werden. Insgesamt stehen für die Feinkartierung von Kandidatengenomen 2745 *S*- bzw. 2312 *Z*-Genotypen zur Verfügung.

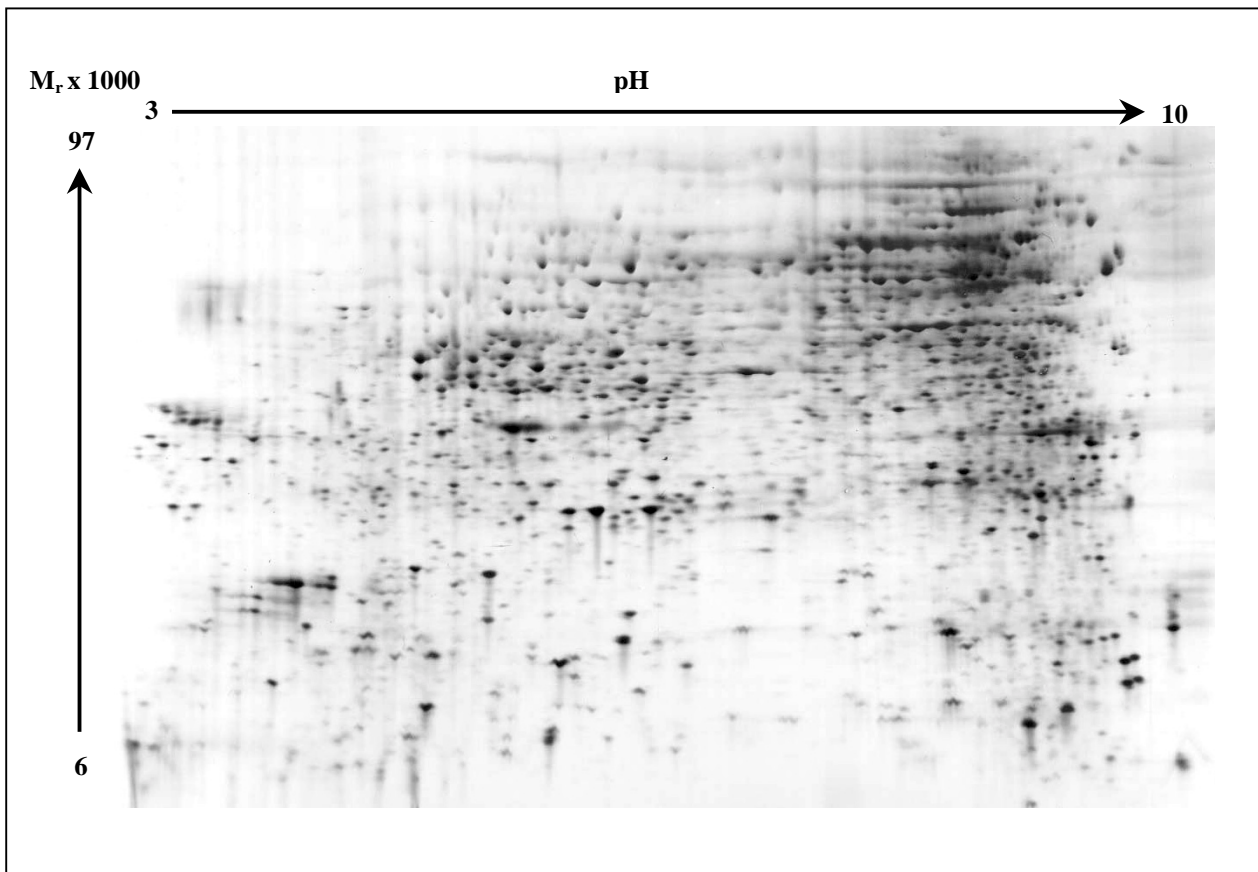


Abb. 1: 2-D-Elektrophorese von Narbenproteinen des Roggens

Fig. 1: 2-D electrophoresis of stigma proteins in rye

**Abstract:**

The defined incompatibility genotypes of the segregating progeny 033 could be maintained vegetatively. Selected self-incompatibility genotypes from this family were further characterized by 2-D electrophoresis of stigma proteins (Fig.1) to identify *S*- or *Z*-specific gene products. Additional incompatibility genotypes were developed by pairwise crosses within defined genotypes of the family 033. In total, 2745 *S* and 2312 *Z* genotypes have been established for fine mapping of candidate genes in rye.

(BAZ-3116)

**2.3. Molekulare Charakterisierung des Selbstinkompatibilitätssystems bei Roggen (*Secale cereale* L.)  
Molecular characterization of self-incompatibility in rye (*Secale cereale* L.)**

Hackauf, B.; Makarova, N.; Wehling, P.

**Zielsetzung/Aim:**

Die Arbeiten in diesem Projekt verfolgen das Ziel, die Selbstinkompatibilitätsgene *S* und *Z* im Roggen zu isolieren.

The aim of this project is to isolate the self-incompatibility genes *S* and *Z* in rye.

**Ergebnisse:**

Die Arbeiten zur Isolation eines Thioredoxins aus dem Roggen genom als Kandidat für das *S*-Gen wurden abgeschlossen. Für den aus der Sequenzinformation des Thio-

redoxins abgeleiteten SCAR-Marker *Xiac1* wurde in einer BC1 Rekombination zum *S*-Locus beobachtet. Durch In-Situ-Testbestäubungen konnte nachgewiesen werden, dass es sich bei den rekombinanten Individuen um *S*-heterozygote Nachkommen einer legitimen Befruchtung handelt. Rekombination zum *S*-Locus zeigt, dass Thioredoxin kein Kandidat für das *S*-Gen im Roggen darstellt.

In einem erweiterten Ansatz zur Isolation der Selbstinkompatibilitätsgene wurden neue Kandidaten-Gensequenzen über eine differentielle Transkriptanalyse isoliert. Durch Verwendung von 64 AFLP-Primerkombinationen wurden Transkriptprofile für verschiedene Reproduktionsorgane definierter Selbstinkompatibilitätsgenotypen erstellt. Unter ca. 13000 darstellbaren Narben- und Pollenfragmenten im Größenbereich von 150 bis 900 bp konnten 163 differentiel zwischen *S*- bzw. *Z*-Genotypenbulks amplifizierte Transkripte isoliert werden (Abb. 1a). Diese Amplifikationsprodukte wurden zunächst direkt markiert und gegen genomische DNA definierter Selbstinkompatibilitätsgenotypen hybridisiert. Für 82 der isolierten Amplicons war eine Klonierung erforderlich, nachdem die Hybridisierungsexperimente Hinweise auf eine heterogene Zusammensetzung der isolierten Fragmente ergaben. Diese Beobachtung wurde durch die Sequenzanalyse der klonierten Fragmente bestätigt. Aus 65 klonierten Fragmenten konnten 127 verschiedene ESTs zwischen 150 bp und 550 bp entwickelt werden.

Eine Annotation aufgrund signifikanter Sequenzähnlichkeit war für 92 dieser ESTs möglich (Abb. 1b). Von bislang 53 in Southern-Experimenten getesteten Klonen konnte für 26 ein Polymorphismus zwischen den ausge-

wählten Selbstinkompatibilitätsgenotypen beobachtet werden. Zwei weitere Transkripte wurden als SCAR-Marker im Hinblick auf ihre Beziehung zum *S*- bzw. *Z*-Locus untersucht (Abb.1c, d). Für keines der bislang

untersuchten Transkripte konnte jedoch eine Kosegregation zu einem der beiden Selbstinkompatibilitätsloci beobachtet werden.

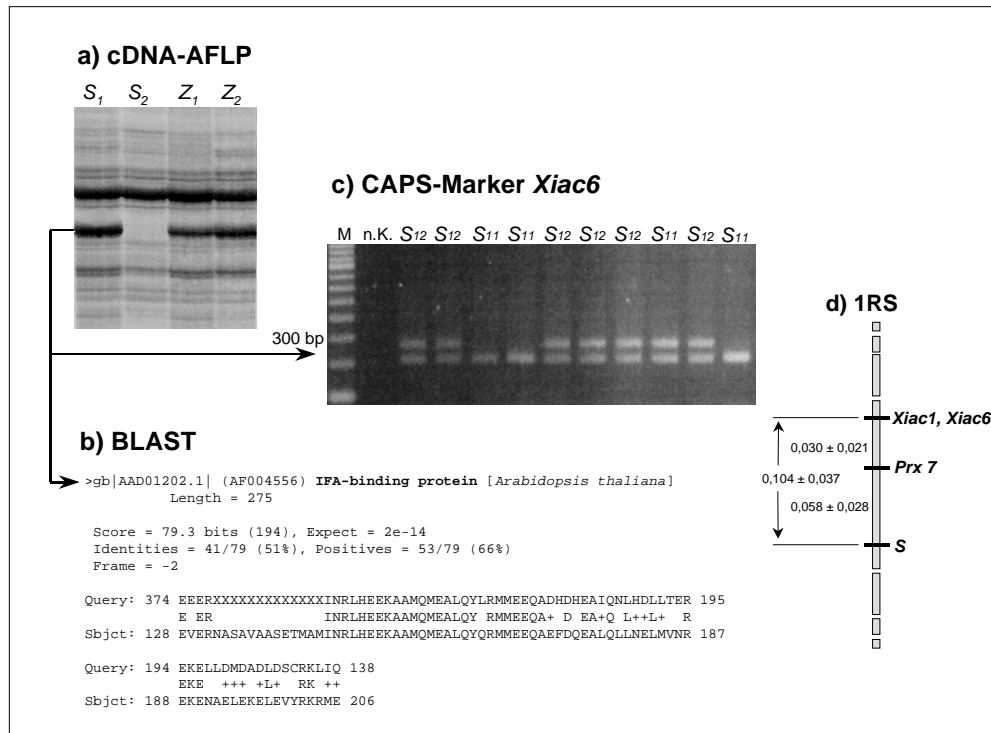


Abb. 1: Molekulare Analyse eines differentiell aus Pollen amplifizierten cDNA-Fragmentes und seine Beziehung zum *S*-Locus im Roggen

Fig. 1: Molecular analysis of a differential amplified cDNA-fragment from rye pollen and its relationship to the *S* locus

#### Abstract:

The homology-based approach towards the isolation of a thioredoxin was finished. Recombination to the *S* locus demonstrated that thioredoxin is no candidate for the *S* gene in rye.

New candidates for the self-incompatibility genes were isolated by a differential approach. Transcript profiles representing ca. 13000 cDNA fragments were established for rye pollen as well as for unpollinated stigmas. 163 transcripts were differentially amplified between bulks of defined *S* and *Z* genotypes (Fig. 1a) and subsequently genetically analyzed in relation to the self-incompatibility loci (Fig. 1c, d). Sequence analysis of cloned amplicons demonstrated a heterogenic nature of the amplified fragments. 127 rye ESTs were established from 65 cloned fragments (Fig. 1b). Polymorphisms between selected self-incompatibility genotypes could be observed in Southern hybridizations as well as in PCR assays (Fig. 1c) for 26 and 2 transcripts, respectively. However, no cosegregating candidate has yet been identified.

(BAZ-3111 und BAZ-3137)

BAZ-3137 gefördert durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft

#### 2.4. Molekulare Charakterisierung von Resistenzgenen bei Roggen und anderen Gräsern Molecular characterisation of disease resistance genes in rye and other grasses

Linz, B. ; Wehling, P.

##### Zielsetzung/Aim:

Sequenzmotive verschiedener, bereits klonierter Resistenzgene sollen in diesem GABI-Projekt als Grundlage zur Entwicklung von PCR-Markern zur Identifizierung resistenzgen-analoger Sequenzen in Getreidepopulationen mit aufspaltenden Resistenzen gegen pilzliche und virale Krankheitsreger 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 and viral diseases.

##### Ergebnisse:

Von Populationen mit segregierenden Resistenzen gegen Braunrost und Mehltau in Roggen, Zwergrost, Mehltau und Viren in Gerste, Mehltau in Hafer und Kronenrost in Weidelgras wurden DNA-Pools von homozygot resistenten und anfälligen Pflanzen gebildet. Diese genomischen DNAs wurden für ein Screening mit PCR-Primerpaaren benutzt, die auf der Grundlage konservierter Sequenzmotive in bereits beschriebenen pflanzlichen Resistenzgenen

entwickelt wurden. Die Analyse der Amplifikate von bisher 35 Primerpaaren auf Agarose- und Polyacrylamidgelen zeigte eine Reihe spezifischer Banden für entweder den resistenten oder den anfälligen Phänotyp. Die Banden stellen potentielle Marker für Mehlttauresistenz in Roggen und Gerste, Zwergrost- und Virusresistenz in Gerste sowie Kronenrostresistenz in Weidelgras dar. Diese Experimente werden zur Zeit mit DNA von Einzelpflanzen wiederholt, um eine Aussage über eine mögliche Kopplung mit der Resistenz treffen zu können.

**Abstract:**

DNA bulks of resistant and susceptible plants were screened with PCR primers designed for sequence motifs of cloned plant resistance genes. The analysis of the amplicons revealed a number of specific bands for either the resistant or the susceptible phenotype. These bands are potential markers for powdery mildew resistance in rye and barley, for leaf rust and virus resistances in barley, and crown rust resistance in ryegrass. Analysis of the DNA of single plants is underway.

In Zusammenarbeit mit: Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Herrmann, M. (BAZ-3118); Lellbach, H. (BAZ-3110); Roux, S.R. (BAZ-3117); Ruge, B. (BAZ-3115); (BAZ-3141); gefördert durch BMBF

**2.5. Die Übertragung von Resistenzen gegen den Gelbmosaikviruskomplex aus *Hordeum bulbosum* in die Kulturgerste und ihre Charakterisierung mit molekularen Markern**

**Introgression of resistances to BaMMV, BaYMV-1 and BaYMV-2 from *Hordeum bulbosum* into *H. vulgare* and their characterization with molecular markers**

Ruge, B.; Linz, A.

**Zielsetzung/Aim:**

Die bisher in der Gerstenzüchtung kaum genutzte Resistenzquelle *H. bulbosum* soll genetisch erschlossen werden, um neue Resistenzgene in die Kulturgerste zu übertragen. Nach Aufklärung der Vererbungsmodi erfolgt die chromosomale Zuordnung und Identifizierung mit Hilfe von molekularen Markern.

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 molecular markers.

**Ergebnisse:**

Durch interspezifische Kreuzungen von *H. vulgare* mit *H. bulbosum* wurde eine Resistenz gegenüber dem Gelbmosaikviruskomplex (BaMMV, BaYMV-1 und -2) in die Kulturgerste übertragen. Die 15:1-Spaltung einer F3-Nachkommenschaft wies auf die Beteiligung zweier unabhängig wirkender, dominant vererbter Gene hin. Diese Annahme konnte durch die Identifikation monogen aufspaltender F4-Familien bestätigt werden. Eine der *H. bulbosum*-Introgressionen, die das Resistenzgen enthält, konnte durch In-Situ-Hybridisierungen (GISH, durch R.

Pickering) auf Chromosom 6HS lokalisiert werden (s. Jahresbericht 1999). In zwei F4-Nachkommenschaften (n=67, n=74) zeigte der Isoenzymlocus *Got1* Kosegregation mit dem 6HS-Resistenzgen. Die Analyse einer 255 Individuen umfassenden F5-Kartierungsfamilie wies jedoch zwei mögliche Rekombinanten zwischen dem Resistenzlocus und dem Isoenzymmarker auf. Nachkommenschaftstests an jeweils 50 Nachkommen dieser beiden Individuen bestätigten das crossing-over zwischen den beiden Loci. Durch dieses Rekombinationsereignis treten in der Nachkommenschaft Genotypen mit einer verkleinerten Introgression auf, da nun die Resistenz mit dem *H. vulgare-Got1*-Allel gekoppelt ist (Tab. 1). Dies könnte von züchterischen Interesse sein, da durch die Rekombination resistenzgenetisch nicht relevantes Chromatin von *H. bulbosum* in diesem Bereich eliminiert werden konnte. Der 6HS-Resistenzlocus wurde inzwischen durch weitere molekulare Marker charakterisiert (*MWG682*, *MWG573*), unter anderem durch einen über die cDNA-AFLP-Technik entwickelten, diagnostischen PCR-Marker (s. BAZ-3139).

Tab. 1: Spaltungsdaten einer F5-Kartierungsfamilie  
Table1: Segregation data of a F5 mapping population

<i>Got1</i> -Genotyp	Resistenzgenotyp		
	RR	Rr	rr
11	-	-	66
12	1	134	-
22	53	1	-

n=255

Das zweite Resistenzgen konnte mit Hilfe der Ankermarker *MWG866*, *MWG949* und *BCD410* dem Chromosom 2HL zugeordnet werden.

**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. Segregation data gives evidence for the involvement of two dominant genes conferring resistance toward the virus complex. Monogenically segregating populations were produced for the mapping of these genes with molecular markers. One of the two novel genes was located on 6HS by means of linkage to markers *Got1*, *MWG682* and *MWG573*. The second resistance gene was located on 2HL via markers *MWG949*, *MWG866* and *BCD410*.

In Zusammenarbeit mit: Crop & Food Research, Neuseeland, Pickering, R.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie u. Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G.; BAZ, Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik, Aschersleben, Kastirr, U. (BAZ 3115)



**2.6. Die Übertragung von Resistenzen gegen Gelbverzwergungsvirus, Zwergrost und Mehltau aus *H. bulbosum* in die Kulturgerste und die Identifikation von Introgressionen durch molekulare Marker**

**Introgression of resistances to leaf rust and powdery mildew and their identification with molecular markers**

Ruge, B.

**Zielsetzung/Aim:**

Die Übertragung von Resistenzen wird durch interspezifische Artbastardierungen zwischen *H. vulgare* und *H. bulbosum* erzielt. Spaltende Nachkommenschaften geben Information über die Anzahl involvierter Resistenzloci und ermöglichen die Charakterisierung der Introgressionen mit Hilfe molekularer Marker.

The transfer of resistances is accomplished by interspecific crosses between *H. vulgare* and *H. bulbosum*. Genetic and molecular studies will be performed in segregating populations.

**Ergebnisse:**

Die Analyse spaltender Kartierungspopulationen für Zwergrost- und Mehlttauresistenz weist auf das Vorhandensein mehrerer dominanter Resistenzgene hin, die durch Introgression homoeologer Genomabschnitte aus *H. bulbosum* in die Kulturgerste übertragen wurden. In drei F4-Nachkommenschaften, die aus zwei unterschiedlichen *H.-bulbosum*-Akzessionen entwickelt wurden, konnten ein Mehlttau-Resistenzgen sowie ein Gen, welches gleichzeitig Resistenz gegen Mehlttau und Zwergrost vermittelt, mit den RFLP-Markern MWG682 bzw. MWG878 auf 2HS lokalisiert werden. Ein weiteres Mehlttauresistenzgen ist aufgrund seiner Kopplung mit dem RFLP-Marker MWG 949 dem Chromosom 2HL zuzuordnen.

Ein Screening von jeweils vier zwergrostresistenten und vier anfälligen Genotypen weiterer Kartierungsfamilien (U. Walther, BAZ-Aschersleben) ergab einen Hinweis auf die Lokalisation neuer dominanter Resistenzgene auf den Chromosomen 2HL und 5H.

Zur Klärung der Frage, ob es sich bei den auf Chromosom 2HS lokalisierten Resistenzgenen gegenüber Mehlttau- bzw. Mehlttau- und Zwergrost um unterschiedliche Gene oder alle Unterschiede an einem Locus handelt, erfolgt eine Differenzierung sowohl mit weiteren molekularen Markern als auch durch die Verwendung verschiedener Zwergrost- und Mehlttauisolate. Neben der Lokalisation der Resistenzgene mit RFLP-Ankermarkern wurde ein eng gekoppelter PCR-Marker mit Hilfe von Resistenzgen-Analogen (RGA-Primer) entwickelt, der zur markergestützten Kombination verschiedener Mehlttau- und Zwergrostresistenzgene in einer Linie eingesetzt werden kann (Abb. 1).

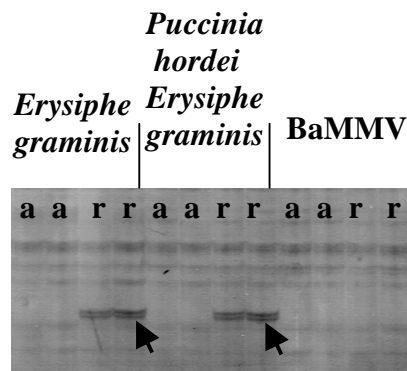


Abb. 1: Darstellung eines Resistenzmarkers unter Verwendung von RGA-Primern

Fig1: A resistance marker derived by use of RGA primers

**Abstract:**

Besides resistance against the viruses, resistances to leaf rust and powdery mildew are of importance for plant breeding. Analysis of different mapping populations with molecular markers revealed the existence of one gene for powdery mildew resistance on chromosome 2HS. In addition, a gene which confers resistance to both leaf rust and powdery mildew, was detected on 2HS. Another powdery mildew resistance gene is located on 2HL. A screening of further mapping populations for leaf rust resistance gives evidence for the localization of resistance genes on 2HL and 5H. Analysis is underway which makes use of additional genomic markers as well as pathogen isolates to clarify whether the powdery mildew genes located on 2HS are identical.

In Zusammenarbeit mit: Crop & Food Research, Neuseeland, Pickering, R.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G., Walther, U. (BAZ-3134)

**2.7. Optimierung und Anwendung von Züchtungsmethoden für die Einführung neuer Resistenzgene gegen Gelbmosaikviren in die Kulturgerste**  
**Development of breeding methods for the introgression of novel resistance genes toward the yellow mosaic virus complex**

Ruge, B., Linz, A., Wehling, P.

**Zielsetzung/Aim:**

Ziel des Projektes ist die Entwicklung effizienter molekularer Marker zur Identifizierung neuer Virusresistenzgene aus *H. bulbosum*, sowie deren Einsatz in markergestützten Rückkreuzungsprogrammen.

The project aims at the development of efficient marker systems for the identification of novel virus resistance genes from *H. bulbosum*.

Ergebnisse:

In der Charakterisierung von Resistenzgenen steht nach Klärung der Vererbungsmodi die chromosomale Zuordnung und Kartierung der Gene im Pflanzengenom mit Hilfe molekularer Marker im Vordergrund. Die Kartierung zweier neuer dominant vererbter Virusresistenzgene in der Gerste zeigte eine enge Kopplung zwischen einem der Gene (6HS) und dem Isoenzymmarker *Got1* (s. BAZ-3115). Dank dieser engen Kopplung erscheint der *Got1*-Marker für den Einsatz in der markergestützten Selektion grundsätzlich geeignet, aber wenig praxistauglich. Deshalb wurde auf der Basis von bekannten Aspartataminotransferase-Genen (AAT, syn. GOT) ein kodominanter SCAR-Marker entwickelt, der zur Selektion auf das Resistenzgen in einem PCR-Assay eingesetzt werden kann (Abb. 1). Eine Überprüfung von insgesamt 340 Pflanzen verschiedener, für das 6HS-Gen spaltender Nachkommenschaften, zeigt eine vollständige Übereinstimmung der Isoenzymdaten mit denen aus dem PCR-Assay, so dass für das Screening größerer Populationen auf die Anwesenheit des 6HS-Virusresistenzgens nun ein effizienter Markerassay zur Verfügung steht.

In einem weiteren Ansatz wurde versucht, differenziell exprimierte Transkripte für die Entwicklung kosegregierender Resistenzmarker zu nutzen. Die Methode des Restriktionsfragment-Differential-Display (RFDD) ist eine Modifikation der AFLP-Technik. Durch den Einsatz von cDNA als Template in der PCR-Reaktion werden Fragmente amplifiziert, die kodierende Bereiche des Genoms beschreiben. Unter Einsatz einer bestimmten Primerkombination konnte ein differenziell exprimiertes Amplifikat identifiziert werden, welches zwischen resistenten und anfälligen Genotypenbulks differenzierte.

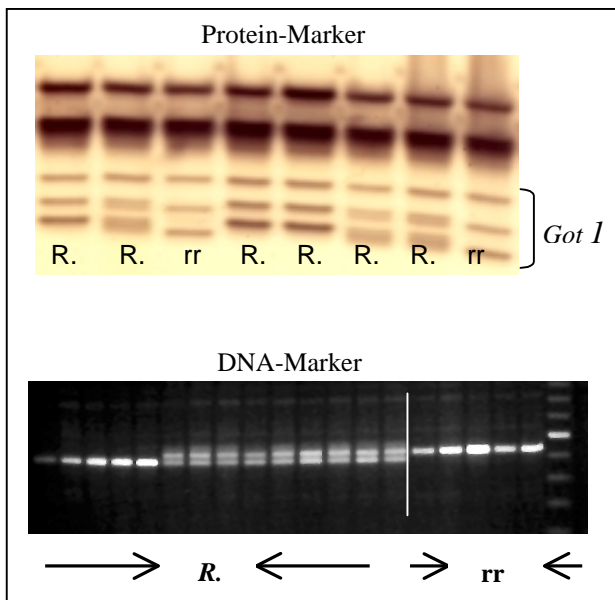


Abb. 1: Umwandlung des GOT-Isoenzymmarkers in einen PCR-Marker

Fig. 1: Conversion of a GOT isozyme marker into a PCR marker

Nach Klonierung des Fragments und Southern-Analyse von 189 Pflanzen einer F5-Kartierungsfamilie konnte keine Rekombination zwischen dem differenziell exprimierten Fragment und der Resistenz nachgewiesen wer-

den. Somit steht neben dem genomischen SCAR-Marker ein diagnostischer EST-Marker für das 6HS-Virusresistenzgen zur Verfügung.

Abstract:

One of the novel virus resistance genes introduced from *H. bulbosum* into barley is closely linked to the isozyme marker *Got1*. This marker, however, is not well-suited for large-scale selection programmes. Thus, we have converted this marker into a SCAR marker by use of GenBank sequence data on aspartate aminotransferases. The SCAR marker is codominantly inherited and, thus, allows quick assessment of resistance genotypes in breeding material containing the 6HS introgression from *H. bulbosum*. In addition, the cDNA-AFLP technique was used for the development of tightly linked markers. A differentially expressed transcript amplified only in the bulk of resistant genotypes was analysed by Southern hybridisation. In a F5 mapping population ( $n=189$ ) cosegregation of the fragment and the resistance was observed.

In Zusammenarbeit mit: Saatzuchtgesellschaft Streng's Erben GmbH & Co. KG, Greif, P.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie u. Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G.; IGS Biotech GmbH, Westphal, L. (BAZ-3139)

## 2.8. Kartierung von Genen für Braunrostresistenz bei Roggen

### Mapping of genes for leaf rust resistance in rye

Ruge, B., Wehling, P.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Projektes ist die Charakterisierung neu identifizierter Resistenzgene gegen Braunrost (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis* Rob. ex Desm.) mit Hilfe molekularer Marker, die eine markergestützte Selektion nach Kombination definierter Resistenzgenotypen ermöglichen.

The project aims at the characterization of novel resistance genes against leaf rust (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis* Rob. ex Desm.) by use of molecular markers.

Ergebnisse:

Fünf dominante Resistenzgene gegen Braunrost im Roggen konnten aus Groß Lüsewitzer Roggenpopulationen (*Lr-a*, *Lr-b*, *Lr-h*), Genbankmaterial (*Lr-g*) und der resistenten russischen Herkunft 'Jaroslavna' (*Lr-c*) identifiziert werden. Das Gen *Lr-a* wurde dem Chromosom 6RL (*Aco1*, *Xiag267*) zugeordnet; das Gen *Lr-b* hingegen zeigt in einer anderen Kartierungsfamilie derselben Herkunft Kopplung zu einem AFLP und zwei RAPD-Markern (*OPO7*, *OPY11*). Die endgültige chromosomale Lokalisation dieses Gens wird zur Zeit mit RFLP-Ankermarkern durchgeführt. Allelietests zeigten bereits, dass die beiden Resistenzgene unterschiedlichen Genorten zuzuordnen sind.

Die chromosomale Zuordnung der Resistenzgene *Lr-c*, *Lr-g* und *Lr-h*, die aus den Herkünften 'Jaroslavna', 'Turkey' bzw. 'WSR' stammen, erfolgte über den auf dem kurzen Arm von Chromosom 1 lokalisierten Isoenzymmarker *Prx7* (Abb. 1)..

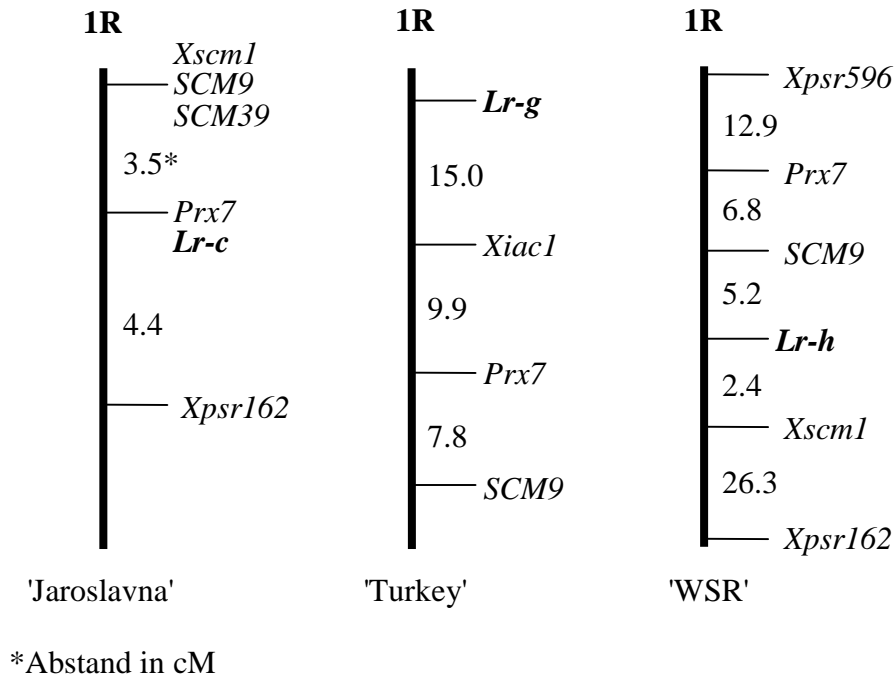


Abb. 1: Lokalisation der Braunrost-Resistenzgene *Lr-c*, *Lr-g* und *Lr-h* auf Chromosom 1R  
 Fig.1: Localisation of the leaf rust resistance genes *Lr-c*, *Lr-g* and *Lr-h* on chromosome 1R Biotechnologie

Das Resistenzgen *Lr-c* zeigt in einer BC1-Nachkommenschaft Kosegregation mit dem *Prx7*-Locus. Im Vergleich dazu sind *Lr-h* und *Lr-g* mit einer genetischen Distanz von 12.0 cM bzw. 24.9 cM mit dem Isoenzymmarker gekoppelt. Als weiterer gemeinsamer Marker ist der RFLP-Marker *Xiad1* bzw. der SSR-Marker *Xscm1* zu nennen, die beide denselben genetischen Locus beschreiben. *Xiad1* wurde von einem mit dem Selbstinkompatibilitätsgen *S* gekoppelten Thioredoxingen (BAZ-3137), der Mikrosatellitenmarker *Xscm1* aus dem 5'-UTR des Thioredoxins entwickelt. Dieser SSR-Marker stellt zur Zeit den mit *Lr-h* am engsten gekoppelten Marker (2.4 cM) dar und kann in Zukunft zur markergestützten Selektion in Rückkreuzungsprogrammen eingesetzt werden. *Lr-h* und *Lr-c* sind proximal von dem auf 1RL lokalisierten RFLP *Xpsr162* flankiert und zeigen ähnliche Kopplungsbeziehungen zu den Markern *Prx7* und *Xscm1* (Abb. 1). Die Verrechnung der Markerdaten von *Lr-g* ergibt eine Lokalisation des Resistenzgens distal von den Loci *Prx7* und *Xiad1* (Abb.1); eine Kopplung zu dem auf 1RS lokalisierten RFLP *Xiad95* konnte jedoch nicht nachgewiesen werden. Resistenztests mit unterschiedlich virulenten Isolaten zeigten, dass *Lr-g* ein anderes Wirkungsspektrum gegenüber den verwendeten Einzelpustelisolaten besitzt als die Gene *Lr-c* und *Lr-h* (BAZ-3122). Dieses Ergebnis und die großen Unterschiede im Rekombinationswert von *Lr-g* zu *Prx7* im Vergleich zu *Lr-h* und *Lr-c* geben einen deutlichen Hinweis auf das Vorhandensein eines weiteren Braunrostresistenzlocus auf 1R. Neben weiteren Markeranalysen werden Allelietests mit allen auf 1R lokalisierten Resistenzgenen Aufschluss darüber geben, ob es sich tatsächlich um drei unterschiedliche Genorte handelt.

Abstract:

Five novel resistance genes were identified in rye populations from Groß Lüsewitz (*Lr-a*, *Lr-b*, *Lr-h*), gene-bank accessions (*Lr-g*) and from a Russian population (*Lr-c*), respectively. In the accession S345xSf we identified the genes *Lr-a* and *Lr-b*, with *Lr-a* located on chromosome 6RL. The tight linkage of *Lr-a* but not *Lr-b* with *Xiad267* as well as test crosses between *Lr-a* and *Lr-b* genotypes demonstrate that the two genes are non-allelic. In the accession 'Jaroslavna', 'Turkey' and 'WSR' the resistance genes *Lr-c*, *Lr-g* and *Lr-h* were found which were localized on 1R via the linkage to the isozyme locus *Prx7* and the SSR marker *Xscm1*. While *Lr-c* and *Lr-h* display similar linkage relationships to the two markers, *Lr-g* shows a distance of 25.3 cM distal to *Prx7*, which gives evidence for a non-allelic nature of this gene.

In Zusammenarbeit mit: VIR (St. Petersburg), Solodukhina, O.V.; Universität St. Petersburg; Voylov, A.V.; BAZ, Inst. f. landwirtschaftl. Kulturen, Groß Lüsewitz, Roux, S.R. (BAZ-3122); Hackauf, B. (BAZ-3136) (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

Sonntag, K.; Rudloff, E.

##### 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.

The aim of this project is to develop basic materials of winter rapeseed for the breeding with high quality by use of haploid techniques and selection in the field.

##### Ergebnisse:

Die im Vorjahr begonnenen Versuche, durch UV-Bestrahlung von Mikrosporen bei *Brassica napus* Mutationen auszulösen, wurden fortgesetzt. Dabei geht es darum, dass mutierte Allele homozygot vorliegen und exprimiert werden. Aus Mikrosporen abgeleitete Embryonen bieten darüber hinaus den Vorzug, in frühen Stadien analog zur Halbkornanalyse variierende Fettsäuregehalte ermitteln zu können. Im Mittelpunkt steht hier die Erhöhung des Myristinsäuregehaltes (C14:0) bei gleichzeitiger Senkung des Palmitinsäureanteiles (C16:0), die die Verwendbarkeit des Öls zur Erzeugung chemischer Grundstoffe günstig beeinflussen würde.

Ausgehend von 6 transgenen Linien der Sorte 'Drakkar', die durch Transformation mit dem Thioesterasegen aus *Cuphea lanceolata* zur Expression mittelkettiger Fettsäuren erzeugt wurden, erfolgte die Behandlung mit ultraviolettem Licht im Bereich von 0,005 bis 0,1 J/cm<sup>2</sup>. Als Zeitpunkt der Behandlung wurde das Mikrosporenstadium unmittelbar nach der Isolation aus der Blütenknospe gewählt.

Die Embryoinduktionsrate variierte in Abhängigkeit vom Genotyp zwischen 0,03 und 2,6 Embryonen/Knospe. Im Vergleich unbestrahlter und bestrahlter Mikrosporen wurden bei den sehr gering regenerierenden Genotypen nach Bestrahlung fördernde Effekte auf die Embryoregeneration beobachtet. Nach Bestrahlung entwickelten sich nur bei 3 Genotypen aus den Embryonen Regeneratpflanzen.

Die Überführung dieser Pflanzen ins Gewächshaus gelang nur bei zwei Genotypen. Die Bestrahlung mit 0,005 J/cm<sup>2</sup> erwies sich bezüglich der Überlebensrate als effektiv, dabei waren von insgesamt 74 Regeneratpflanzen 23 % spontan diploid, 73 % haploid und 4 % höherploid bzw. mixoploid. Diese Pflanzen werden z. Z. im Gewächshaus weiter kultiviert um nach der Saatguternte den Myristinsäuregehalt zu analysieren.

DH-Linien aus den im Vorjahr mit UV-Licht behandelten Mikrosporen wurden unter Feldbedingungen geprüft. Erwartungsgemäß lag der C14:0-Gehalt im Freiland mit 13,4 % deutlich unter dem an den primären DH-Pflanzen

im Gewächshaus ermittelten Wert von 19,3 %. Auffällig ist, dass bei manchen DH-Linien erhebliche Schwankungen zwischen Einzelpflanzen auftreten (im Extrem zwischen 11,9 % und 21,0 %), während andere, wie erwartet, homogen sind. Da wegen der erwarteten Homogenität nur wenige Einzelpflanzen je Linie analysiert wurden, sollen aus in größerem Umfang durchzuführenden Einzelkornanalysen detailliertere Informationen zur Variabilität innerhalb der Linien gewonnen werden. Die besten Linien haben einen relativ hohen C14:0-Gehalt zwischen 15,0 % und 17,5 %, was jedoch darauf zurückzuführen ist, dass C14:0-reiches Ausgangsmaterial verwendet wurde. Es konnten bisher keine Hinweise auf eine mutative Veränderung im Gehalt von Myristin- oder Palmitinsäure (C16:0) oder im Verhältnis C14:0/C16:0 gefunden werden.

##### Abstract:

Microspore culture was continued for mutagenesis of transgene oilseed rape by ultraviolet light. In the first experiments with 0,005 J/cm<sup>2</sup> of the ultraviolet light 74 regenerants were developed for further testing in the greenhouse. The fatty acid composition of doubled haploid lines developed by this treatment did not show any indication for its mutagenic change.

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 hybridization of selected Brassicaceae for development of new basic material with improved traits

Sonntag, K.; Müller, J.; Rudloff, E.; Groeneveld, I., Wang, Y.

##### Zielsetzung/Aim:

Ziel des Vorhabens ist die Bereitstellung von wertvollem Brassicaceen-Basismaterial mit verbesserten Eigenschaften für die Erzeugung industriell nutzbarer Öle. Dabei soll insbesondere der Erucasäuregehalt in *Brassica napus* und *Crambe* erhöht werden. Hierzu gilt es, Regenerations- und Fusionsseignung sowie geeignete Methoden der Hybrididentifizierung zu ermitteln.

Somatic hybridization of *Brassica napus* with other Brassicaceae via protoplast fusion is used for the development of new genetic material with improved traits for the production of oils as renewable resources. *Brassica napus* and *Crambe* with increased erucic acid as well with increased linolenic acid are the main objects in this project.

##### Ergebnisse:

Die Bereitstellung somatischer Hybridpflanzen erfordert die erfolgreiche Anwendung von Methoden zur Protoplastenfusion und die gezielte Induktion der Sproßregeneration. Die Hybridisierung mittels chemischer und elektrischer Fusion führte prinzipiell zur Erzeugung von

Hybridpflanzen, allerdings gelang dies durch Elektrofusion mit einer weitaus höheren Effizienz:

	Anzahl Experimente	Anzahl Hybriden
Chemische Fusion	676	84
Elektrofusion	99	78

Bei der Regeneration von Pflanzen aus den Hybridprotoplasten wurde eine starke Genotypabhängigkeit beobachtet. Dabei schwanken die Regenerationsraten der einzelnen Kombinationen von 0-46 %. Erstmals gelang die In-Vitro-Regeneration von Pflanzen aus der Kombination von *B. napus* (+) *Crambe abyssinica*. Dabei wurden die Donorprotoplasten von *Crambe* vor der Fusion mit UV-Strahlen im Bereich von 0,05 – 0,3 J/cm<sup>2</sup> behandelt. Die einzelnen Pflanzen werden gegenwärtig mit AFLP-Markern analysiert.

Insgesamt wurden bisher 162 Hybridpflanzen mit Hilfe von SSR-Markern aus *Brassica napus* identifiziert. Diese somatischen Hybriden sind hervorgegangen aus Kombinationen von *B. napus* (+) *B. juncea*, *B. napus* (+) *Raphanus sativus*, *B. juncea* (+) *Raphanus sativus* und *B. napus* (+) *Sinapis alba*.

Nach Überführung der In-Vitro-Pflanzen ins Gewächshaus bzw. Feld wurde durch Selbstungen und Rückkreuzungen mit *Brassica napus* Saatgut für die Fettsäureanalyse gewonnen. Im Erucasäuregehalt der Hybriden zeigen sich in Abhängigkeit vom Gehalt der Elternformen deutliche Unterschiede. So sind von *B. juncea* zwei Elterntypen verwendet worden, die sich im Erucasäuregehalt deutlich unterscheiden. Während der "europäische Typ" (E) einen Erucasäuregehalt von ca. 25-30 % zeigt, liegt er bei dem "asiatischen Typ" (A) mit 40-45 % deutlich höher. Dies zeigt sich auch in den Hybriden (Abb. 1), die im Erucasäuregehalt ebenso deutlich differieren. Kreuzungen dieser Hybriden mit Raps ergeben in Abhängigkeit vom Rapselter einen unterschiedlichen Erucasäuregehalt.

Auffällig ist, dass die Hybriden mit der asiatischen *B. juncea* bei Kreuzung mit erucasäurefreiem Raps einen deutlich höheren Erucasäuregehalt zeigen als Hybriden mit der europäischen *B. juncea* (32,8% gegenüber 19,5%). Möglicherweise bewirkt das Erucasäuregen aus der asiatischen *B. juncea* eine erhöhte Syntheserate für diese Fettsäure, die im heterozygoten Erucasäuretyp in einem erhöhten Einbau von Erucasäure in das Speicherlipid resultiert. Kreuzungen von Hybriden mit der asiatischen *B. juncea* und erucasäurereichem Raps ergeben einen hohen Erucasäuregehalt, der im Mittel bei 43,4 % liegt und im Maximum 59,8 % erreicht. Für den Vergleich mit dem europäischen Typ sind zur Zeit zu wenige Daten vorhanden.

Bei Hybriden aus erucasäurefreiem Raps und erucasäurereichem Senf (*Sinapis alba*) sind die Verhältnisse ähnlich. Hier wurde bei allen regenerierten Hybriden beobachtet, dass sie keinen Pollen bilden, weshalb eine Reproduktion nicht möglich war. Die Bestäubung mit Raps zeigte jedoch Ansatz. Die Kreuzung mit erucasäurefreiem Raps ergab im Mittel 17,1 % Erucasäure, die mit erucasäurereichem im Mittel 43,1 % mit einem Maximum von 56,7 %

Erucasäure. Quadrogenomische Hybriden von Raps mit *B. juncea* (AAAABBCC) bzw. trigenomische mit *S. alba* (AACSS) können bis zu 8 bzw. 6 dominante Erucasäureallele tragen. Die weiteren Untersuchungen werden ergeben, ob (1) die Erhöhung der Zahl der Allele eine Zunahme im Erucasäuregehalt bewirken kann und ob (2) die Introgression von "exotischen" Erucasäuregenen aus anderen Brassicaceen-Arten in das Rapsgenom in der Lage ist, den Erucasäuregehalt positiv zu beeinflussen.

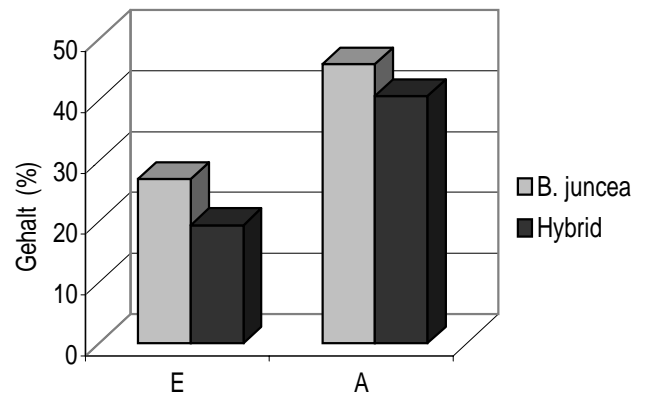


Abb. 1: Erucasäuregehalt im europäischen (E) und asiatischen (A) *B. juncea*-Typ und den aus Fusion mit erucasäurefreiem Raps regenerierten Hybriden

Fig. 1: Erucic acid content in the european (E) and the asiatic type (A) of *B. juncea* and its hybrids from fusion with zero erucic oilseed rape

Der Schwerpunkt künftiger Arbeiten liegt zum einen darin, aus den vorhandenen Hybriden erucasäurereiche Formen mit guter Fertilität zu selektieren bzw. Gene aus den anderen Elternarten mittels wiederholter Rückkreuzung in das Rapsgenom einzulagern und zum anderen in der Einbeziehung anderer Fusionspartner wie *Arabidopsis*, *Lesquerella*, *Erucastrum* und *Moricandia* sowie in der Analyse der Hybridpflanzen hinsichtlich ihres Fettsäurespektrums und Resistenzverhaltens gegenüber verschiedenen Pathogenen.

#### Abstract:

The introduction of erucic acid genes from several Brassicaceae species, e.g., *Brassica juncea*, *Sinapis alba*, *Crambe abyssinica* may result in an increased content of erucic acid, which is needed for the industrial utilisation of rapeseed oil. We studied both chemical and electric fusion. Electric fusion was carried out with higher efficiency but shoot regeneration strongly depended on the genotype, ranging from zero to 46 %. Seeds obtained from the combinations of *B. napus* (+) *B. juncea*, *B. napus* (+) *Raphanus sativus*, *B. juncea* (+) *Raphanus sativus* and *B. napus* (+) *Sinapis alba* and crosses with *B. napus* of varying erucic acid content, respectively, were examined for their fatty acid composition. The results show that the erucic acid content of both the hybrid parents and the *B. napus* parent crossed with the hybrids are influencing the erucic acid of the offspring.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Hackauf, B., Ruge, B.; Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität, Groß Lüsewitz, Jürgens, H.-U.; Institut für Qualitätsanalytik, Quedlinburg, Schütze, W.  
(BAZ- 3132, gefördert durch FNR)

### **3.3. 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:

Durch Einführung von Resistenzgenen aus Wildkartoffelformen in das Genom der Kulturkartoffel mit Hilfe der somatischen Hybridisierung sollen wertvolle agronomische Eigenschaften mit Krankheitsresistenzen kombiniert werden. Das langfristige Ziel besteht darin, Genotypen mit kombinierten Resistenzen (wie Virus-, *Phytophthora*-, *Erwinia*-Resistenz u.a.) unter Nutzung konventioneller sowie biotechnologischer Methoden zu erzeugen und gleichzeitig Untersuchungen zur Aufklärung der Resistenzmechanismen vorzunehmen.

The aim of this project is the production of genotypes with combined resistances by using conventional and biotechnological methods and to study the resistance mechanisms.

#### Ergebnisse:

Aus den Versuchen zur somatischen Hybridisierung durch Protoplastenfusion zwischen überwiegend nicht kreuzbaren Wildkartoffelarten und relevanten Zuchtklonen sowie Kartoffelsorten konnten bei 16 Genotypkombinationen über 400 interspezifische somatische Hybriden durch molekulare Marker identifiziert werden. Die Flowzytometrie wurde routinemäßig zur Valenzstufenanalyse der Regenerat- und Hybridpflanzen als Voraussetzung einer Selektion für die weitere Bearbeitung angewandt.

Im Einzelblatttest zur Ermittlung der Krautfäulerresistenz wurden bei den Genotypkombinationen 'Agave' (+) *S. bertaulthii* (sexuell kreuzbar) und 'Delikat' (+) *S. tarnii* sieben hexa-, vier okto- und zwei mixoploide somatische Hybriden gefunden, die Resistenzen aufwiesen, welche den Wildeltern entsprechen.

Prüfverfahren zum Resistenzverhalten von Ausgangsformen und Hybriden sowie deren Nachkommen gegen Kartoffel Virus Y (PVY) wurden unter Einsatz von In-Vitro-Pflanzen intensiv getestet. Bei einem Methodenvergleich stellte sich die mechanische PVY-Inokulation an Gewächshauspflanzen als am empfindlichsten heraus. Drei Wochen nach Topfung von 30 In-Vitro-Pflanzen pro Genotyp wurde die Inokulation an drei Blättern unter Abtrennung der Seitentriebe durchgeführt, um nach 3-4 Wochen den Pflanzenaustrieb mit Hilfe des ELISA zu testen. Die Pfropfung von In-Vitro-Pflanzen auf virusinfizierten Tabakunterlagen erwies sich als effektive Methode zum Nachweis der extremen PVY-Resistenz. Bei Unter-

suchung der Wildkartoffelarten *S. tarnii*, *S. bulbocastanum* und *S. cardiophyllum* wurde neben der *Phytophthora*-Resistenz auch eine extreme PVY-Resistenz festgestellt.

Von sechs somatischen Hybriden und sieben BC<sub>1</sub>-Nachkommen wurden nach Bestäubung von 1200 Blüten 350 Beeren geerntet. Über Embryo- und Samenkultur werden die Pflanzen in vitro angezogen.

Nach Protoplastenfusion eines dihaploiden Zuchtstammes (A-Genom) und der PVY-resistenten Wildart *S. etuberosum* (E-Genom) wurden ausgewählte Hybriden sowie BC<sub>1</sub>- und BC<sub>2</sub>-Nachkommen mit Hilfe der genomischen In-Situ-Hybridisierung (GISH) untersucht. Die somatischen Hybriden konnten entsprechend ihrer genomischen Zusammensetzung in 3 Gruppen eingeteilt werden: Tetraploide Hybriden (2n=4x=48) wiesen die erwartete Genomzusammensetzung AAEE mit je 24 Chromosomen der Kartoffel (gelb) sowie der Wildform (rot) auf (Abb. 1a). Hexaploide Hybriden (2n=6x=72) gingen aus der Fusion von drei Protoplasten hervor. Ein Teil dieser Hybriden bestand aus zwei Chromosomensätzen des *S. tuberosum* und vier des *S. etuberosum* (AAEEEEE, Abb. 1b). In Virustestversuchen zeichnete sich die Hybride 27/2/14/1 durch extreme PVY-Resistenz wie beim Wildelter aus. Im Gewächshaus- und Feldanbau bildete dieser Genotyp allerdings anstelle von Knollen nur verdickte Stolonen. Andere hexaploide Hybriden zeigten eine Genomzusammensetzung von AAAAEE mit 48 Kartoffelchromosomen (gelb) und 24 Chromosomen von *S. etuberosum* (rot, Abb. 1c). Diese Hybriden entwickelten in Form und Ertrag die besten Knollen unter Feldbedingungen, waren aber virusanfällig. Nach Kreuzung hexaploider Hybriden entstandene pentaploide BC<sub>1</sub>-Pflanzen mit 21 E-Chromosomen wurden erfolgreich zur Erzeugung von BC<sub>2</sub>-Nachkommen verwendet. Bei diesen Pflanzen konnten noch 7-12 Chromosomen der Wildform nachgewiesen werden (Abb. 1d).

Die Untersuchungen zur Merkmalstestung der somatischen Hybriden sowie deren Rückkreuzungsnachkommen wurden weitergeführt. Bisher blieben nur drei BC<sub>1</sub>- und BC<sub>2</sub>-Pflanzen nach mechanischer Inokulation virusfrei. Die Ergebnisse der Virustestung nach Feldanbau stehen noch aus.

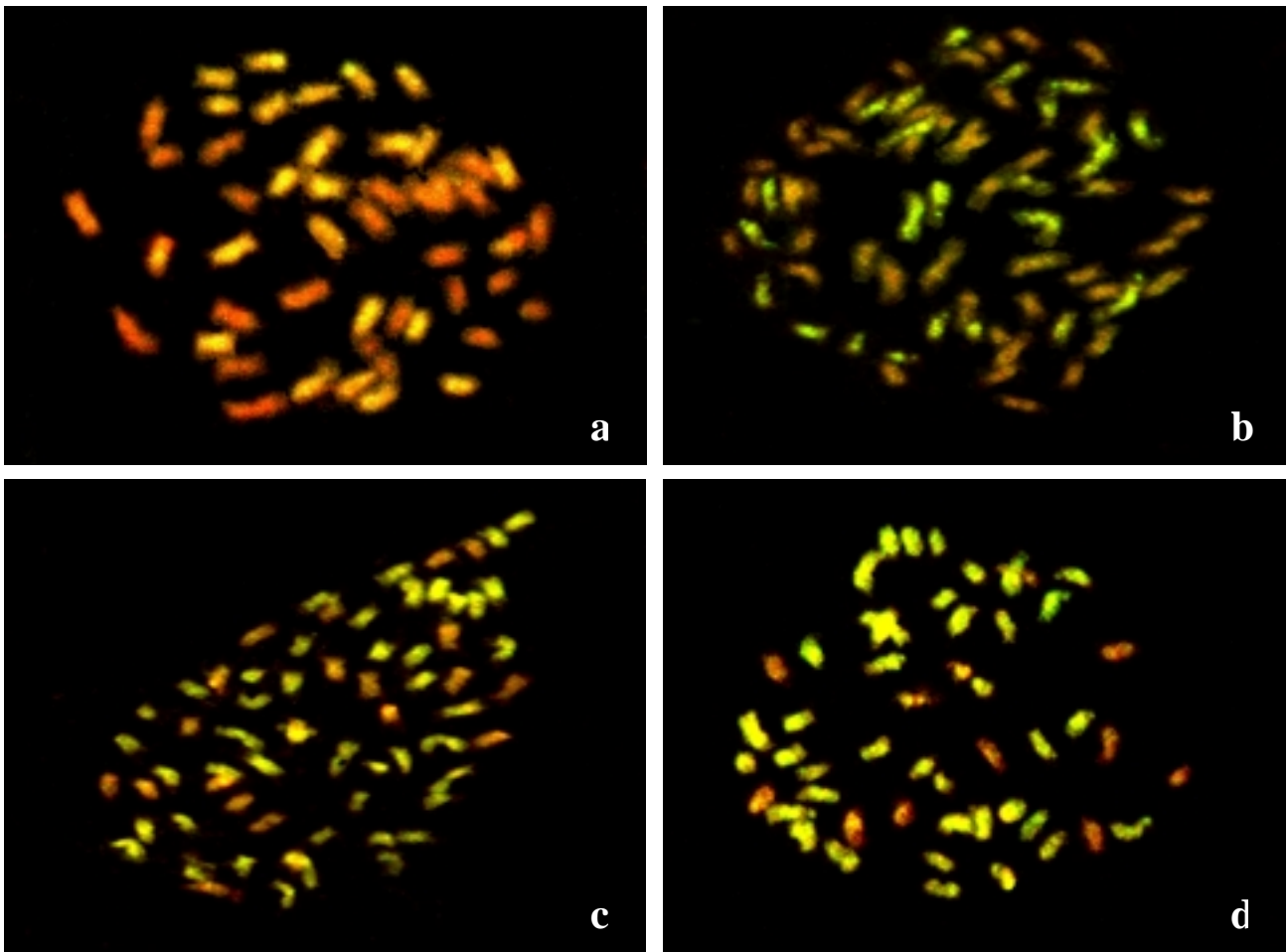


Abb. 1a-d GISH-Analyse an interspezifischen Hybriden aus einem Kartoffelzuchtclon (AA,  $2n=2x=24$ ) (+) *Solanum etuberosum* (EE,  $2n=2x=24$ ) und Rückkreuzungsnachkommen

- 1a: 26/2/3/1 - AAEE,  $2n=4x=48$ , 24 Kartoffelchromosomen (chr.) + 24 Wildartchromosomen
- 1b: 27/2/14/1 - AAEEEE,  $2n=6x=70$ , 24 Kartoffelchr. + 46 Wildartchromosomen
- 1c: 27/2/12/1 - AAAAEE,  $2n=6x=72$ , 48 Kartoffelchr. + 24 Wildartchromosomen
- 1d: BC<sub>2</sub> Pflanze 64/10/4/1 - AAAAE,  $2n=4x=51$ , 39 Kartoffelchr. + 12 Wildartchromosomen

Fig. 1a-d: GISH analysis of interspecific hybrids between a dihaploid potato clone (AA,  $2n=2x=24$ ) (+) *Solanum etuberosum* (EE,  $2n=2x=24$ ) and backcross progenies:

- 1a: 26/2/3/1 - AAEE,  $2n=4x=48$ , 24 potato chromosomes (chr.) + 24 chr. of *S. etuberosum*
- 1b: 27/2/14/1 - AAEEEE,  $2n=6x=70$ , 24 potato chr. + 46 chr. of *S. etuberosum*
- 1c: 27/2/12/1 - AAAAEE,  $2n=6x=72$ , 48 potato chr. + 24 chr. of *S. etuberosum*
- 1d: BC<sub>2</sub> plant 64/10/4/1 - AAAAE,  $2n=4x=51$ , 39 potato chr. + 12 chr. of *S. etuberosum*

#### Abstract:

More than 400 interspecific somatic hybrids of different genotype combinations were produced by symmetric protoplast fusion. For the selection of PVY resistant genotypes the mechanical inoculation of the potted *in vitro* grown plants ( $n=30$ ) was the most sensitive method. The wild potato species *S. tarnii*, *S. bulbocastanum* and *S. cardiophyllum* showed besides the expected resistance to late blight an extreme resistance to PVY according to the grafting experiments. 13 somatic hybrids with different ploidy level of the combinations cv. Agave (+) *S. berthaultii* and cv. Delikat (+) *S. tarnii* showed high resistance level to *Phytophthora infestans* in the detached-leaf test.

According to the results of the genomic *in situ* hybridisation analysis (GISH) interspecific somatic hybrids from

breeding clone T67 (+) *S. etuberosum* could be separated into three classes based upon their genomic composition: tetraploid hybrids ( $2n=4x=48$ ) with genome composition of AAEE with 24 chromosomes of each parental genotypes (Fig. 1a); hexaploid hybrids ( $2n=6x=72$ ) divided into plants presenting two chromosomal sets of potato and four of *S. etuberosum* (AAEEEE, Fig. 1b) and hexaploids with reverse genomic composition (EEAAAA, Fig. 1c). The first backcross progenies (BC<sub>1</sub>) of hexaploid somatic hybrids had the pentaploid level. In BC<sub>2</sub> plants 7 to 12 alien chromosomes of *S. etuberosum* were detected (Fig. 1d).

Evaluation work of the somatic hybrids and backcross progenies in the greenhouse and under field conditions is underway.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U.; BBA, Inst. f. Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland; Heimbach, U., Niepold, F.; BTL Bio-Test Labor Sagerheide, Thieme, T.; Vavilov-Institut, St. Petersburg, Russland, Gavrilenko, T.; Institut für Kartoffelforschung Brasov, Rumänien, Dinu, I.  
(BAZ-3128)



# Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität

## Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials

Groß Lüsewitz

Das Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität hat die Aufgabe, Züchtungsmethoden zu entwickeln, die es gestatten, die Toleranz gegenüber abiotischem Stress und die biologische Rohstoffqualität landwirtschaftlich genutzter Kulturpflanzen zu erfassen. Dabei spielen die Evaluierung genetischer Ressourcen und die Entwicklung von Indikatorsortimenten und Basismaterial eine zentrale Rolle. Die Arbeiten konzentrieren sich auf Getreide, Kartoffeln und Leguminosen.

### Abiotische Stresstoleranz

Abiotischer Stress ist die Wirkung von einzelnen oder kombinierten Umweltfaktoren (Frost, Kälte, Hitze, Trockenheit u.a.) auf den Metabolismus der Pflanze, die eine ungewöhnliche Belastung für den Organismus darstellt. Toleranz gegenüber abiotischem Stress bedeutet, dass Pflanzen in der Lage sind, die Stresssituation unter weitgehender Beibehaltung ihrer Leistungsfähigkeit zu bewältigen.

Arbeitsschwerpunkte:

- Identifizierung von neuen physiologischen Selektionskriterien für die Umweltstabilität von Ertrag und Qualität
- Analyse der genetischen Determinierung der abiotischen Stresstoleranzen
- Optimierung der Analytik von klassischen Stressmarkern mit automatisierten Methoden
- Entwicklung biochemischer und molekularer Marker zur Selektion auf abiotische Stresstoleranz
- Verbesserung der abiotischen Stresstoleranz auf der Grundlage von Zell- und Gewebekulturen
- Untersuchungen zum Einfluss von Trockenstress auf die Nährstoffaufnahme und -effizienz

### Biologische Rohstoffqualität

Die Qualitätsforschung umfasst die Zusammensetzung, Eigenschaften und Struktur von biologischen Materialien unter dem Aspekt der industriellen Verwertung und der Nahrungs- und Futterproduktion. Bedeutende Kriterien für diese Forschungsarbeiten sind die Erhöhung des Gehaltes funktioneller Inhaltsstoffe und die effektivere Gewinnung reiner Inhaltsstoffe.

Die Hauptgebiete der Qualitätsforschung sind:

- Entwicklung von Methoden zur Analyse von Stärken, Lipiden und Zellwänden (Nicht-stärkepolysacchariden) auf Gehalt, Zusammensetzung, Struktur und Eigenschaften
- Analyse der Phytohormone, Amylasen und des Stärke- und Zellwandabbaus in den Phasen Kornfüllung, Reife und Keimung mit enzymatischen, rheologischen, spektroskopischen und biotechnologischen Methoden im Hinblick auf Auswuchsresistenz und Autolysepotential
- Entwicklung und Anwendung von Methoden zur Analyse und biotechnologischen Veränderung der Zellwandstrukturen

Pflanzen sind während ihres Lebenszyklusses einer Reihe von umweltbedingten Stressfaktoren ausgesetzt, die die landwirtschaftliche Produktivität entscheidend beeinflussen können. Weltweit werden große Anstrengungen unternommen, um die Stresstoleranz der landwirtschaftlichen Nutzpflanzen zu verbessern.

Ziel der Züchtung auf Stresstoleranz ist eine genetisch bedingte Adaptionfähigkeit an nicht-optimale Bedingungen, so dass die Pflanzen ein hohes Niveau physiologischer Aktivitäten in verschiedenen Umwelten realisieren können – sowohl in Richtung Ertragsbildung als auch hinsichtlich der Ausbildung von Qualitätsmerkmalen.

Zu diesem Zweck wurden in den letzten Jahren eine Reihe indirekter Selektionskriterien, wie z.B. die Akkumulation von Prolin und löslichen Zuckern, die Änderung der Stickstofffraktionen, der epidermalen Leitfähigkeit und der osmotischen Adaption getestet und züchtungsrelevante Methoden entwickelt.

Die Methoden kommen bei der Evaluierung von Genbankmaterial (Kartoffel; Ackerbohne) und bei der Prüfung von *in vitro*-selektierten Regeneratpflanzen der Gerste auf Frosttoleranz und der Kartoffel auf Trockentoleranz zur Anwendung. Die Präzision dieser Methoden zur Quantifizierung der Stressreaktionen der Pflanze hängt im hohen Maße von der gradientenfreien Stresssimulation ab.

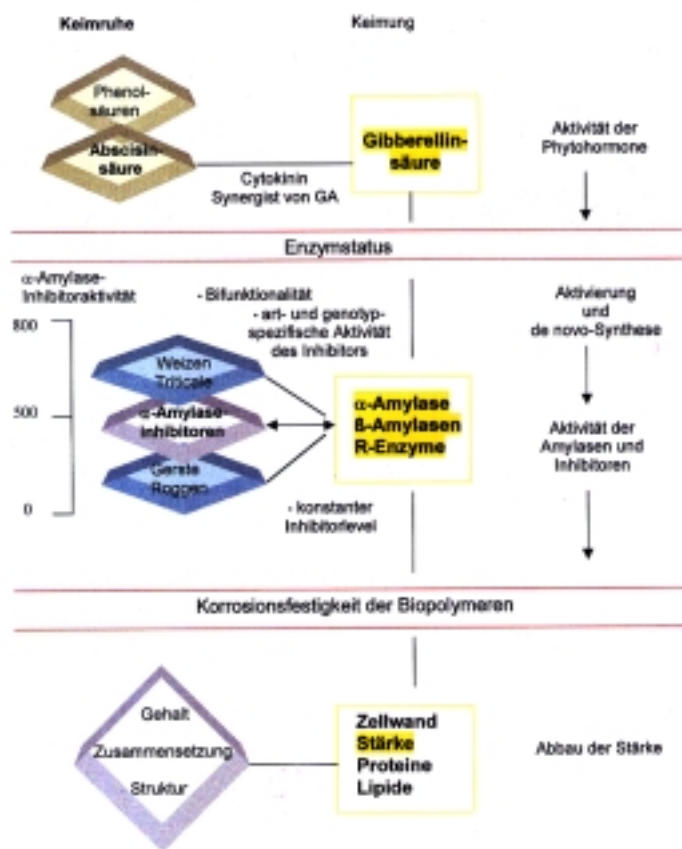


Abb. 1: Teilkomponenten des Auswuchsverhaltens von Getreide  
Fig. 1: Partial components of sprouting behaviour in cereal grains

In den Phasen der Entwicklung, Reifung und Keimung von Samen spielen Stärkesynthesen und die amylytischen Enzyme  $\alpha$ -Amylase,  $\beta$ -Amylase und 1,6-Grenzextrinase eine wichtige Rolle. Bei unseren einheimischen Getreidearten und besonders bei Triticale sind diese Enzyme neben den agronomischen Merkmalen, wie Standfestigkeit, Struktur und Zusammensetzung von Ähre und Korn, entscheidend für Auswuchsschäden bei Schlechtwetterbedingungen im Erntezeitraum. Die Zusammenhänge zwischen Keimruhe, Enzymstatus und Stärkeabbau bilden die Grundlage für die methodischen Forschungsarbeiten und die Selektion von Triticale neben Roggen, Weizen und Gerste (Abb. 1, 2).

Neben auswuchsresistenten werden auch Formen mit hohen Enzymaktivitäten zur Vollreife z. B. für die Bioethanolproduktion beachtet. Die unterschiedlichen Witterungsverläufe der letzten Jahre ermöglichten art- und genotypische Besonderheiten im Auswuchsverhalten zu analysieren und interpretieren.

Außer den aktuellen biochemischen Methoden werden züchtungsrelevante rheologische und NIR-Methoden entwickelt und zur Selektion von Basismaterial eingesetzt, eine Voraussetzung für den Ausbau der Biotechnologie bei der Erhöhung der Auswuchsresistenz und des Autolysepentials.

Bei Gerste wurde das gemeinsam mit der privaten Pflanzenzüchtung entwickelte Basismaterial in Kooperation mit kompetenten Forschungseinrichtungen zu ballaststoffreichen Nahrungskomponenten ( $\beta$ -Glucane, resistente Stärke) verarbeitet und ernährungsphysiologisch und klinisch positiv bewertet.

Das Verhältnis von Amylose und Amylopektin in der Stärke und der Verzweigungsgrad im Amylopektin haben einen großen Einfluss auf die physikalisch-chemischen Eigenschaften und die Bildung von resistenter Stärke. Zur Charakterisierung von Stärken mit unterschiedlichen Anteilen an Amylopektin (waxy-Formen, amylosereiche Formen) wurden die Stärken mittels Gelpermeation-Chromatographie (GPC) in ihre Komponenten getrennt und die Verzweigung im Amylopektin nach enzymatischer Hydrolyse mit Isoamylase und Pullulanase untersucht.

Für die Analyse der Pentosane in Getreide wurden eine gaschromatographische und eine HPLC-Methode, die neben dem Gehalt auch die Zusammensetzung der Pentosane erfassen, an die Belange



Abb. 2: Roggen Triticale Gerste  
visueller Auswuchs  
Fig. 2: rye triticale barley  
visual preharvest sprouting

der Züchtung angepasst.

Veränderungen der Zellwand der Kartoffel zur Verbesserung der Qualitätseigenschaften und –stabilität in den Phasen Anbau und Lagerung sind ein weiterer Schwerpunkt im Institut. Mit der Expression einer *Erwinia*-Pektatlyase (PL) in transgenen Kartoffeln werden pflanzeigene Abwehrmechanismen aktiviert, um das Knollengewebe gegenüber der *Erwinia*-Nassfäule resistenter zu machen. Gleichzeitig kommt es zu Veränderungen im Zellwandgehalt und in der Zellwandstruktur, was für die Verarbeitungseigenschaften der Kartoffel wichtig ist. Transgene Pektatlyase-Kartoffeln sind in diesem Jahr zum vierten Mal auf dem Feld angebaut worden. Wie die nicht-transgene Kontrolle und die Ausgangssorte Désirée (Fa. F. Lange KG), entwickelten die transgenen Linien einen geschlossenen Bestand und waren diesen auch im Ertrag vergleichbar. Trotz der ungünstigen Witterung während der Vegetationsperiode ist das PL-Enzym produziert worden. Die PL bewirkt mit der Freisetzung von Elicitoren aus den Zellwandpektinen eine Induktion von Resistenzmechanismen. So bilden die PL-Kartoffeln nach Infektion mit *Erwinia* Bakterien verstärkt Nekrosen, ein Zeichen für eine erfolgreiche Pathogenabwehr. Dabei wird noch gesundes pflanzliches Gewebe von einer Barriere aus abgestorbenen verkorkten Zellen überlagert, die von den Bakterien nicht mehr durchdrungen werden kann (Abb. 3A). Die PL-Kartoffeln sind auch ein sehr gutes Modell, um die komplexen Zusammenhänge der pflanzlichen Abwehr näher zu untersuchen. Daher wurde begonnen, in Zusammenarbeit mit der Universität Greifswald das Proteom von PL-transgenen Kartoffeln mittels 2D-Elektrophorese näher zu untersuchen (Abb. 3B). Diese Arbeiten sollen zur Erschließung neuer Resistenzquellen führen. Neben der Sorte Désirée sollen in Zusammenarbeit mit der Fa. Böhm Nordkartoffel in den kommenden Jahren noch weitere Sorten und Zuchtstämme mit dem PL 3-, PL 1- und Oligogalacturonidlyase-Gen aus *Erwinia carotovora* ausgestattet werden, um nicht nur Resistenzen zu induzieren, sondern auch wertvolles Untersuchungsmaterial für die Proteom-Analysen zu schaffen.

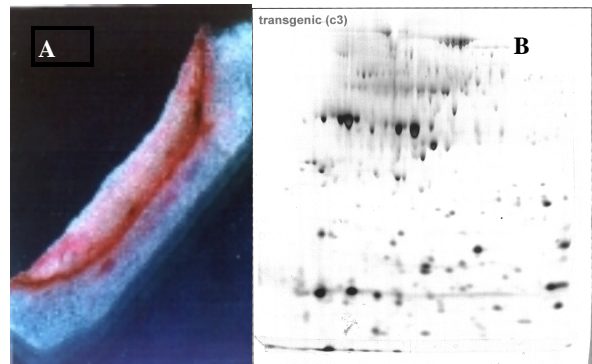


Abb. 3A: Mit Safranin gefärbter Schnitt durch verkorktes Gewebe

Abb. 3B: 2D-Gel von Proteinen einer PL-transgenen Kartoffellinie

Fig. 3A: Microscopic section excised from necrotic, corky tissue and stained with safranin

Fig. 3B: 2D-Gel of proteins of a PL-transgenic potato line

The Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials elaborates methods to evaluate tolerance to abiotic stress and quality of biological raw materials in agricultural plants. The evaluation of genetic resources and the development of indicator assortments and basic material play an important part of it. The main crops investigated are cereals, potatoes and legumes.

#### Abiotic stress tolerance

Abiotic stress is defined as effect of single or combined environmental factors (frost, chilling, heat, drought and others) on the metabolism of plants which leads to an unusual strain on the organism.

Tolerance to abiotic stress means the ability of plants to cope with the stress situation without marked drop in performance and productivity.

Priorities:

- Identification of new physiological selection criteria for the environmental stability of yield and quality.
- Analysis of genetic determination of abiotic stress tolerances.
- Optimization of analytical systems for the determination of classical stress markers with automated methods.
- Development of biochemical and molecular markers for the selection to stress tolerance.
- Improvement of abiotic stress tolerance by means of cell- and tissue cultures.
- Investigations into the influence of drought on nutrient acquisition and efficiency.

### Quality of biological raw materials

The quality investigation encloses 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 of the content of functional components and the isolation of pure compounds with a higher effectiveness.

The main fields of quality investigation are:

- Development of methods for analysis of starches, lipids and cell walls (non starch polysaccharides) concerning content, composition, structure, and properties
- Analysis of plant hormones, amylases, and of starch and cell wall degradation during grain filling, ripening and germination (preharvest sprouting) with enzymatic, rheological, spectroscopical and biotechnological methods regarding to sprouting resistance and autolytical potential
- Development and use of methods for analysis and biotechnological alteration of cell wall structures

Plants are subjected to a wide variety of environmental stresses throughout their life cycles, causing an enormous impact on agricultural productivity. World-wide major efforts are undertaken to improve the stress tolerance of agricultural plants.

The aim of breeding to abiotic stress tolerance is a genetically determined adaptability to non-optimal conditions so that the plant can sustain a high level of physiological activity in different environments. This includes formation and stability of yield as well as quality parameters.

For this purpose a range of indirect selection criteria – as accumulation of proline and soluble sugars, changes in nitrogen fractions, epidermal conductivity and osmotic adaptation - have been tested and breeding relevant methods developed. These methods were used to evaluate gene bank material (potatoes and faba beans) and to test *in vitro* selected plants of barley for freezing tolerance and potatoes for drought tolerance. The precision of these methods to quantify the stress response of plants depends to a high degree on the simulation of stress without gradients.

Starch synthases and the amylolytic enzymes  $\alpha$ -amylase,  $\beta$ -amylase and 1,6-dextrinase play an important role during the development, ripening, and germination of seeds. Besides the agronomical features like resistance to lodging and structure and composition of ears and kernels, in the native cereals and especially in triticale these enzymes are the deciding factor for sprouting damages caused by bad weather conditions during harvest time. The relation between seed dormancy status of enzymes and starch degradation is used as a basis for breeding research and selection of cereals (Fig. 1, Fig. 2).

Besides sprouting resistant plants, forms with a high level of amylolytic activity at harvest ripeness – of interest for production of bioethanol - are selected. The different weather conditions of the last years made it possible to analyze the variability of sprouting behaviour between and within species. Additionally to actual biochemical methods rheological and NIR-spectroscopical methods are developed for selection of basic material. This is a requirement for the increased use of biotechnological methods to improve sprouting resistance and autolytical potential.

Basic material of barley was developed together with privat plant breeders and processed in cooperation with competent research institutions. The developed food products with high content of dietary fibre ( $\beta$ -glucane, resistant starch) was found to have positive physiological and clinical effects.

The ratio of amylose and amylopectin in starch and the degree of branching in amylopectin have important effects on the physical and chemical properties and the formation of resistant starch. Different starches with high or low ratio of amylose and amylopectin were fractionated by gel permeation chromatography and the fractions of amylopectin were debranched using isoamylase or pullulanase for characterisation by chromatography. For analysis of pentosans in cereals GC- and HPLC-methods were optimized to determine the content and the composition of pentosans.

Alternations of potato cell wall to improve quality properties and their stability during cultivation

and storage are a further important research topic at the institute. For example the expression of an *Erwinia* pectate lyase (PL) in transgenic potatoes activates plant defence mechanisms leading to an enhanced resistance of tuber tissue to soft rot and changes in cell wall content and structure, an important factor for use of potatoes. The PL-transgenic potatoes were grown for the fourth time on the field. The transgenic lines did not differ in growth and yield from the non-transgenic control and the original cv. Désirée (Fa. Lange). Although the weather conditions were not optimal for potato growth the PL-enzyme was produced. The PL induces resistance mechanisms by the release of elicitors from plant cell wall pectins. Thus the PL-active potatoes showed a strengthened formation of necrosis after infection with *Erwinia* bacteria indicating a successful defence of the pathogen. The layer of killed and corky cells functions as a barrier which can not be penetrated by the *Erwinia* bacteria (Fig. 3A). The PL-transgenic potatoes are also a good model to investigate the complex interactions of plant defence. Therefore, we started in collaboration with the University Greifswald to analyse the proteome of PL-transgenic potatoes by means of 2D-electrophoresis (Fig. 3B). These activities may lead to new resistance sources. Moreover, in collaboration with the Böhm-Nordkartoffel group, the PL3-, PL1- and oligogalacturonid lyase gene of *Erwinia carotovora* will be transformed into other potato cultivars and breeding clones. This will be done to induce not only a resistance but also to create material for the proteome analysis.

## 1. Stressphysiologie/Biologische Rohstoffqualität Stress Physiology/Quality of Raw Materials

### 1.1. 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 sollen hinsichtlich der tatsächlichen Verbesserung der Winterhärte getestet werden. Dazu sind 2-jährige 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 soll 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 will 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 are 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 shall be confirmed.

Ergebnisse:

Zum Vergleich der Winterhärte der selektierten Linien mit der Ausgangssorte und Sorten des Indikatorsortiments wurden auch im zweiten Versuchsjahr Feldversuche an 5 Standorten in Deutschland, Tschechien, Rumä-

nien und Polen angelegt. Leider führten die sehr milden Winterbedingungen 1999/2000 wieder dazu, dass an den Versuchsstandorten in Deutschland, Polen und Tschechien sowie in diesem Jahr selbst in Rumänien keine Ausfälle durch Auswinterung beobachtet wurden.

Bei der Auswertung der Ertragsdaten zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen den Versuchsstandorten Groß Lüsewitz, Luzany und Fundulea. In Groß Lüsewitz und Luzany mit dem höheren Ertragsniveau bestätigte sich im wesentlichen die Rangfolge der Ertragsleistungen der Linien im Vergleich zur Ausgangssorte 'Igri'. Trotz des wiederum deutlich niedrigeren Ertragsniveaus in Rumänien war in diesem Jahr auch hier die Rangfolge vergleichbar.

Ein analog zum letzten Jahr durchgeführter Frosttest unter kontrollierten Bedingungen (natürlichen Härtung im Freiland und Test in der Frostkammer) mit 3 Linien, 'Igri' und zwei Sorten des Indikatorsortiments zeigte im Frühjahr eine deutliche Abstufung der Überlebensraten sowie der einsetzenden Bestockung der einzelnen Idiotypen (Abb. 1). Diese stimmt weitgehend mit unserer Einschätzung der Frosttoleranz nach der Leitfähigkeitsmethode überein.

In einem weiteren Versuch (Provokationsmethode) wurden von den oben genannten Idiotypen Pflanzen im Freiland in Bodenhöhe sowie in 50 cm Höhe den natürlichen Witterungsbedingungen des Winters ausgesetzt. Auf Grund der extrem milden Witterungsbedingungen im Winter 1999/2000 wurden in diesem Versuch jedoch keine (frostbedingten) Ausfälle ganzer Pflanzen beobachtet. Eine Verminderung der Bestockungstribe in den Kisten in 50 cm Höhe im Vergleich zu denen in Erdbodenhöhe deutet jedoch auf einen Einfluss von tiefen Temperaturen und/oder Wasserversorgung hin. Im Vergleich zur Bestockung im Freiland zeigten sich idiotypische Unterschiede in der Reaktion auf den Stress, vor allem die toleranten Linien 'Hyp142' und 'Hyp73c/86' reagierten positiv mit einer relativ höheren Bestockung.

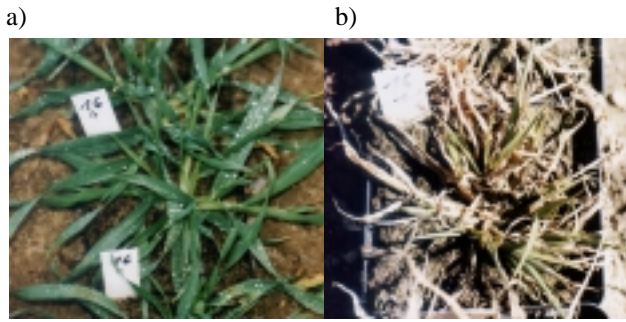


Abb. 1: Test *in vitro* selektierter Wintergerstenlinien im Gefäßversuch mit kontrollierter Frostbehandlung  
 a) Pflanze vor Frostbehandlung  
 b) Regrowth im Frühjahr (tolerante Linie)

Fig. 1: Test of *in vitro* selected winter barley lines in a pot trial with controlled freezing  
 a) plant before freezing  
 b) regrowth of plant in springtime (tolerant line)

#### Abstract:

Field trials to assess winter hardiness of selected lines and cultivars of the indicator assortment were established in 5 locations in Germany, Poland, Czechia, Romania. Unfortunately, mild winter conditions in 1999/2000 resulted in no winter damage in any location.

Yield data were recorded only in three locations. As in the last year, significant differences between the locations Groß Lüsewitz, Luzany and Fundulea were found. The ranking order of ideotypes was - especially in the 2 locations with the higher yield level (Groß Lüsewitz, Luzany) - comparable to that of the last year.

A frost test under partially controlled conditions (hardening in the field, freezing in a climatic chamber) plants of 6 lines/cultivars resulted in a ranking order of survival rates as well as tillering ability of the surviving plants which was related to frost tolerance of ideotypes assessed by the electrolyte leakage method (Fig. 1). A further test was carried out with plants in boxes at different height (0 and 50 cm above ground, provocation method). No complete plant losses by frost could be observed even in 50 cm height, but tillering ability compared to the field showed differences as well. Especially tolerant lines 'Hyp142' and 'Hyp73c/86' had a better performance compared to 'Igri'.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hamburg, Dörffling, K., Tantau, H.; Research Institute of Crop Production, Prag, Tschechische Republik, Prasil, J.; Research Institute of Cereal and Industrial Crops, Fundulea, Rumänien, Pecu, E.; Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH, Gudow-Segrähn, Laubach, E.

(BAZ-3337; gefördert durch AiF)

## 1.2. Trockentoleranz *in vitro* selektierter Kartoffellinien Drought tolerance of *in vitro* selected potato lines Balko, C.

#### Zielsetzung/Aim:

Linien *in vitro* selektierter Kartoffelpflanzen sollen in Gefäß- und Feldversuchen hinsichtlich ihrer Trockentoleranz untersucht werden. Dabei werden im Gefäßversuch neben Ertragsparametern auch morphologische und physiologische Merkmale berücksichtigt, um vor allem Idiotypen mit erhöhter Trockentoleranz umfassend zu charakterisieren.

Lines of *in vitro* selected potato plants will be investigated regarding their drought tolerance in pot and field trials. Beside of yield parameters morphological and physiological features are considered in the pot trials to characterize ideotypes with increased drought tolerance more complex.

#### Ergebnisse:

Basierend auf der Sorte 'Kennebec' waren aus einer *in vitro*-Selektion auf erhöhte Sorbitol- bzw. Hydroxyprolinkonzentrationen Pflanzen hervorgegangen, die hinsichtlich einer erhöhten Trockentoleranz weiter untersucht werden sollten.

In einer wiederholten Leistungsprüfung im Feld wurden 20 Linien sowie die Ausgangssorte 'Kennebec' bezüglich Ertrag und Ertragsparametern verglichen. Dabei waren 16 der Linien sowohl im Frisch- als auch im Trockenmasseertrag nicht signifikant von 'Kennebec' verschieden, 4 Linien in ihrem Ertrag niedriger als 'Kennebec'. Bei 4 Linien wurden verminderte Trockensubstanz- und Stärkegehalte gefunden.

In einem Laborversuch wurden 21 Linien im Vergleich zur Ausgangssorte unter kontrollierten Bedingungen angezogen und hinsichtlich der Akkumulation von Prolin und löslichen Zuckern (Blattscheibentest), epidermaler Leitfähigkeit und osmotischer Adaption sowie Chlorophyllfluoreszenz (Einzelblattwelke) unter Trockenstressbedingungen untersucht. 16 der untersuchten Linien hatten dabei eine signifikant erhöhte Prolinakkumulation, 15 eine erhöhte Akkumulation löslicher Zucker und 12 Linien übertrafen 'Kennebec' in beiden Parametern.

Kein Zusammenhang wurde zwischen der Akkumulation dieser Substanzen im Blatt und der Erhöhung des osmotischen Potentials des Blattsaftes gefunden. Diese zeigte jedoch eine (negative) Korrelation zur epidermalen Leitfähigkeit des Blattes und diese wiederum stand im Zusammenhang mit der Ertragsbildung der Pflanze.

Unter Berücksichtigung des Ertragsniveaus können im Ergebnis der Versuche 9 Linien identifiziert werden, die sich in (mehreren) Merkmalen der Trockentoleranz positiv gegenüber 'Kennebec' hervorheben. Eine letztendliche Verifizierung dieses Ergebnisses steht jedoch aus, da der dafür angelegte Trockenstressversuch unter freilandnahen Bedingungen im Rainout-Shelter auf Grund externer Störungen nicht auswertbar war.

Abstract:

Basing on 'Kennebec' *in vitro* selection to high concentrations of sorbitol and hydroxyproline, respectively, resulted lines with expected higher drought tolerance.

In a further field trial under normal conditions of vegetation period 2000 yield of 16 lines out of 20 was not significantly different from 'Kennebec', 4 lines showed a lower yield. In 4 lines lower dry matter and starch contents were found as well.

In a lab test series, 16 out of 21 finally tested lines showed a significantly increased proline accumulation in leaves under drought stress, 15 lines an increased accumulation of soluble sugars and 12 lines topped 'Kennebec' in both parameters. No relation could be found between these parameters and changes in osmotic potential of leaf sap. The latter showed a (negative) correlation to epidermal conductivity and this again was found to be related to yield performance of ideotypes. Considering the yield level, 9 lines could be selected finally surpassing 'Kennebec' in (several) characters related to drought tolerance.

A proof of this result is still to be given, as a field trial to assess response to drought stress under nearly field conditions could not be evaluated because of external influences.

(BAZ-3331)

### **1.3. Veränderung der Stickstofffraktionen in verschiedenen Teilen der Kartoffelpflanze unter Einwirkung von Trockenstress** **Changes of nitrogen fractions in different parts of potato plants under drought stress** Seddig, S.; Balko, C.; Jansen, G.

Zielsetzung/Aim:

Unter Einwirkung von Trockenstress ändern sich einzelne Stickstofffraktionen (Gesamt-, Rohprotein- und Reinproteinstickstoff) der Kartoffelpflanze unter bestimmten Voraussetzungen beträchtlich. In Testsortimenten zur Trockentoleranz sollen die Stickstofffraktionen unter verschiedenen Einflussfaktoren erfasst und mögliche Korrelationen zur Qualitäts- und Ertragsstabilität geprüft werden.

Under drought stress some nitrogen fractions of the potato plant (total, crude and protein nitrogen) alter considerably under special conditions. In test assortments regarding drought tolerance changes in nitrogen fractions will be determined with respect to different test conditions. Possible correlations to stability of quality and yield will be proved.

Ergebnisse:

Ausgehend von den Ergebnissen mit einem Testsortiment, das 7 *S. tuberosum* vergleichbarer mittlerer Reifegruppe mit tetraploidem Chromosomensatz enthielt, wurden die Untersuchungen auf 23 Idiotypen ausgedehnt. In einem Vorversuch wurden zunächst aus einem Bestand im Feld das jeweils 3. Blatt jeder Pflanze entnommen und 24 bzw. 72 h in Pufferlösung, die zur Simulation von Trockenstress 420 g PEG 6000 pro kg Lösung (ca. 1,8 MPa) ent-

hielt, inkubiert. Wie erwartet, traten auch hier signifikante Änderungen in den Konzentrationen der Stickstofffraktionen der Blätter auf. Die Differenz der Roh N- und Protein N-Fraktion, die im wesentlichen ein Maß für die freien Aminosäuren darstellt, stieg auf bis zu 277 % nach 72 h Stress an. Die vom Feldversuch geernteten Knollendienten als Ausgangsmaterial für einen sich anschließenden Gewächshausversuch. Augenstecklinge dieser Idiotypen wurden in Töpfen (0,5 l) mit einem Erdgemisch im Gewächshaus angezogen. Nach ca. 7-wöchiger Anzucht erfolgte die Blattentnahme und Inkubation in PEG-Lösung.

Für die Bestimmung der Ertragsdepression der einzelnen Idiotypen unter Stress wurden die Pflanzen 2 Wochen Trockenstress ausgesetzt (keine Wassergaben). Nach den 2 Wochen erfolgte noch einmal eine Probenahme und eine Bestimmung der Stickstofffraktionen im Blatt, um die Wirkung des Stresses, hervorgerufen durch PEG bzw. Trockenheit, vergleichen zu können (Analysen stehen noch aus). Anschließend wurden die Pflanzen gewässert und wie die parallele Kontrollvariante bis zur Ernte kultiviert. Durch den 2-wöchigen Trockenstress ergaben sich Ertragseinbußen von 25-90 % und in den wichtigsten Qualitätsmerkmalen signifikante Unterschiede zwischen Stress- und Kontrollvariante. Unter der Einwirkung von Stress wurden in den Knollen signifikant niedrigere Trockenmasse-, Stärkegehalte und Stärkeausbeuten sowie signifikant höhere Proteingehalte beobachtet. In der Stärke traten signifikant niedrigere Verkleisterungsmaxima und mittlere Korndurchmesser sowie signifikant höhere Amylosegehalte auf.

Abstract:

Basing on the results with a small assortment investigations were expanded on 23 ideotypes. First samples were taken from a field trial. The 3rd leaf of each plant were cutted and incubated 24 and 72 h, respectively, in a buffer solution containing 420 g PEG 6000 per kg solution (about – 1,8 MPa) to induce drought stress.

As expected, significant changes in the concentrations of different nitrogen fractions in the leaves were observed. So the difference between crude nitrogen and protein nitrogen fraction, in the main the "free amino acids", increased to 277 % under drought stress.

The tubers of this field trial served as source material for the following trial in a greenhouse. The ideotypes were cultivated in 0,5 litre pots filled with a soil mixture. After a cultivation of about 7 weeks leaves from this plants were also detached and incubated in a PEG-solution. In order to determine the yield reduction under stress the plants didn't get water for 2 weeks. In this time a renewed determination of the concentrations of the different nitrogen fractions took place.

After rinsing the plants were cultivated comparably with the control variant. Under these conditions yield was reduced by 25-90 % in the stress treatment. The most important characteristics of quality in the investigated tubers showed significant differences between stress and control variant.

So in the tubers under drought stress significant lower contents of dry matter and starch and starch yield as well as a significant higher content of protein were observed.

In the starch occurred significant lower maximum of viscosity and mean particle diameters. On the other hand the contents of amylose were significant higher.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Genbankaußenstelle Nord, Groß Lüsewitz, Schüler, K. (BAZ-3336)

#### 1.4. Rheologische Untersuchungen von Stärken und Nichtstärkepolysacchariden von Kartoffeln und Getreide

##### Rheological investigations of starch and non starch polysaccharides of potatoes and cereals

Jansen G.; Flamme W.

Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe von verschiedenen Messtechniken soll eine umfassende rheologische Charakterisierung von zellwandhaltigen Rohstoffen und Stärken von Getreide und Kartoffeln 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 eigenen Enzymen auf das rheologische Verhalten untersucht. Zur Ermittlung von technologischen Parametern (z. B. Viskositäten, Fließverhalten unter mechanischer Beanspruchung) werden Methoden eingesetzt, die eine Beurteilung von Zuchtmaterial in frühen Zuchtstadien ermöglichen.

The aim is a comprehensive rheological characterization of starch and non starch polysaccharides of cereals and potatoes. 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:

Die Quelleigenschaften von Nichtstärkepolysacchariden (vorwiegend Pentosane und  $\beta$ -Glucane) von Getreide wurden züchtungsrelevant mit einem modifizierten Rotationsviskosimeter (Fa. Physika) bestimmt. Mit 1,5 g Schrot konnten unterhalb der Verkleisterungstemperatur von Stärken Quellkurven aufgenommen werden, die sowohl Aussagen zum Quellvermögen der Nichtstärkepolysaccharide als auch zum Einfluss von getreideeigenen Enzymen auf die Viskosität ermöglichen. Erwartungsgemäß lieferten die niedrigen Gehalte an Pentosanen im Weizenschrot keine messbare Viskosität bei der Quellung. Obwohl Triticale im Pentosangehalt zwischen Roggen und Weizen liegt, ähnelten die Quellkurven von Triticaleschrot stark den Quellkurven von Weizenschrot (Abb. 1).

Hohes Quellvermögen wurde im Roggen- und Gerstenschrot nachgewiesen, bedingt durch den hohen Pentosangehalt im Roggen und die hohen Gehalte an Pentosanen und  $\beta$ -Glucanen in der Gerste. Innerhalb des Roggens zeigte sich eine starke Abhängigkeit der Quelleigenschaften vom Enzymstatus der Probe. In Auswuchsproben

(hohe Enzymaktivität) war das Quellvermögen stark vermindert. Zur Inaktivierung der Enzyme wurden verschiedene Methoden getestet (thermische Inaktivierung von Getreidekörnern und Absenkung des pH-Wertes mit Milchsäure in der Schrotsuspension), um den Grad der Autolyse und damit die Verwertungsmöglichkeiten des Erntegutes besser beurteilen zu können.

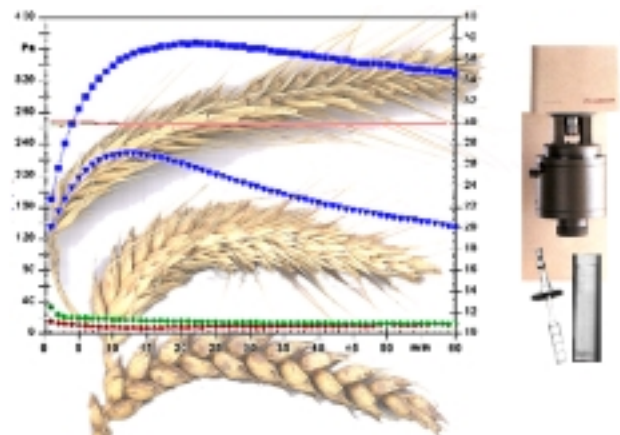


Abb. 1: Quellkurven von Getreideschrot, aufgenommen mit einem Rotationsviskosimeter

Fig. 1: Swelling curves of cereal meal using a rotary viscometer

Potentielle Einsatzmöglichkeiten von neuartigen Rohstoffen im Nahrungs- und Industriesektor mit Veränderungen in Gehalt, Zusammensetzung und Eigenschaften der Stärke und der Nichtstärkepolysaccharide werden in Zusammenarbeit mit kompetenten Kooperationspartnern geprüft.

Abstract:

Swelling properties of non starch polysaccharides (mainly pentosans and  $\beta$ -glucans) of cereals were determined using a modified rotary viscometer (Fa Physika). 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 own enzymes on viscosity. The highest swelling capacity was proved for rye and barley and very low swelling capacity was found for wheat. Triticale forms similar to wheat as well as similar to rye showed always swelling curves with very low viscosities.

Within rye the swelling properties were dependent on status of enzymes of the sample. In sprouted rye with high enzyme level the viscosity was very low. In order to be able to characterize the degree of autolyse and therefore the usability of raw materials different methods are tested to deactivate enzymes (thermal inactivation of cereal grains and decrease of the pH-value of the meal suspension with lactic acid).

Potential uses of new raw materials with different contents and properties of starches and non starch polysaccharides in field of food and industry are checked in cooperation with competent partners.

(BAZ-3338)



**1.5. Charakterisierung der Stärkezusammensetzung (Amylose, Amylopektin) heimischer landwirtschaftlicher Nutzpflanzen mittels HPLC**  
**Characterization of starch composition (amylose, amylopectin) of indigenous agricultural plants by means of HPLC**

Jürgens, H.-U.

Zielsetzung/Aim:

Stärke gehört zu den am meisten verbreiteten Kohlenhydraten in der Pflanzenwelt und stellt eine wichtige Energiequelle in der menschlichen und tierischen Ernährung dar. Andererseits nimmt ihre Bedeutung als industrieller Rohstoff in Form von Derivatisierungs-, Modifizierungs- und Abbauprodukten ständig zu. Um so wichtiger wird die Charakterisierung dieser Polysaccharide und ihrer beiden Hauptbestandteile, der nahezu linearkettigen Amylose und des verzweigt-kettigen Amylopektins.

Starch is one of the most wide-spread carbohydrates in flora and represents an important source of energy in human and animal nutrition. On the other hand the interest in derivatives, modifications and decomposition products of starch as industrial raw material increases. Therefore the characterisation of this polysaccharide and its main components amylose and amylopectin is an important task.

Ergebnisse:

Isolierte Gersten-, Roggen- und Kartoffelstärken sowie kommerziell erhältliche Weizen- und Maisstärke wurden in einem GPC-System in ihre Hauptfraktionen zerlegt. Bei einer anschließend durchgeführten partiellen Hydrolyse der  $\alpha$ -1,6-glycosidisch verknüpften Bindungen im Amylopektin mit Isoamylase (EC 3.2.1.68.) oder Pullulanase (EC 3.2.1.41.) bilden sich Oligosaccharide, die aufgrund ihrer Zusammensetzung und Verteilung Rückschlüsse auf Struktur und Verzweigungsgrad erlauben. Für die Analyse der Oligosaccharide wurde die HPLC mit Fluoreszenzspektrometer eingesetzt. Nach einer vorhergehenden Derivatisierung der Oligosaccharide zur Einführung einer chromophoren Gruppe wurden die Oligosaccharide an einer Umkehrphase (Reverse Phase Chromatography, RPC) getrennt. Zur Kalibrierung dienten Oligosaccharide mit bis zu sieben Glucose-Einheiten (DP 7 - Maltoheptaose). Längerkettige Oligosaccharide bis zu DP 16 wurden anhand ihrer Retentionszeiten zugeordnet (Abb. 1).

Erste vergleichende Untersuchungen zur Zusammensetzung der analytisch zugänglichen Hydrolyseprodukte von Amylopektin gewöhnlicher Stärken mit denen von amylopektinreichen (waxy-Formen) und amylosereichen Stärken deuten darauf hin, dass die Unterschiede in der Zusammensetzung der nach enzymatischem Abbau gebildeten Oligosaccharide im untersuchten Bereich geringer als erwartet sind. Die differenzierte Löslichkeit von Stärken und ihren Komponenten erschweren eine nachfolgende Aufbereitung für die GPC und beeinflussen damit die Strukturuntersuchungen mittels RPC nach enzymatischer Hydrolyse.

In Zusammenarbeit mit regionalen Einrichtungen ist eine parallele Untersuchung von ausgewählten Stärken mit der schnelleren und empfindlicheren MALDI-TOF MS zur

Prüfung der Ergebnisse vorgesehen.

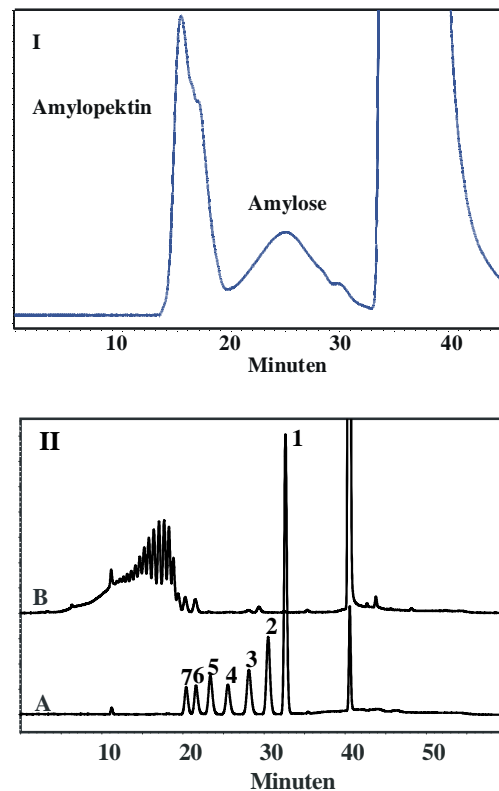


Abb. 1: Strukturuntersuchung von Amylopektin in Stärke mittels GPC (I) und Reverse Phase Chromatography nach enzymatischer Hydrolyse (II)  
**A** Oligosaccharide-Standard (1-Glucose; 2-Maltose; DP 3-DP7)  
**B** Oligosaccharide von Amylopektin aus Gersten-Stärke

Fig. 1: Investigation of amylopectin in starch by GPC (I) and Reverse Phase Chromatography after enzymatic hydrolysis (II)  
**A** Standard of oligosaccharides (1-glucose; 2-maltose; DP 3-DP7)  
**B** Oligosaccharides of amylopectin from barley-starch

Abstract:

Different native starches were solved in aqueous systems and subsequently fractionated by gel permeation chromatography. The fractions of amylopectin were debranched using isoamylase or pullulanase. The oligosaccharides obtained were derivatized for detection by fluorescence spectrometer and after that separated by reverse phase chromatography.

(BAZ-3335)

### 1.6. Expression einer Pektatlyase (PL) in transgenen Kartoffeln unter Feldbedingungen und deren Effekt auf die Resistenz des Knollengewebes gegenüber der *Erwinia* Nassfäule

#### Pectate lyase (PL) expression in transgenic potatoes under field conditions and its effect on the resistance of tuber tissue to *Erwinia* soft rot

Wegener, C.

##### Zielsetzung/Aim:

Eine Pektatlyase vermittelte transgene Resistenz in Kartoffeln.

A pectate lyase mediated transgenic resistance in potatoes.

##### Ergebnisse:

Die transgenen Pektatlyase-Kartoffeln sind in diesem Jahr zum vierten Mal auf dem Feld angebaut worden. Es wurden die Ausgangssorte 'Désirée' (Fa. F. Lange KG), eine nicht-transgene Linie als Kontrolle und vier transgene Linien ausgepflanzt, wobei die PL-Expression in drei Linien vom Patatin B 33 – (D) und in einer Linie vom CAMV 35S-Promoter (C) gesteuert wurde. Es wurden 5 Parzellen je Linie angelegt. Außerdem wurden 19 Sorten und 4 Zuchtstämme (Dr. Darsow) angebaut, um Wachstum, Ertrag und Resistenz der PL-transgenen Linien mit diesen zu vergleichen.

Die diesjährige Vegetationsperiode begann mit Wärme und Trockenheit im Mai und endete im September mit sehr viel Feuchtigkeit, was für den Kartoffelanbau nicht optimal ist. Aufgrund der großen Trockenheit kam es Anfang Juni zu Herbizidschäden, die jedoch von allen Pflanzen gut überwunden wurden. Wie die nicht-transgene Kontrolle und die Ausgangssorte entwickelten die vier transgenen Linien einen geschlossenen Bestand (Abb. 1).



Abb. 1: Feldversuch mit PL-transgenen Kartoffeln

Fig. 1: Field trial with PL-transgenic potatoes

Während die transgenen D-Linien im Ertrag der Ausgangssorte vergleichbar waren, war die C-Linie etwas schwächer. Das PL-Enzym ist von allen transgenen Linien produziert worden, wobei die Enzymaktivitäten im Gewebe über denen der Gewächshausexperimente lagen. Die vier Jahre Feldanbau haben somit gezeigt, dass es unter Umweltbedingungen nicht zu einer Abschwächung oder gar Blockierung der PL-Expression unter Umweltbedingungen kommt. Allerdings war die Neigung der Sorte 'Désirée' zu Hohlherzigkeit und Missbildungen in

diesem Jahr innerhalb der PL-transgenen Linien verstärkt. Hierbei wird die Witterung in Verbindung mit den hohen Enzymaktivitäten begünstigend gewirkt haben. Einem solchen Risiko kann man durch die Auswahl von Linien mit einer schwachen PL-Expression für den Feldanbau begegnen, da für die induzierte Resistenz nur Spuren des Enzyms benötigt werden.

##### Abstract:

Transgenic potatoes of cv. 'Désirée' expressing an *Erwinia* pectate lyase (PL) were grown for the fourth time on the field. Although the weather conditions were not optimal for potato growth the endogenous enzyme was produced in the tissue with activities which were higher than in the greenhouse experiments. In this year the tendency of cv. 'Désirée' to hollow heart symptoms and tuber malformation was enhanced among the PL-expressing tubers. This might be favoured by the weather conditions during growth in combination with the high enzyme activities in the tissue. Such a risk can be avoided by the selection of lines with a low level of PL-expression for field growth. Only traces of the enzyme are needed for the induction of plant defence mechanisms.

(BAZ-3334)

# Institut für Resistenzgenetik

## Institute of Resistance Genetics

Grünbach

Ziel der Arbeiten des Instituts für Resistenzgenetik war es, Ausgangsmaterial für die Züchtung dauerhaft gesunder Pflanzen zu erstellen. Dabei war im Forschungskonzept das verzahnte Vorgehen mit Verfahren klassischer Züchtung, der Zellkultur und der molekularen Diagnostik der methodische Zentralgedanke. Entsprechend diesem Konzept wurden in der Vergangenheit Ergebnisse erarbeitet, die es dem Landwirt erlaubten, die politische Vorgabe des integrierten Pflanzenbaus in einer Umwelt- und Ressourcen schonenden Landwirtschaft umsetzen zu können.

Am 31. Dezember 2000 wurde der Standort des Instituts für Resistenzgenetik in Grünbach geschlossen (Abb. 1). Die Arbeiten wurden entweder abgeschlossen oder sie werden an anderen Instituten der BAZ weitergeführt. Bedingt durch die Fluktuation der Mitarbeiter im letzten Jahr war eine wissenschaftliche Arbeit nur eingeschränkt möglich.

Die folgenden Schwerpunkte wurden im Jahre 2000 bearbeitet:



Abb. 1: Verladen zum Abtransport  
Fig. 1: Loading for transport

### **Klassische Züchtungsmethoden**

Der Befall von Sommer- und Wintergerste mit *Fusarium* wurde bisher kaum untersucht. Im Institut für Resistenzgenetik wurde in diesem Jahr das gesamte zugelassene Winter- und Sommergersten-Sortiment unter Feldbedingungen nach künstlicher Infektion untersucht. Dabei wurde unter 62 Wintergersten-Sorten eine große Variabilität bei verschiedenen Resistenzmerkmalen gefunden. Es bestehen deshalb begründet gute Aussichten auf eine erfolgreiche Resistenzzüchtung.

In den letzten Jahren wurde das Verfahren der multiplen quantitativen Resistenzselektion bei Weizen soweit entwickelt, dass alle Krankheiten, nämlich Blatt- und Ährenseptoria sowie Ährenfusariose, simultan selektiert werden konnten. Das dazu aufgebaute Zuchtprogramm wurde im Berichtszeitraum erfolgreich abgeschlossen.

Im Berichtsjahr wurde zusätzlich noch ein Plattenschnelltest entwickelt, der die Erfassung des Befalls der Kornproben mit *Fusarium*-Arten auf einer präzisen Basis ermöglicht.

Zwei Nachkommenschaftspopulationen wurden abschließend sowohl quantitativ genetisch als auch molekulargenetisch ausgewertet, um additive Geneffekte an der Resistenzausprägung bei *Fusarium* und *Septoria* zu erfassen. Die molekulare Analyse führte zu fünf Markern für *Fusarium*-Resistenz und sieben Markern für *Septoria*-Resistenz. Die Ergebnisse zeigen jedoch, dass mit der Markeranalyse nur ein Teil der Varianz abgedeckt werden konnte.

### **Züchtung unter Einsatz von Zellkulturmethodik und molekulargenetischen Methoden**

Mit Hilfe moderner Züchtungsmethoden (frühe Selektion und Haploidschritte) und deren Kombination mit gentechnologischen Selektionsverfahren ist es gelungen, in kurzer Zeit wichtige Resistenzgene zu kombinieren. Die markergestützte Selektion konnte hier das erste Mal erfolgversprechend für die praktische Züchtung angewendet werden.

Die bodenbürtigen Viren wurden auf ihre Wirkung auf anfällige Sorten untersucht; dabei zeigte sich eine höhere Temperaturanfälligkeit und eine geringere Wachstumsdepression von BaYMV-2. Die Ertragsminderung war bei allen befallenen Pflanzen gleich.

Die Protoplastenfusion bei Bananen wurde auf Ausgangsmaterial mit unterschiedlichen Ploidiestufen ausgedehnt. Die Regeneration pentaploider Protoplasten war erfolgreich, wogegen keine triploiden Fusionshybriden regeneriert werden konnten.

The main objective of research performed at the institute was the generation of genetic stocks with improved disease resistance. This was achieved by an integrated approach of combining classical cross breeding with cell culture and molecular diagnosis. The development and realisation of this concept aimed at conforming with the political guidelines for integrated plant production saving both environment and resources.

At the 31<sup>st</sup> of December 2000 the Institute of Resistance Genetics was closed at the location of Grünbach (Fig. 1). The research projects were either concluded or they will be continued in other institutes of the BAZ. Because of the reduced number of employees the scientific effort was severely limited during 2000.

The following scientific contributions were made:

### **Conventional breeding methods**

The infection of spring and winter barley with *Fusarium* head blight has hardly been investigated up to now. At the Institute of Resistance Genetics all spring and winter barley varieties on the German market were tested in the field after artificial inoculation. The results show, there is a high variability in 62 winter barley varieties of various resistance characters. By using the newly developed ELISA there are good prospects for successful breeding for resistance to *Fusarium*.

During the last years the multiple resistance selection model for combining quantitative resistances to *Fusarium* and *Septoria* was standardized and established. The breeding program has been finalized during 2000.

This year an additional fast plate selection test for seed contamination with *Fusarium* was developed.

Two base populations were evaluated with regard to quantitative genetics as well as to the basis of QTL markers. The molecular analysis led to five genes assigned to *Fusarium* resistance and to seven genes assigned to *Septoria* resistance. From the results it can be seen that the QTL-analysis gives only an answer for part of the variance.

### **Breeding by means of cell culture techniques and by molecular genetics**

Modern breeding strategies (early selection and haploid methods) and molecular markers were used to pyramidize resistance genes in a very short time. For the first time the marker assisted selection could be successfully applied to practical breeding purposes. The reaction of the soil born barley yellow mosaic viruses on susceptible varieties was determined. BaYMV-2 is more susceptible to high temperature and causes less growth depression. But the yield loss is the same after infection with BaMMV as well as with BaYMV-2.

In banana the protoplast fusion procedure was extended to partners with different ploidy level. Pentaploid banana hybrid plants could be regenerated, whereas the regeneration of triploid individuals seem very recalcitrant.

# 1. Klassische Züchtungsmethoden Conventional breeding methods

## 1.1. Züchterischer Aufbau von quantitativen Resistenzträgern in Weizen gegen Blatt- und Ährenseptoria durch *Septoria nodorum* (SN) und *Septoria tritici* (ST), sowie gegen Ährenfusariose durch *Fusarium culmorum* (FC) und *Fusarium graminearum* (FG)

**Breeding for quantitative resistances in wheat to leaf and ear septorioses caused by *Septoria nodorum* (SN) and *Septoria tritici* (ST) and to ear scab caused by *Fusarium culmorum* (FC) and *Fusarium graminearum* (FG)**

Walther, H.

Zielsetzung/Aim:

Die Entwicklung quantitativer Resistenzträger in Weizen gegen Blatt- und Ährenseptoria (SN, ST) und gegen Ährenfusariose (FC, FG) hat aufgrund der starken ertrags- und qualitätsmindernden Wirkungen dieser Schaderreger eine dominierende Bedeutung erlangt. Als besonders kritisch ist bei der Ährenfusariose auch die Toxinbildung im Korn anzusehen, die bei höheren Konzentrationen der zahlreichen Toxinkomponenten zu gravierenden Gesundheitsschäden bei Tier und Mensch führt. Das Ziel muss daher die Erstellung von Linien und Sorten sein, die simultan gegen alle wichtigen Blatt- und Ährenkrankheiten ein hohes Resistenzniveau besitzen, ohne dabei an Ertrag und Qualität zu verlieren. Dies setzt ein komplexes Zuchtprogramm voraus, in welchem nach kumulativen Kreuzungsschritten mit effizienten Infektions- und Selektionstechniken ein Züchtungsfortschritt erzielt werden kann.

The breeding aim in programs concerning quantitatively inherited resistances in wheat to leaf and glume blotch (SN, ST) and to ear scab (FC, FG) has gained a dominant priority due to strong yield and quality reducing effects of the pathogens on the grains, including the toxin production within the grains. The target is therefore the establishment of lines and varieties which possess a high level of resistance simultaneously against leaf and head diseases without losing yield and quality performance. This requires a complex breeding program with accumulating genes by recurring crossing steps and efficient infection and selection techniques in order to gain a desired breeding progress.

Ergebnisse:

In den letzten Jahren wurde das Verfahren der multiplen quantitativen Resistenzselektion bei Weizen soweit entwickelt, dass in allen Leistungs- und Nachkommenschaftsprüfungen ab F1 simultan auf Resistenzen gegen die vier Krankheiten SN, ST, FC, FG selektiert werden konnte. Vorausgehend waren eine Reihe systematischer Versuche zu Infektionstechniken und Boniturverfahren erfolgreich abgeschlossen worden, sodass eine gesicherte Resistenzbewertung möglich wurde. Die Resistenzer-

mittlung wurde auf 3 Stufen vorgenommen; der Ertragsverluststufe, der Stufe der Befallsmerkmalsentwicklung und auf der Stufe der Kornqualität, insbesondere durch Messung von Toxizitätswerten im Korn nach Fusariumbefall. Das dazu aufgebaute Zuchtprogramm Weizen wurde im Berichtsjahr mit den letzten Infektions- und Leistungsprüfungen abgeschlossen. Die Auswertung des multiplen Selektionsprogramms erfolgte über eine multiple Regressionsanalyse und vereinfacht über standardisierte Werte, wobei neben den induzierten Befallswerten auch überlagernde Faktoren wie Halmlänge und Reifeverhalten erfasst wurden. In einer abschließenden Leistungsprüfung wurden 76 verbesserte multiple Resistenzstämme (über F8) letztmalig auf alle selektierten Resistenzmerkmale überprüft. Diese Stämme waren in den Jahren 1990-1999 bereits an 12 weiteren Züchterstandorten auf ihre Leistungswerte untersucht worden. Nach der Gesamtauswertung wurden 35 beste Stämme an das Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik in Aschersleben zur weiteren Bearbeitung überführt. Das Konzept der multiplen Infektionsprüfung unter Feldbedingungen wurde ebenfalls abgeschlossen, wobei die Simultaninfektionen auf 3 optimierte Termine abgestimmt wurden.

Die aus dem laufenden Zuchtprogramm erstellten Resistenzstämme in F5-F8 wurden in Kleinparzellen letztmalig geprüft und analog ausgewertet. Davon wurden 102 beste Linien ebenfalls an das obengenannte Institut abgegeben. In dieser Selektionsphase wurden die Bezugswerte für den Ertragsverlust aus den Ertragskomponenten Tausendkorngewicht und Ährgewicht ermittelt. Die Zuverlässigkeit der Korrelationen wurde aus 5-jährigen Prüfungen mit  $r = 0.60 - 0.78$  ermittelt. Damit war gleichzeitig der Nachweis gegeben, dass das entwickelte Konzept der multiplen Resistenzzüchtung über alle spaltenden Generationen bis zu den abschließenden Leistungsprüfungen ein wirksames und effizientes quantitatives Züchtungskonzept darstellt. Da in diesem Konzept die Resistenzen gegen mehrere Krankheiten simultan verbessert werden, kommt gleichzeitig der Vorteil der übergreifenden Resistenzgeneffekte zum Tragen. Eine abschließende Beurteilung des Züchtungsfortschrittes kann vor allem an der Stabilität resistenzverbesserter Stämme abgeschätzt werden. So zählen z. B. Stämme aus dem ersten Selektionszyklus von 1990 noch heute zu den stabilen Resistenzträgern, die auch in internationalen Vergleichsprüfungen ihre hohe Mehrfachresistenz nachgewiesen haben (G18/90, G19/90).

Seit 1998 wurde die Kornqualität verstärkt mit in die Selektion einbezogen in Form einer Toxizitätsbewertung von Toxinen der Fusarium- und Septoriapilzgruppe nach Befall im Korn (Trichothecene und Septorin-Mellein-Gruppe) mit Hilfe einer dafür entwickelten Biolumineszenzmethode, die gleichzeitig eine brauchbare Korrelation zum Feldbefall aufweist. Der Vorteil dieses Biotestes liegt in der Erfassung der Gesamtoxizität des Kornes. Er kann damit als züchterisches Selektionsmerkmal genutzt werden, da eine breite genotypische Varianz in der Toxin-Resistenz-Wechselwirkung vorliegt.

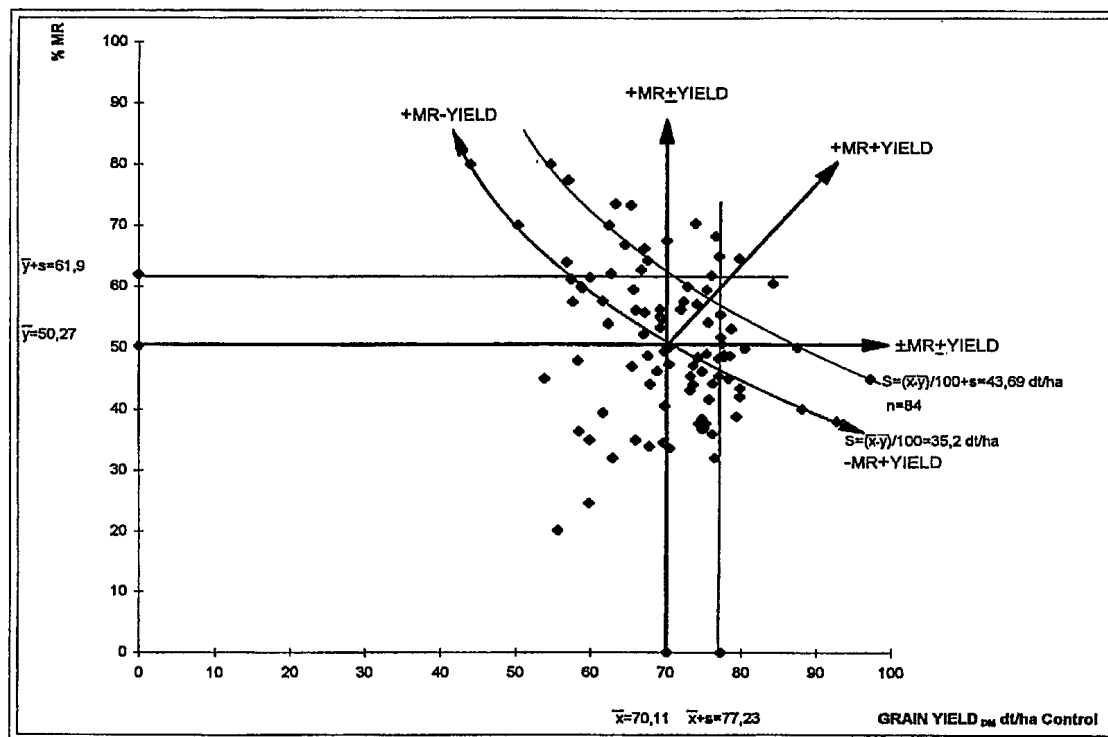


Abb. 1: Multiple Resistenz (%MR) als Selektionsmodell in Wechselwirkung mit dem Kornertrag und den verschiedenen Selektionszielen (MR+/-Kornertrag), Selektionsgrenze S und der genetischen Streuung einer Leistungsprüfung von einem Testsortiment 1999

Fig. 1: Multiple resistance (%MR) as selection model in response to grain yield and the possible different selection targets (MR+/-grain yield), selection line S and the genetic distribution of a set of lines in a performance trial 1999

Im Berichtsjahr wurde auch ein Plattenschnelltest entwickelt, der die Erfassung des Befalls von Kornproben mit Fusariumarten auf einer präzisen Basis ermöglicht. Der Test erfasst Sporenbefall am Korn und Myzelbefall im Korn und gibt über 3 Befallswerte eine gut quantifizierbare Korrelation zum Feldbefall.

#### Abstract:

The multiple resistance selection model for improvements in combined quantitative resistances to SN, ST, FC, FG in wheat has been applied to all segregating generations from F1-F8 and to performance tests in the following homozygous stage. Trials for improved field infection techniques and selection procedures were finalized and adapted to plot and row screening. Disease scoring was performed on three levels; yield loss, epidemic disease scores and seed quality traits, including especially toxicity values in seeds caused by Fusarium and Septoria infections. Evaluation was proceeded on multiple regression basis and with a method using standardized values for all traits gained from the field experiments. After performance tests 35 top lines were selected with significant improvements in multiple resistance under repeated homogeneous spore inoculations.

From segregating offspring lines in F5-F8, 102 lines were selected as improved fraction from the complete breeding program with multiple resistance values of high significance. Yield loss was based on yield components ob-

tained from single row plots scored for disease progress. The lines had been established in the greenhouse under the concept of an improved single seed descend procedure for 5 early generations. An additional advantage of this multiple resistance selection model is the fact, that progress is based not only on genes specific in resistance to certain diseases, but also on genes conferring resistance to more than one disease at the same time. This model was applied successfully on a quantitative basis, establishing durable resistance in all resistance traits under selection. This could be proofed by a number of excellent lines showing high levels of resistance since 1990, for example in the lines G18/90 and G19/90.

More recently selection for seed quality was enforced including the development of a toxicity bioluminescence biotest, especially designed for the detection of toxin effects in seeds, caused by Fusarium and Septoria pathogens. A considerable good relation of toxicity values from seeds of infection plots to field infection scores demonstrated the possibility to include a broad genetic variability of toxin resistance into breeding programs. This year an additional fast plate selection test for seeds contaminated with Fusarium was developed on the basis of good correlations to field disease values.

(BAZ - 7121, 7122, 7124, 7125)

## 1.2. Untersuchung der genotypischen Variation der Resistenz von Sommer- und Wintergerste gegen Ährenfusariose

### Analysis of the genotypic variation of the resistance of spring and winter barley to *Fusarium head blight*

Lind, V.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Ährenfusariose bei Gerste erlangt eine zunehmende Bedeutung hinsichtlich des Toxingehalts des Saatgutes, das als Futtermittel und Rohstoff für Brauereien Verwendung findet. In diesem Projekt sollen genetische Parameter der Resistenz, die züchterisch von Bedeutung sind, ermittelt werden. Sie bilden die Grundlagen für ein Züchtungsprogramm, bei dem ein geringerer Befallsgrad und eine geringere Toxinbelastung angestrebt werden.

*Fusarium head blight* of barley attains increasing attention with regard to fungal toxin contamination of seeds used as feed and raw material for breweries. This project is concerned with the estimation of genetic parameters of

resistance. They are supposed to be applied in breeding of barley with low disease severity but also high ability to decompose toxic compounds.

#### Ergebnisse:

Nachdem in den Vorjahren 1998 und 1999 bei ausgewählten Sorten die Merkmale prozentualer Anteil der infizierten Körner (%AK), 'ELISA-Wert (ELISA)' und , 'Tausendkorngewicht (TKG)' als geeignete Selektionsparameter ermittelt wurden, folgte im Versuchsjahr 2000 der Anbau aller in der „Beschreibenden Sortenliste 1999“ angeführten Sommer- und Wintergerstesorten. Sie wurden in einer Spaltanlage auf verschiedene Resistenzmerkmale nach einer ein- und zweimaligen Inokulation mit einer Suspension mit  $10^6$  Sporen pro ml untersucht. Der Anbau erfolgte in 1,6 m<sup>2</sup>-Parzellen mit zwei Wiederholungen.

Im Wintergerstesortiment ließ sich unter den insgesamt 62 Genotypen in den untersuchten Merkmalen eine große Variation feststellen. In Tabelle 1

Tabelle 1: Mittelwerte verschiedener Resistenzparameter für Ährenfusariose von 62 Wintergerstesorten im Anbaujahr 2000 nach künstlicher Inokulation mit Isolat von *Fusarium culmorum*.

Table 1: Means of different resistance parameters of 62 cultivars of winter barley for head blight estimated in 2000 after artificial inoculation using isolates of *Fusarium culmorum*.

Sorte	Zeiligkeit <sup>1)</sup>	ÄS <sup>2)</sup>	ELISA	%AK	TKG	%TKG	Bonitur (Stadium 85)
Sorten mit hoher Resistenz							
Intro	2zg	6	0,601	35,2	57,4	99	2,0
Anthere	2zg	5	0,646	42,7	47,6	98	2,3
Gamelan	2zg	6	0,677	60,8	50,1	97	5,8
Svenja	2zg	6	0,721	67,3	50,6	99	4,3
Regina	2zg	6	0,807	66,3	46,1	91	5,9
Jolante	2zg	6	0,811	62,5	49,7	102	5,5
Cordoba	2zg	6	0,818	60,0	52,6	101	4,3
Marinka	2zg	6	0,823	63,3	50,4	97	5,0
Trasco	2zg	5	0,824	72,3	50,2	95	3,8
Duet	2zg	5	0,846	71,7	47,6	91	5,5
Sorten mit geringer Resistenz							
Aviron	mzg	5	1,308	67,5	42,1	86	7,8
Nikel	mzg	4	1,311	64,0	41,9	85	6,0
Gunda	2zg	5	1,317	71,3	51,5	93	6,0
Tilia	mzg	5	1,330	68,8	36,8	84	7,0
Uschi	mzg	5	1,358	70,0	35,4	90	6,0
Rocca	mzg	5	1,371	79,3	40,6	87	6,0
Carola	mzg	5	1,392	75,8	37,0	80	7,8
Lorena	mzg	5	1,486	70,7	41,0	84	7,3
Alpaca	mzg	5	1,516	71,0	33,9	86	7,5
Sarah	mzg	5	1,587	72,0	40,3	83	7,5

<sup>1)</sup> 2zg, mzg: zweizeilige, mehrzeilige Ähren  
two-rowed, six-rowed ears

<sup>2)</sup> Bonitur des Ährenschiebens laut „Beschreibende Sortenliste 1999“ (1 sehr früh, 9 sehr spät)  
Scale for ear emergence according to „Beschreibende Sortenliste 1999“ (1 very early, 9 very late)

sind die im Jahr 2000 ermittelten Werte für die 10 am geringsten und die 10 am stärksten befallenen Wintergerstesorten angegeben. Durch die Darstellung der beiden extremen Gruppen wird auch die vorhandene Streubreite sichtbar. Die Sorten sind nach den mittleren ELISA-Werten geordnet. Neben den absoluten Tausendkorngewichten werden auch die auf die nicht inokulierten Kontrollen (100 %) bezogenen prozentualen Gewichte angegeben, aus denen die durch die Fusariose bedingte Gewichtsreduktion hervorgeht. Die Sorte 'Intro' war wie in den vorhergehenden Versuchsjahren eine der resistentesten Sorten, die sich durch eine geringe Anzahl infizierter Körner, einen niedrigen ELISA-Wert und eine geringe oder gar keine Reduktion des Tausendkorngewichts auszeichnet. Auffällig ist, dass alle Sorten in der resistenten Gruppe zweizeilig sind. Bei Sorten mit geringer Resistenz können nahezu 80 % des Saatgutes mit *Fusarium* befallen sein und einen Gewichtsverlust bis zu 20 % aufweisen. Die Sorten mit den höchsten Befallsgraden besitzen mehrzeilige Ähren. Auch neigen anfällige Sorten eher zu späterem Ährenschieben, obwohl der Inokulationszeitpunkt individuell auf das Ährenschiebedatum abgestimmt war. Das erste Ausbringen der Sporensuspension erfolgte jeweils dann, wenn 80 % der Ähren einer Sorte aus der Blattscheide geschoben waren. Die zweite Inokulation wurde drei Tage danach vorgenommen. Auf Grund der zahlreichen Niederschläge während der Reifephase konnte eine visuelle Bonitur des Ährenbefalls im Stadium 85 (weiche Teigreife) durchgeführt werden. Wie die Voruntersuchungen zeigten, war es jedoch nicht immer möglich, mit den Bonituren eine befriedigende Differenzierung zwischen den Genotypen zu erreichen, wenn die Witterungsverhältnisse nur geringe Befallsstärken zuließen. Außerdem waren aus dem gleichen Grund Bonituren nur in Verbindung mit künstlichen Infektionen möglich. In den nicht inokulierten Kontrollen ermöglichte allein der ELISA eine Unterscheidung zwischen Sorten.

Auf den Zusammenhang zwischen den verschiedenen Resistenzparametern geht Tabelle 1 ein. Die nur mittlere Korrelation zwischen ELISA-Werten und der Anzahl infizierter Körner ist auf die unterschiedliche Art der Erfassung beider Merkmale zurückzuführen. Während der ELISA einen quantitativen Messwert liefert, der die Befallsstärke der Körner berücksichtigt, ist die Anzahl der infizierten Körner ein rein qualitatives Maß, bei dem Körner gezählt werden unabhängig, ob sie stark oder schwach befallen sind. Die beiden Parameter %AK und ELISA sind direkte Maße für die Befallsstärke, wobei aber die Korrelationen mit ELISA straffer sind. Recht eng sind auch die Beziehungen der Merkmale mit der Bonitur. Auf Grund der vorliegenden Ergebnisse wird der ELISA als der zuverlässigere Selektionsparameter eingestuft.

Die Daten aus dem Versuch mit Sommergerste wurden zwar erfasst, konnten aber noch nicht ausgewertet werden. Da das Institut mit Ablauf des Jahres 2000 geschlossen wird, müssen die Versuche zur Analyse der Ährenfusariose bei Gerste abgebrochen werden.

#### Abstract:

In 2000, a collection of 62 winter barley cultivars was tested for *Fusarium* head blight after artificial inoculation

in a split plot design with two replications. The most resistant and most diseased cultivars are presented in Table 1. The 10 best cultivars have two-rowed spikes that emerged later than those of cultivars with high disease severity. Inoculation, however, considered different dates of inflorescence: cultivars were treated individually by spraying spore suspensions not before 80% of the ears had completely emerged. Correlations between 'percentage of infected kernels (%AK)', 'ELISA-value (ELISA)', 'thousand kernel weight (TKG)', 'percentage of TKG of infected cultivars related to the non-infected control (%TKG)' and 'visible scores at growth stage 85 (Bonitur)' are shown in Table 1. Correlation coefficients of ELISA-values are all significant and are given, therefore, priority as selection criterion. They are quantitative measurements of disease severity and differentiate between cultivars even when disease levels are low.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik, Rabenstein, F.; Landessaatzuchtanstalt, Hohenheim, Miedaner, T.

(BAZ-7149)

## 2. Züchtung unter Einsatz von Zellkulturmethodik

### Breeding by means of cell culture techniques

#### 2.1. Optimierung neuer Strategien zur Züchtung von Bananen für den lokalen Markt

##### Optimization of new breeding pathways to create bananas for the local market

##### Teilprojekt: Zellbiologie/Somatische Hybridisierung bei der Banane

##### Part: Cellbiology/Somatic hybridisation of banana

##### Zielsetzung/Aim:

Die ausgeprägte Selbststerilität der meisten Kulturformen der Banane macht die klassische Kreuzungsarbeit sehr schwierig. Zur Überwindung dieser Barriere kann die somatische Fusion einen entscheidenden Beitrag liefern. In dem internationalen Projekt, das unter intensiver Beteiligung einiger Entwicklungsländer durchgeführt wird, sollen die Grundlagen für die Anwendung dieser Methode in der praktischen Bananenzüchtung gelegt werden. Dabei stehen Ziele der Resistenz im Vordergrund.

The distinct selfincompatibility of most Banana varieties makes the use of classical breeding strategies very difficult. The application of somatic fusion techniques may overcome this problem. With the participation of some developmental countries the method of somatic fusion shall be established for practical purposes in Banana breeding. The main attention is focussed on resistance breeding.

##### Ergebnisse:

In dem bearbeiteten Teilprojekt geht es vor allem um die Herstellung von Protoplasten sowie die Fusions- und



Regenerationsbedingungen und den Nachweis des Hybridcharakters. Der Nachweis der Hybriden erwies sich besonders zwischen diploiden Fusionspartnern als schwierig. Deshalb konzentrierten wir uns in der letzten Projektphase auf die Erstellung von triploiden (3x) und pentaploiden (5x) somatischen Hybriden. Hierbei müsste der Hybridnachweis mit dem Flow Cytometer in einem frühen Entwicklungsstadium möglich sein. Ein Charakterisierung auf molekularer Ebene sollte sich anschließen.

### Pentaploide Fusionen [3x (+) 2x=5x]

Zur Erzeugung von pentaploiden Hybriden wurden 6 verschiedene Ausgangsformen verwendet, wobei sowohl die PEG-Fusion als auch die Elektrofusion angewendet wurden. Die erfolgreichen vier Fusionskombinationen und die Ausbeute an Embryonen, die Pflanzenregeneration und deren Ploidiebestimmung im Flow Cytometer sind in Tabelle 1 dargestellt:

Tabelle 1: Pflanzenregeneration aus pentaploiden Fusionen und deren Analyse im Flow Cytometer  
Table 1: Plant regeneration from pentaploid Fusions and the analysis with the flow cytometer

Fusionskombination	Anzahl Embryonen	Anzahl Pflanzen insgesamt	Anzahl Pflanzen analysiert	Ploidie der analysierten Pflanzen					
				2x	3x	4x	5x	6x	7x
Currare Enano (AAB)(+) IFRA 903 (AA)	1058	71	63	2	50		8	3	
Grande Naine (AAA) (+) SF 265 (AA)	790	56	37	28		8			1
Grande Naine (AAA) (+) Col 49 (AA)	2500	42	15	13	1	1			
Gros Michel (AAA) (+) SF 365 (AA)	4500	195	101	74	2	19	4	1	

Aus allen Kombinationen sind Pflanzen entstanden. Hinsichtlich der beiden Verfahren lässt sich sagen, dass die chemische Fusion mit PEG die Anzahl der Zweierfusionen begünstigt, während nach der Elektrofusion die Bildung der Embryonen positiv verläuft. Eine Vorselektion der Regenerate erfolgte mit Hilfe morphologischer Merkmale, anschließend wurde ein Teil mit

dem Flow Cytometer analysiert. In zwei Fusionskombinationen, die Pflanzen regenerierten, konnten unter ihnen pentaploide Pflanzen gefunden werden. Jedoch dominierte in allen Kombinationen ein Elternteil über den anderen Partner, sodass mit diesem besonders viele Regenerate bzw. Autofusionen auftraten. Exemplarisch seien hier in Abb.1

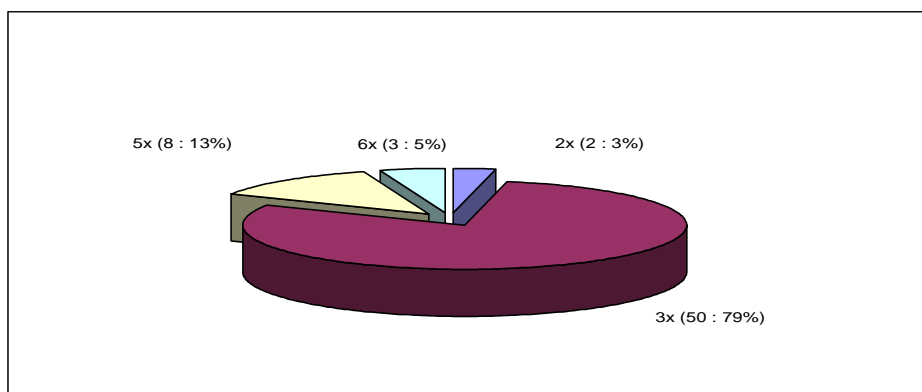


Abb. 1: Ploidieverteilung der Regenerate (63) bei der Fusion Curraré Enano (AAB) (+) IRFA 903 (AA)

Fig. 1: Distribution of the ploidy level of the regenerants after fusion from Curraré Enano (AAB) (+) URFA 903 (AA)

die Ergebnisse der Analyse der Kombination Currare Enano (AAB) (+) IRFA ) 903 (AA) dargestellt. Es wird die Überlegenheit des triploiden Elternteils Currare Enano deutlich, weil 50 unfusionierte triploide Regenerate vorliegen.

### Triploide Fusionen [2x(+) 1x= 3x]

Bei der triploiden Fusion wurden die diploiden Protoplasten aus der Zellsuspension gewonnen, die haploiden aus antherenbürtigem Kallus. Es konnten nur sehr wenige

Protoplasten nach der Fusion zur Teilung gebracht werden, somatische Embryonen wurden nicht erhalten, so dass bisher keine Pflanzen entstanden sind.

Abstract:

The fusion of triploid and diploid banana hybrids succeeded in four different combinations. The proof of the regenerants was brought forth by Flow Cytometer analysis. But fusion and regeneration of 2x (+) 1x banana parents was not successful up to now.

In Zusammenarbeit mit CIRAD-FLHOR, Frankreich; Universität Orsay -Paris XI, Frankreich; CRBP Kamerun; FDA, Dominikanische Rep.; CATIE Costa Rica (BAZ- 7150); gefördert durch EU: ERBIC 18 CT-2404

**2.2. Einlagerung von Resistenz gegenüber Gelbmosaikvirus in Wintergerste mit Hilfe rekurrenter Selektion, alternierend mit Haploidschritten**  
**Introduction of BaYMV-resistance in winter barley by the use of recurrent selection alternating with haploid steps**  
Foroughi-Wehr, B.

Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe der rekurrenten Selektion alternierend mit Haploidschritten werden in deutsche Wintergersten-Sorten Resistenzgene gegen das Gelbmosaikvirus eingelagert. Die Resistenzen stammen aus unterschiedlichen Formenkreisen und liegen in nicht-adaptiertem Material vor. Die Verbreiterung der genetischen Grundlage der Resistenz ist dabei besonders wichtig, deshalb dienen die erstellten Linien auch zur molekulargenetischen Kartierung neuer Resistenzgene.

The recurrent selection alternating with haploid steps will be used as breeding method for the introduction of resistance genes against barley yellow mosaic virus into winterbarley varieties. The sources of resistance are of different origin and the material is therefore not adapted to our climate. Broadening the genetic basis of resistance is especially important. The lines produced will be used for molecular analysis of new genes.

Ergebnisse:

Im Herbst 1999 konnten etwa 2.500 DH-Linien je nach vorhandener Saatgutmenge in unterschiedlich großen Parzellen auf dem Feld angebaut werden. Die Linien waren zuerst als A1-Pflanzen auf Resistenz gegen BaMMV getestet worden. Nur die Pflanzen, bei denen sich im Tissue Print Immunoblotting (TPIB) keine Viren nachweisen lassen konnten, wurden einer Feldprüfung unterzogen. Soweit möglich wurden agronomisch relevante Leistungsmerkmale bestimmt. Den deutschen Züchtern wurden im Rahmen der Zusammenarbeit Material zur weiteren Prüfung übergeben. Insgesamt wurden 865 Stämme abgegeben.

Im Laufe des Jahres 2000 entstanden in dem Forschungsprogramm weitere DH-Linien, die nach dem Test im Gewächshaus noch als A1-Pflanzen geerntet werden konnten. Dieses Saatgut und die noch nicht abgereiften Pflanzen wurden in ein anderes BAZ-Institut überführt.

Ein Anbau auf dem Feld sollte sich anschließen, damit wäre dann das Projekt abgeschlossen.

Die Identifizierung der Resistenzgene aus den unterschiedlichen Resistenzträgern steht teilweise noch aus, konnte aber am hiesigen Institut nicht weitergeführt werden, weil die Projekte BAZ-7141 (LP-2/97), BAZ-7152 (G73/93HS (95HS060) am 31.12.1999 ausgelaufen sind.

Um die beiden bodenbürtigen Viren BaMMV und BaYMV-2 in ihrer Infektionswirkung auf die Wintergerste und deren Verlauf näher zu charakterisieren, wurden verschiedene anfällige Sorten getrennt - jedoch zum gleichen Zeitpunkt mit beiden Virusstämmen inokuliert.

Die Untersuchung wurde an den Sorten ‚Intro‘, ‚Daniela‘, ‚Marinka‘ und ‚Corona‘ durchgeführt, von denen jeweils 15 Pflanzen entweder mit Inokulum von BaMMV oder BaYMV-2 infiziert wurden. Die Pflanzen wuchsen bis zur Reife unter den gleichen Bedingungen, d. h. bis zum Stadium 29/30 im Kurztag bei 8 °C Nachttemperatur und 10 °C Tagestemperatur in Klimakammern und anschließend in den Sommermonaten bis zum Abreifen der Ähren bei höheren Temperaturen (ca. 20 °C) im Gewächshaus.

Die Abreibung mit virushaltigem Inokulum erfolgte zweimal Mitte Januar 2000 in einwöchigem Abstand. Der TPIB-Nachweis der erfolgreichen Infektion wurde Mitte März 2000 ausgeführt. Es wurden alle Pflanzen auf beide Viren getestet, um Irrtümer auszuschließen. Alle Pflanzen reagierten wie erwartet positiv auf den Test mit dem jeweils infizierten Virus. Ein zweiter TPIB wurde nach dem Bestocken und zu Beginn des Ährenschiebens Anfang Mai an allen Pflanzen durchgeführt. Die Pflanzen standen bis zu diesem Zeitpunkt unter den angegebenen niedrigen Temperaturbedingungen im Kurztag. Es zeigte sich, dass noch keine Änderung in der Reaktion auf den entsprechenden Virus eingetreten war. Unmittelbar nach diesem zweiten Test wurden alle Pflanzen bei 16 - 22 °C unter Langtagbedingungen aufgestellt. Bereits einen Monat später (am 6. Juni 2000) wurde ein erneuter TPIB durchgeführt. Dabei zeigte sich, dass die ursprünglich BaYMV-2-positiven Pflanzen keine Reaktion mehr auswiesen. Der Virus war in den Pflanzen nicht mehr nachweisbar. Die ursprünglichen Stichelsymptome waren jedoch durchaus noch sichtbar.

Die Pflanzen wurden während ihres Wachstum beobachtet, dabei wurde das Datum des Ährenschiebens bonitiert. Bei der Ernte wurden morphologische Merkmale wie Halmlänge, Anzahl ährentragender Triebe sowie die Kornzahl pro Einzelpflanze und das TKG bestimmt. Die Ergebnisse dieser Untersuchung zeigt Tabelle 1.

Tab. 1: Einfluss der Infektion mit BaYMV-2 oder BaMMV auf morphologische Merkmale der Sorten ‘Corona’, ‘Intro’, ‘Marinka’ und ‘Daniela’

Table 1: Influence of infection with BaYMV-2 or BaMMV on morphological characters of the varieties ‘Corona’, ‘Intro’, ‘Marinka’ und ‘Daniela’

Sorte	Infiziert mit	ÄS <sup>1)</sup>	HL in cm	Anz. ährentragende Halme	Kornzahl/Pflanze	TKG
Corona	ohne	7,6	98,5	13,0	519,3	46,0
	BaYMV-2	9,4	90,1	6,3	250,9	33,8
	BaMMV	7,5	44,6	8,1	347,5	31,7
Intro	ohne	8,2	92,6	14,4	392,5	68,5
	BaYMV-2	10,5	81,7	8,9	235,7	48,8
	BaMMV	7,9	68,1	8,0	189,4	50,7
Marinka	ohne	15,5	91,3	17,6	343,3	56,0
	BaYMV-2	21,3	79,7	11,5	173,1	50,8
	BaMMV	22,0	48,9	12,8	176,2	49,6
Daniela	ohne	6,5	102,7	9,5	391,0	35,2
	BaYMV-2	7,8	95,3	5,9	219,9	36,5
	BaMMV	7,7	59,3	4,9	144,6	51,5

<sup>1)</sup> Anzahl Tage im Juni

HL = Halmlänge; TKG = Tausendkorngewicht

Es wird deutlich, dass die untersuchten Sorten nicht bei allen bonitierten Kriterien in der gleichen Weise auf die Infektion mit den beiden Virustypen reagieren. So ist die Entwicklung bis zum Ährenschieben ganz allgemein nach der Infektion mit BaYMV-2 stärker verzögert als nach BaMMV Infektion, lediglich die Sorte ‘Marika’ zeigte eine besonders starke Entwicklungsverzögerung bei beiden Viren. In Bezug auf das Wachstum der Triebe wurden die Ergebnisse aus vorhergehenden Versuchen bestätigt. Die Infektion mit BaMMV führt zu einem starken Stauwachstum. Die Wachstumsreduktion kann bis zu 100 % betragen verglichen mit der nicht infizierten Kontrolle. Die mit BaYMV-2 infizierten Pflanzen zeigten dagegen nur eine schwache Wachstumsreduktion. Diese Ergebnisse sind auf die Temperatursensitivität des BaYMV-2 zurückzuführen, der bereits 4 Wochen nach Umstellung der Pflanzen in höhere Temperaturen nicht mehr nachweisbar war.

Ertragsunterschiede zu den nicht infizierten Kontrollen manifestieren sich einmal in der Zahl der ährentragenden Halme und daraus resultierend in der Kornzahl pro Pflanze. Sowohl nach Infektion mit BaMMV als auch mit BaYMV-2 ist die Bestockung sehr stark vermindert, teilweise beträgt die Reduktion bis zu 50%. Entsprechend vermindert ist dann natürlich auch der Ertrag pro Pflanze. Das Tausendkorngewicht ist ebenfalls bei allen Sorten mit Ausnahme der Sorte ‘Daniela’ reduziert, sodass auch auf eine gegenüber der Kontrolle verschlechterte Kornausbildung geschlossen werden kann.

Beide Viren können also zu so hohen Ertragsverlusten führen, dass der Anbau anfälliger Sorten auf infizierten Standorten unrentabel ist. Wenn der Boden ausschließlich mit dem BaYMV-2-Typ verseucht ist, wäre bei einer Kälteeinwirkung von nur kurzer Dauer die Schädigung möglicherweise nur gering.

Durch das Institut für Resistenzgenetik wurden in den letzten Jahren unter Anwendung der rekurrenten Selektion mit wiederholten Haploidschritten adaptierte DH-Linien

erstellt, die Resistenzgene gegen beide Virustypen enthalten.

#### **Die Wirkung von Cu auf die Sprossregeneration von Kallus aus Mikrosporen bei *Hordeum vulgare* (vorläufige Ergebnisse)**

Untersuchungen belegen, dass verschiedene Komponenten des am häufigsten in der Gewebekultur verwendeten Mediums, beispielweise des MS-Mediums, nicht optimal sind. Obwohl natürlich optimale Medien für jeden Genotyp entwickelt werden könnten, bringen diese keine Lösung, wenn es um die Kultur isolierter Mikrosporen (MS) in einer F<sub>1</sub>-Generation (F<sub>2</sub>-MS) geht. Deshalb können immer nur Modifikationen vorgenommen werden, die allgemein Anwendung finden können.

Wir haben uns im letzten Jahr mit der Wirkung von Cu auf Sprossregeneration aus Kallus von MS unterschiedlicher F<sub>1</sub>-Kreuzungen bei Gerste beschäftigt. Die Cu-Menge ist im Vergleich zu der Nährstoffkonzentration in Volldüngern und in Nährlösungen für die Hydrokultur niedrig.

Außerdem ist bekannt, dass bei hohen Cu-Gehalten eine hohe photosynthetische Aktivität parallel zur Förderung der Sprossbildung eintritt.

Wir haben deshalb die Wirkung unterschiedlicher Cu-Mengen auf die Sprossregeneration von Kallus aus MS der Gerste untersucht. Dabei wurden Kalli etwa 4 Wochen nach dem Ansetzen der Antheren auf ein Regenerationsmedium mit unterschiedlichen Cu-Mengen gelegt. Die Ergebnisse von zwei Versuchen, dargestellt in Tabelle 2, die jedoch noch als vorläufig zu betrachten sind, belegen, dass mit Steigerung der Cu-Menge der Regenerationserfolg zunimmt, und zwar bis zu einer Menge von 5,0 mg Cu pro Liter Nährmedium. Aber auch bei höheren Cu-Gaben ist keine Reduzierung der Zahl der regenerierten Pflanzen festzustellen.

Tab. 2: Einfluss unterschiedlicher Cu-Mengen im Regenerationsmedium auf die Sprossbildungsrate von Kallus aus Gersten-Mikrosporen

Table 2: Effect of various concentrations of copper on shoot regeneration from microspore callus of barley

mg Cu pro l Nährmedium	Anz. Pfl. pro 400 Kalli F <sub>1</sub> -Kreuzung	
	W949	W973
0,1	144	128
0,5	135	100
1,0	149	141
2,5	287	267
5,0	211	194
7,5	182	192
10,0	261	229

Zukünftig sollte also dem Spurennährstoffgehalt im MS-Medium mehr Beachtung geschenkt werden.

#### Abstract

The production and evaluation of DH-lines resistant to BaYMV-2 as well as to BaMMV were continued. DH-lines produced during 2000 have to be further evaluated in other BAZ institutes.

Investigation in the course of disease and the influence of morphological characters of the plant infected with the two virus types were carried out. BaYMV-2 causes very little growth depression where as with BaMMV the growth rate can be reduced up to 100% in comparison to the control plants. The yield loss for the infection with the viruses could be nearly the same for both. Preliminary results showed the content of copper in the MS-medium is not optimal. An increase lead to the raise of the plant regeneration rate from microspore callus.

(BAZ-7101)

### 3. Resistenzdiagnose und Resistenzaufbau mit molekulargenetischen Methoden Moleculargenetic methods for diagnosis of resistance genes and germplasm inheritance

#### 3.1. Gesundes Getreide durch Nutzung biotechnologischer Züchtungskonzepte

**Teil Weizen: Züchtungsprogramm zum Resistenzaufbau gegen *Fusarium culmorum* (FC) und *Septoria nodorum* (SN).**

**Breeding for resistant cereals by application of biotechnological concepts**

**Wheat part: Resistance breeding program against *Fusarium culmorum* (FC) and *Septoria nodorum* (SN)**

Walther, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Anwendbarkeit von QTL-Markern bei Weizen zur Identifizierung von Resistenzgenen gegen FC und SN setzt voraus, dass eine Übereinstimmung von nachgewiesenen Polymorphismen einer Genkarte mit dem tatsächlich ermittelten Resistenzverhalten einer deutlich differenzierenden Population unter Feldversuchsbedingungen gegeben ist.

The application of QTL-markers in wheat for identification of resistance genes to FC and SN presumes a good correlation of detected polymorphisms in a gene map with the actual observed reactions of a significantly differentiating population under field experimental conditions.

#### Ergebnisse:

Die in den beiden Vorjahren aufgebauten Nachkommenschaftspopulationen (Resistenzgenetik Grünbach) einer FC-Kreuzung (Apollo x Sgv.NBxMM.Sumai3) und einer SN-Kreuzung (Apollo x G18/90) mit je 200 F3- bzw. F4-Familien wurden sowohl quantitativ genetisch als auch molekulargenetisch ausgewertet. Die F4-Familien waren zur Erfassung der Genotyp-Umwelt-Interaktionen 1999 an 6 Standorten angebaut worden. Die genotypische Varianzanalyse über alle Prüforte bestätigte die breite hochsignifikante genotypische Varianz beider Populationen und lieferte damit die Voraussetzung für eine qualifizierte Markeranalyse. Die phänotypischen Resistenzverteilungen lagen jeweils zwischen den beiden Kreuzungseltern, was auf einen hohen Anteil additiver Geneffekte hinweist. Aus den Verteilungsformen konnte jedoch geschlossen werden, dass auch partiell dominante oder dominante Geneffekte an der Resistenzausprägung beteiligt sind. Auch die Übereinstimmung der beiden Nachkommenschaften in F3 und F4 war in beiden Kreuzungspopulationen hochsignifikant korreliert (SN:  $r=0.60^{**}$ , FC:  $r=0.91^{**}$ ), was auf ein zuverlässiges Infektions- und Bewertungsverfahren hinweist. Aus den SN-Familien konnten 17 Linien und aus den FC-Familien 32 Linien mit hoher bis voller Resistenz ausgelesen werden.

Die molekulargenetische Analyse (Lehrstuhl f. Pflanzenbau u. Pflanzenzüchtung, TV-Weihenstephan) führte zur Charakterisierung von 5 Markern für die FC-Resistenz und 7 Markern für die SN-Resistenz. Beim Vergleich der

Einzelmarkerregression konnten im Mittel über beide Jahre bereits 20% der Gesamtvariabilität definiert werden. Für die Lokalisierung der FC-QTLs wurde zusätzlich eine Intervallanalyse durchgeführt, die einen Varianzanteil von 43.5% abdeckt. Bei der SN-Resistenzverteilung wurde außerdem deutlich, dass die Resistenzkomponenten Blatt- und Ährenbefall durch unterschiedliche Loci determiniert werden. Die Ergebnisse machten aber auch deutlich, dass bisher im quantitativen Bereich die Markeranalyse nur ein Teil der Varianz erfasst und dass in verschiedenen Prüfjahren die QTL-Marker die Resistenzen nicht in gleichem Maße erfassen.

#### Abstract:

The evaluation of this project demonstrated some very qualified results. First the two base populations, one for FC (Apollo x Sgv.NB x MM.Sumai3) and one for SN (Apollo x G18/90) resulted in highly significant genotypic components of variance in both resistance distributions, after evaluation over two years in F3 and F4 at 6 different breeding stations. The genetic distributions demonstrated a quantitative genetic basis in both resistance traits with higher numbers of additive genetic effects and a few dominant or partial dominant effects. The consistency in detecting the resistance values under field conditions was obvious from correlations between the tests from the two generations F3 and F4 with  $r = 0.60^{**}$  for SN and  $r = 0.91^{**}$  for FC. From SN-families 17 lines with high resistance and from FC-families 32 lines with high to full resistance could be selected.

The QTL-analysis of 200 lines in each population demonstrated for the first time 5 genes contributing to FC-resistance and 7 genes to SN-resistance. This part of the quantitative genetic basis was shown to resemble 43,5% of the total genetic variance (intervall-analysis) for FC and 20% for SN (single marker regression analysis). Some genetic markers however were inconsistent over years. For SN-resistance it was demonstrated that different loci are responsible for the two different leaf and ear components of resistance. So far not all contributing genes were detected, but genes with main effects seem to be detected easier.

In Zusammenarbeit mit: Züchtern innerhalb der GFP (Lochow Petkus GmbH als Koordinator); Technische Universität München/Freising-Weihenstephan, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Wenzel, G.; Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik, ; Lörz, H., Frau Leckband.  
(BAZ-7126, GFP: LP-2/97)

### 3.2. Markergestützte Selektion in Wintergerste zur Akkumulation von Resistenzgenen gegen den Gerstengelbmosaikvirus-Komplex, *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*, *Rhynchosporium secalis* und *Pyrenophora teres*

**Marker assisted selection in winter barley for accumulation of genes conditioning resistance to the Barley Yellow Mosaic Virus complex, *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*, *Rhynchosporium secalis*, and *Pyrenophora teres***

Lind, V.; Schönfeld, R-M.; Foroughi-Wehr, B.

#### Zielsetzung/Aim:

Die bislang kartierten Resistenzgene sollen möglichst vollständig in einem Genotyp akkumuliert werden. Dazu werden verschiedene Kreuzungs- und Züchtungsstrategien mit eingeschalteten Haploidschritten eingesetzt. Während in den noch einfachen Ausgangskreuzungen die Verwendung der vorhandenen RFLP-Marker sinnvoll ist, sind für die komplexen Kreuzungen PCR-Marker vorgesehen. Mit genetischen Markern soll gezielt Ausgangsmaterial für die Züchtung und für resistenzgenetische Untersuchungen hergestellt werden, wie es auf konventionelle Weise nicht möglich ist.

Mapped genes for disease resistance will be pyramided as completely as possible in a single genotype. For this purpose different crossing and breeding strategies are combined with haploid steps. As far as simple crosses are used, populations are screened with available RFLP markers. For selection in populations resulting from complex crosses PCR markers are preferred. The project aims at the production of genotypes for breeding and for genetic analyses which could not be produced by the application of conventional methods.

#### Ergebnisse:

Die markergestützte Selektion wurde fortgeführt. Dabei konnten wie geplant Kombinationen zwischen dominanten Genen, rezessiven Genen und zwischen dominanten als auch rezessiven Genen hergestellt werden. In das Selektionsverfahren mit RFLP- und PCR-Markern wurden Vorselektionen mit Pathogenisolaten und Dihaploidisierungsschritte bei F1- bzw. F2-Genotypen eingebaut, um möglichst sicher und schnell die gewünschten Genkombinationen identifizieren zu können. Nicht alle Vorhaben wurden zu Ende gebracht, da durch den Weggang aller im gentechnologischen Labor beschäftigten Assistenten/innen die Arbeit im Juni eingestellt werden musste. Nach der mit RFLP-Markern durchgeführten Identifizierung von mehltreuerresistenten (*Erysiphe graminis*) Kombinantanten mit den Genen *mlt* und *Mlf*, die züchterisch interessant sind, da sie bislang in Gerstensorten noch nicht vorhanden sind, wurden 14 DH-Linien angebaut. Sie erwiesen sich auch unter Feldbedingungen als völlig befallsfrei. Von den mit Hilfe der PCR-Methode ausgelesenen Pflanzen konnten zwar noch DH-Linien erzeugt werden, ihr Genotyp wurde jedoch nicht mehr analysiert.

Aus der Kreuzung 'Triton x Atlas' sollten Kombinantanten mit den Genen *Rh* und *Rh2* ausgelesen werden, die Resistenz gegen *Rhynchosporium secalis* bewirken. Nur zwei DH-Linien konnten zweifelsfrei erkannt werden. Bei 18 weiteren Linien ergaben mit der PCR- und RFLP-

Analyse widersprüchliche Ergebnisse, die auch mit Resistenztests nicht geklärt werden konnten. Dagegen war in einer anderen Kreuzung zwischen Eltern mit Rh und Rh2, in der vor der Produktion von DH-Linien eine Vorselektion an geklonten Pflanzen mit verschiedenen Isolaten des Pathogens durchgeführt wurde, die Auslese von Kombinanten sehr erfolgreich. Insgesamt liegen hier 20 resistente Linien vor, wobei 6 von ihnen noch die Resistenzgene ym5 und ym11 gegen das Gerstengelmosaikvirus besitzen, die von einem der beiden Eltern beigesteuert wurden.

Weitere 9 DH-Linien mit ym5 und ym11 sind aus einer weiteren Kreuzungspopulation vorhanden. Ihre Resistenz wurde in Gewächshausprüfungen bestätigt. Durch die Kreuzung von zwei dieser Linien mit der Linie 10247, einem Donor von ym8, soll die Dreifachkombination hergestellt werden. Das Saatgut der beiden DH-Populationen wurde geerntet und bis zur genetischen Analyse der Pflanzen eingelagert.

Außerdem wurde noch Saatgut von DH-Populationen geerntet, in denen Kombinationen von Mehlttauresistenz-Genen (mlo + Mlj, Mlj + mlt, Mlj + Mla + mlt) und Genen für Resistenz gegen *R. secalis* und *Pyrenophora teres* (Rh + Rh2 + QtlRh + Pt + Pt.,a) vorhanden sind. Die genetische Analyse dieser Populationen steht noch aus, sodass das Saatgut eingelagert wurde.

**Abstract:**

By marker assisted selection in winter barley, lines were produced with combinations of genes conferring resistance to *Erysiphe graminis* (Mlf, Mlj, Mla, mlt, mlo), to *Rhynchosporium secalis* (Rh, Rh2, QtlRh), to the barley yellow mosaic virus complex (ym5, ym11, ym8) and to *Pyrenophora teres* (Pt, Pt.,a). The lines were identified by RFLP- and PCR-markers after different steps of preselection and dihaploidization.

(BAZ-7139)

# Institut für gartenbauliche Kulturen Institute of Horticultural Crops Quedlinburg

Das **Institut für gartenbauliche Kulturen** ist aus dem Zusammenschluss der 1992 gegründeten Institute für Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzenzüchtung und Züchtungsmethodik bei Gemüse hervorgegangen. Die Arbeiten zur Züchtungsforschung des Institutes sind darauf gerichtet, Bedingungen für eine ökonomisch vertretbare Pflanzenzüchtung und einen ökologisch verträglichen Gartenbau zu schaffen. Besondere Aufmerksamkeit gilt der Resistenz gegenüber Schaderregern, einer verbesserten Produktqualität und der Erschließung neuer genetischer Ressourcen. Die Aufgaben des Institutes schließen sowohl die Entwicklung von neuem Basismaterial, 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, der molekularen Diagnostik und des Gentransfers im Mittelpunkt der Züchtungsmethodik.

Die Auswahl der bearbeiteten Kulturarten richtet sich nach dem züchterischen Forschungsbedarf und ihrer wirtschaftlichen Bedeutung. Unter dieser Maßgabe werden gegenwärtig Gemüseformen aus den Gattungen *Brassica*, *Raphanus*, *Allium* und *Daucus* sowie ausgewählte Arznei- und Gewürzpflanzen bearbeitet.

## Effektive Methoden der Züchtungsforschung

In diesem Jahr wurden neue Techniken und Methoden zur Charakterisierung von genetischem Ausgangsmaterial eingeführt. Sie tragen dazu bei, die Effektivität der Forschungsarbeiten zu erhöhen.

Mit der Etablierung der C-PRINS-Technik, einem neuen zytologischen Verfahren, wird die Markierung von Chromosomen durch Fluoreszenz-*in-situ*-Hybridisierung verbessert.

Die Chromosomen von Rettich (*Raphanus sativus*) wurden mit molekularen Markern identifiziert (Abb. 1) und in alle neun möglichen Fremdchromosom-Additionen eingelagert. Mit einem solchen genetisch definierten Pflanzenmaterial können Gene und Marker einzelnen Chromosomen zugeordnet werden.

Mit der flowcytometrischen Ploidiebestimmung an Samen von Johanniskraut (*Hypericum perforatum*) gelang es den Anteil der auftretenden Reproduktionstypen aufzuklären. Diese Kenntnis ist für die beginnende züchterische Bearbeitung von Johanniskraut wesentlich.



Abb. 2: Genetische Karte der Möhre  
Fig. 2: Genetic map of carrot



Abb. 1: Entwicklung chromosomenspezifischer Marker für Rettich

Fig. 1: Development of chromosome-specific molecular markers in radish

Aus einer interspezifischen Kreuzung bei Möhre wurde eine Population entwickelt, mit der neue Merkmale in das Genom der Kulturmöhre (*Daucus carota*) übertragen werden können. Diese Population diente auch zum Aufstellung einer genetischen Kopplungskarte mit molekularen Markern (Abb. 2)

## Neuartiges Basismaterial für die Züchtung

Zur Verbesserung der *Turnip mosaic virus* (TuMV)-Resistenz bei Kopfkohl (*Brassica oleracea* var. *capitata*) wurden nahezu isogene Linien mit weitgehender Pathotypen-unspezifischer Resistenz entwickelt. Dazu wurden zwei Primitivformen von *B. oleracea* verwendet. Die isogenen Linien sind nach 3 Generationen von Selbstung und Selektion nach mechanischer Virusinokulation im Feldversuch ohne Symptome und DAS-ELISA negativ. Für Petersilie (*Petroselinum crispum*) gelang es, nach umfangreichen Klimakammertests und zweijährigen Freilandversuchen Herkünfte mit Resistenz gegen *Septoria petrose-*

*lini* zu selektieren. Dieser Pilz ist der bedeutendste Schaderreger für Petersilie, er verursacht durch Blattflecken Qualitätsverluste an der Ernteware. Bedingt durch den mehrfachen Schnitt bietet Resistenz gegenüber dem Pathogen die einzige Möglichkeit der nachhaltigen Qualitätssicherung (Abb. 3).

Nach der Prüfung von 100 Akzessionen von *Sinapis spec.*, die als wichtige Quellen der *Alternaria*-Resistenz für die Kulturarten der Brassicaceen angesehen werden, konnten Material mit eindeutiger Resistenz ermittelt werden. Die resistenten Pflanzen werden über Meristemkultur und Stecklinge vermehrt und weiterführenden Untersuchungen unterzogen.

In einem mehrjährigen Artkreuzungsprogramm gelang es erstmals auf sexuellem Wege, alloplasmatische Porreepflanzen (*Allium ampeloprasum*) mit dem Fremdplasma aus Zwiebel (*A. cepa*) zu erzeugen und ein breites experimentelles Material aufzubauen. Von diesen Formen wird erwartet, dass sie sich durch Pollensterilität auszeichnen. Die cytoplasmatisch-genetisch bedingte männliche Sterilität ist seit langem Ziel der Porreezüchtung, weil sie den Aufbau eines effektiven Hybridsystems und die schnellere Entwicklung verbesserter Porree-Sorten ermöglicht.

Die Arbeiten an Arznei- und Gewürzpflanzen zur Kombination von hohem Gehalt an wertbestimmenden Inhaltsstoffen und agronomischen Merkmalen wurden fortgesetzt. Für Fenchel (*Foeniculum vulgare*) und Kümmel (*Carum carvi*) sind Populationen entwickelt worden, in denen Genotypen mit den gewünschten neuen Merkmalskombinationen auftreten.

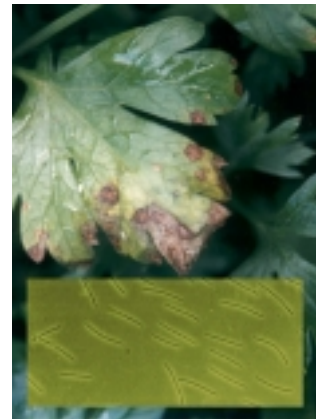


Abb. 3: Schadsymptome an Petersilie, Erreger *Septoria petroselinii*

Fig. 3: Damage symptoms at parsley

The **Institute of Horticultural Crops** originated from the merger of two BAZ institutes founded in 1992, the Institute for Breeding of Vegetables, Medicinal and Aromatic Plants and the Institute for Breeding Methods in Vegetables.

Breeding research carried out by the Institute is aimed at providing the conditions for an economically efficient plant breeding and an ecologically balanced horticulture. Special emphasis is given to the resistance to pathogens, a better product quality and the utilization of new genetic resources.

The main objectives of the Institute encompass the generation of new basic materials, 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 cross breeding, plant cell, tissue and organ culture, molecular diagnosis and gene transfer techniques.

The range of species investigated is determined by the current 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.

### **Effective methods of breeding research**

This year new techniques and methods to characterize genetic basic plant material are introduced enhancing the effectivity of research.

With the establishment of a new cytological method, C-PRINS-technique, the procedure of labelling chromosomes by fluorescent in situ hybridization could be improved.

In radish (*Raphanus sativus*) the different chromosomes were identified with molecular markers (Fig. 1) and transferred into nine alien chromosome additions. This complete set of chromosome additions will be used for assignment of genes and markers to single chromosomes. Using flowcytometric determination of ploidy level in seeds of St. John's Word (*Hypericum perforatum*) the frequencies of different reproduction types were calculated. This result has an impact for breeding work starting in St. John's Word.

From an interspecific cross in carrot a population was developed which could be used for transferring new characters in the genome of cultivated carrot (*Daucus carota*). The population was used to develop a genetic linkage map for molecular markers. (Fig. 2).



## New basic breeding material

To improve the resistance to *Turnip mosaic virus* (TuMV) in cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata*) near isogenic lines with unspecific resistance to pathotypes were developed. After 3 consecutive generations of selfing and selection, the isogenic lines treated by mechanical virus inoculation were without symptoms in field trials as well as DAS-ELISA negative.

At first time, in parsley (*Petroselinum crispum*) accessions having resistance to *Septoria petroselini* were selected by means of extensive screening both under controlled climate and in two-year field trials. The fungus is the most important disease of parsley which causes low quality by leaf spots (Fig. 3). Because of the repeated harvest, resistance is the only way for securing the high quality.

After testing a hundred *Sinapis* spec. accessions, which are expected to be an important source of resistance to *Alternaria* for other cultivated species of *Brassicaceae*, genotypes were found showing an unambiguous resistance.

The interspecific sexual hybridization program in *Allium* yielded for the first time alloplasmic leek plants (*Allium ampeloprasum*) having an alien cytoplasm from bulb onion (*Allium cepa*). These genotypes are expected to have pollen sterility. The cytoplasmic male sterility (CMS) is desired to develop an effective hybrid system in leek for the accelerated production of improved leek varieties. The research work to combine in medical and spice plants a high content of valuable compounds and agronomic traits proceeded. For fennel (*Foeniculum vulgare*) and caraway (*Carum carvi*) populations with desired new trait combinations were derived.

## 1. Resistenzforschung Resistance research

### 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, T.

Zielsetzung/Aim:

Nahezu alle Kulturformen der Gemüsebrassicaceen werden von mehreren *Alternaria*-Arten in wirtschaftlich bedeutsamem Ausmaß befallen. In systematisch mehr/weniger weit entfernten Verwandten ließen sich Resistenzen nachweisen und mit konventionellen sowie modernen (In-vitro-Kultur, Protoplastenfusion) Verfahren in Kulturformen übertragen. Infolge der beträchtlichen Variation der Resistenzausprägung in Donoren und Rezipienten war es jedoch bislang nicht möglich, Sorten mit stabiler Resistenz zu entwickeln.

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 stabilerer 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.

Almost all culture forms of the vegetable *Brassicaceae* are attacked by several *Alternaria* species in an economically important manner. In systematically more/less related cruciferous species resistance could be detected and transferred into culture forms by conventional and novel (*in vitro* culture, somatic hybridization) techniques. Be-

cause of considerable variation of the resistance manifestation in the donors and recipients, until now it was not possible to produce varieties with stable resistance. With regard to variability in the pathogen as well as in the host, the aim of the project is to contribute to finding out causes of the different symptom expressions. Donors exhibiting stable resistance will be used in genetic analysis and in attempts to transfer resistance into culture forms of *Brassicaceae*. For studies particularly *Sinapis* sp. will be used.

Ergebnisse:

Im Berichtszeitraum wurde, als erster Schritt bei der zu bearbeitenden Aufgabenstellung, ein Programm der Resistenzevaluierung absolviert. Das zu prüfende Sortiment umfasste 100 Akzessionen von *Sinapis alba* aus der Genbank des IPK Gatersleben. Die Aussaat der Herkünfte erfolgte einzelkornweise in den agrotechnischen Anforderungen der Kultur entsprechend vorbereitete Saatbeete im Zuchtgarten. Im Stadium der Blüte wurden ausgereifte Blätter entfernt und in Gruppen zu 25 Stück in Feuchtböden unter kontrollierten Bedingungen (19...22 °C, ohne Zusatzlicht) durch Sprühinokulation mit *Alternaria brassicicola* (Konidiendichte: 10<sup>5</sup>/ml) infiziert. Für die Bonitur (6 dpi) stand eine quantitative Skala von 0 (ohne Symptome) bis 9 (hochanfällig) zur Verfügung, wobei jedes Blatt einzeln bewertet und dessen Reaktion auf die ganze Pflanze bezogen wurde. Aus den ermittelten Boniturnoten ließ sich für jede Akzession ein durchschnittlicher Krankheitsbefall (Krankheitsindex KI) errechnen. Als resistent galten Einzelpflanzen/Akzessionen bei einem KI ≤ 2,0.

Um einen möglichen jahreszeitlichen Einfluss auf das Anfälligkeitsverhalten zu erfassen, wurden die Herkünfte im Mai/Juni und, nach erneuter Aussaat, im August/September geprüft.

Die Tests ergaben, dass nahezu alle Akzessionen durchschnittliche KI aufweisen, die im Bereich moderater Anfälligkeit liegen. Die Werte betragen bei der Serie Mai/Juni KI 4,3 und bei der Serie August/September KI 4,4, sind also faktisch gleich, so dass ein jahreszeitlich bedingter Einfluss offensichtlich nicht vorliegt. Im Bereich höherer Anfälligkeit waren lediglich in der Klasse 6...7 noch fünf Akzessionen einzuordnen, während die Klasse 8...9 (hochanfällig) unbesetzt blieb. Demnach weist das gesamte Material eine verminderte Anfälligkeit auf, aber mit Ausnahme von zwei Herkünften, die nur in

der Prüfsérie Mai/Juni entsprechend reagierten (CR 2051, CR 2055), wird der festgelegte cut-off-point für Resistenz nicht erreicht. Demgegenüber konnten in 62 Herkünften insgesamt 185 Einzelpflanzen (5,7 %) mit dem Boniturwert 0...1,5 (immun bis resistent) selektiert werden. Innerhalb der Reaktionsbreite der Befallsausprägung erreichten aber nur 17 Pflanzen aus sechs Akzessionen den Boniturwert 9,0 (hochanfällig). Die Befallsklassen-Häufigkeitsverteilung der geprüften Einzelpflanzen aller Akzessionen ist der Tabelle 1 zu entnehmen.

Tab. 1: Reaktion von *Sinapis alba*-Akzessionen gegenüber *Alternaria brassicicola*  
Table 1: Reaction of *Sinapis alba*-accessions to *Alternaria brassicicola*

Anteil Pflanzen/Befallsklasse								
Number of plants classified			ma/ms			a/s		
r (resistent/resistant)		mässig anfällig/moderately susceptible			anfällig/susceptible			
0 r	0,5 r	1 r	1,5 r	3 ma/ms	5 a/s	7 a/s	9 a/s	Total
5	68	34	83	1090	1580	383	17	3260
0.2 %	2.1 %	1.0 %	2.6 %	33.4 %	48.5 %	11.7 %	0.5 %	100 %

Die selektierten resistenten Einzelpflanzen wurden über In-vitro-Verfahren und Stecklingsvermehrung erhalten und werden einer weiterführenden Charakterisierung hinsichtlich ihres Resistenzverhaltens unterzogen.

#### Abstract:

In order to find resistance donors, a set of 100 accessions of *Sinapis alba* obtained from the gene bank at the IPK Gatersleben was grown in May/June as well as in August/September under field conditions. In the stage of flowering one mature leaf per plant was isolated and inoculated by a spore suspension ( $10^5$  conidia/ml) under controlled conditions (19...22 °C, without supplying additional light). Assessment of lesion size was carried out 6 dpi by using a quantitative scale (0 - without lesions; 9 - highly susceptible). Disease reaction of the detached leaf was regarded as being the same in the entire plant. For the estimation of the mean response of the accessions a disease index (KI) was calculated. Accessions/single plants were classified as being resistant when the disease index was  $\leq 2.0$ .

It could be shown by the tests that there was no influence of the environmental conditions related to the different date of growing (mean disease index including all accessions: May/June 4.3, August/September 4.5). Most of the accessions showed a mean disease index of 3.0 to 5.0 (moderate susceptibility). Only two introductions (CR 2051, CR 2055) tested in May/June exhibited a mean level lesser than 2.0. But of 62 accessions 185 (5.7 %) single plants could be selected showing a disease index of 0...1.5 (immune, resistant), whereas only 17 single plants of six accessions were graded as highly susceptible. The number of plants classified according to their disease response is represented in the table 1.

Selected promising single plants were propagated by meristem culture and cuttings. They will be more intensively characterized with regard to resistance behaviour.

In Zusammenarbeit mit: Frau E. Willner, 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*, besonders die der Kulturform der 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 Rassenmischungen 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* (especially those of the culture form of var. *capitata*) will be crossed with susceptible accessions including high yielding varieties in order to ascertain inheritance mode after testing F<sub>1</sub>-, F<sub>2</sub>- and BC-generations particularly by using race mixtures of the pathogen. 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 des Materials im Berichtszeitraum standen geprüfte F<sub>1</sub>-Pflanzen aus Kombinationen zwischen 5 leistungsfähigen Kopfkohlsorten und 3 Donoren

mit wahrscheinlich rezessiven oder/und quantitativ wirkenden Resistenzgenen (s. Abschlussbericht 1999) zur Verfügung. Von diesen wurden insgesamt 90 resistente ausgewählt und für die Herstellung der F<sub>2</sub> geselbstet. Das umfangreiche F<sub>2</sub>-Saatgut soll im Jahre 2001 gegen eine Rassenmischung des Erregers geprüft werden. Zur weiteren Klärung der Vererbungsmodi wurden von resistenten und anfälligen Donorpflanzen über Geschwisterkreuzungen erneute F<sub>1</sub>-Generationen hergestellt und eine Vermehrung von selektierten resistenten und anfälligen Elternpflanzen aller in die Untersuchungen einbezogenen leistungsfähigen Sorten vorgenommen. Darüber hinaus wurden Kombinationen von resistenten *Brassica oleracea*-Herkünften (Böhmerwaldkohl, Wirsingkohl, BRA 1421 aus der Genbank des IPK Gatersleben) mit Kopfkohl gekreuzt. Die F<sub>1</sub>-Pflanzen wurden mit einer Rassenmischung des Erregers geprüft, und zur Zeit werden resistente Einzelpflanzen für die Herstellung der F<sub>2</sub> vernalisiert. Im weiteren Verlauf der Materialherstellung und genetischen Charakterisierung ist vorgesehen, aus diesen Kombinationen selektierte resistente F<sub>2</sub>-Einzelpflanzen für die Einkreuzung in das F<sub>2</sub>-Material mit rezessiver/quantitativer Resistenz heranzuziehen.

**Abstract:**

From the F<sub>1</sub>-progeny produced in 1999 by crossing *Brassica oleracea*-donors showing recessive and/or quantitative types of resistance with high yielding varieties (see BAZ report 1999) 90 resistant single plants were selected in order to perform F<sub>2</sub>-progeny by selfing. The material will be tested against a race mixture in the next year. Some of the used resistant donors were crossed with the aim to elucidate the complex inheritance mode of their resistance. Further on, combinations between resistant accessions of *B. oleracea* (Böhmerwaldkohl, savoy and BRA 1421, obtained from the gene bank at the IPK Gatersleben) with white cabbage were carried out. F<sub>1</sub>-plants were tested with a race mixture and, at present, resistant ones are submitted to vernalization for producing F<sub>2</sub>-progeny. Resistance donors will be selected from the F<sub>2</sub>-generation and provided for crossing partners in combinations with the recessive/quantitative resistant material.

In Zusammenarbeit mit: GZG Marne, Dr. Löptien (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 Techniken und gentechnische Methoden.

The development of basic material in *Brassica* with resistance to turnip mosaic poytvirus (TuMV) will be continued. There will 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 gene technological methods.

**Ergebnisse:**

Zur nachhaltigen Verbesserung der Resistenz des Kopfkohls (*Brassica oleracea* var. *capitata*) gegen das Kohlschwarzringflecken-Virus (TuMV) wurden die Arbeiten zur Entwicklung von Basismaterial mit möglichst stabiler und dauerhafter Resistenz gegen unterschiedliche Pathotypen des TuMV fortgesetzt. Aus einer Landsorte des Weißkohls konnten nach mehrjährigen Resistenztests unter Freilandbedingungen in den Selbstungsnachkommenschaften (5. Generation) 3 Linien mit Resistenz (Infektionsrate 0 %) gegen das hoch virulente TuMV-Isolat 2 selektiert werden. Darüber hinaus zeigten ausgewählte Linien Resistenz (Infektionsraten 0 bis 30 %) gegen 4 weitere TuMV-Isolate (3 TuMV-Pathotypen, Abb. 1).

Von 2 *B. oleracea*-Primitivformen wurden durch sukzessive Selektion und Selbstung 6 nahezu isogene Linien mit Resistenz gegen einen Mix aus 5 TuMV-Isolaten (3 TuMV-Pathotypen) etabliert (Abb. 2). Von der 3. Selbstungsnachkommenschaft dieser 6 Linien wurden insgesamt 159 Pflanzen im Feldversuch geprüft. Alle Pflanzen blieben symptomlos und waren im DAS-ELISA negativ, so dass die Infektionsraten durchweg bei 0 % lagen (Anfälligkeitsstandard Chinakohl: 100 %, Weißkohl: 63,9 %).

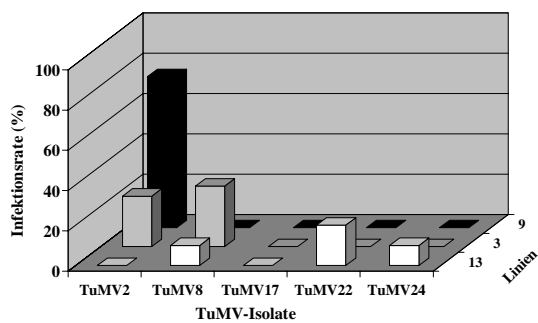


Abb. 1: Resistenz gegen unterschiedliche TuMV-Pathotypen in ausgewählten Linien einer Landsorte des Weißkohls (*Brassica oleracea* var. *capitata*)

Fig. 1: Resistance to different TuMV pathotypes in selected lines of a white cabbage landrace (*Brassica oleracea* var. *capitata*)

Ausgewählte Linien dieser Primitivformen wurden in einem parallelen Feldversuch natürlichen Infektionsbedingungen ausgesetzt. Die Infektionsraten waren mit 0 bis 6,6 % nahezu ebenso niedrig wie nach mechanischer Virusübertragung und belegen damit die Stabilität der Resistenz in den *B. oleracea*-Primitivformen unter Feldbedingungen.

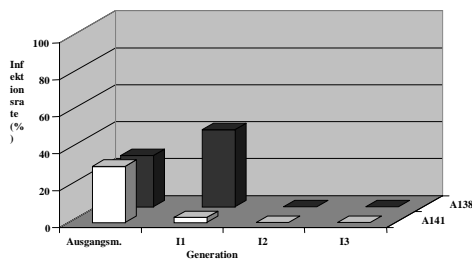


Abb. 2: Etablierung von Linien zweier *Brassica oleracea*-Primitivformen mit Resistenz gegen 3 TuMV-Pathotypen

Fig. 2: Development of lines from *Brassica oleracea* primitive forms with resistance to 3 TuMV pathotypes

Ein anderer Ansatz möglicherweise Resistenz gegen unterschiedliche TuMV-Pathotypen in *Brassica oleracea* zu etablieren, wird mit dem Transfer von Virusgenen in die Wirtspflanze verfolgt. Für die Transformation von Blumenkohl (siehe Ryschka u. a.) wurden Konstrukte mit den Genen für das Hüllprotein des Potato virus Y (siehe Schubert u. a.), ebenfalls ein Potyvirus wie das TuMV, eingesetzt. Von 117 transgenen Blumenkohlpflanzen zeigten 8 Pflanzen (6,8 %) Resistenz (Pflanzen symptomlos, DAS-ELISA, IC-RT-PCR, negativ) gegen das TuMV-Isolat 2. Die selektierten Einzelpflanzen werden verklont und auf Resistenz gegen weitere TuMV-Isolate

getestet.

Zur Verifizierung der durch TuMV-Infektionen bedingten Ertragsverluste und Qualitätseinbußen (Nekrosen) bei spätem Weißkohl wurde erneut ein Feldversuch mit 3 Lagerweißkohlsorten angelegt. Die Kohlpflanzen wurden mechanisch mit einem Mix aus 8 TuMV-Isolaten (6 Pathotypen) inokuliert. In Abhängigkeit von der Kohlsorte traten in unterschiedlichem Maße externe Flächennekrosen und Ertragsverluste bis zu 11 % auf (Abb. 3).

Die Analyse von 1526 Proben des TuMV-infizierten Kopfkohls aus dem Versuchsjahr 1999 ergab einen signifikanten Zusammenhang (Vierfelder- $\chi^2$ -Test,  $\alpha = 5\%$ ) zwischen dem Auftreten von Flächennekrosen und dem Virusbefall (in Zusammenarbeit mit Kecke).



Abb. 3: Auftreten von Nekrosen in einer TuMV-infizierten anfälligen Weißkohlsorte im Versuchsjahr 2000

Fig. 3: Occurrence of necrotic symptoms in a susceptible white cabbage cultivar infected with TuMV in a field trial in 2000

Insgesamt konnte in 88,1 % der Proben mit Flächennekrosen das TuMV im DAS-ELISA nachgewiesen werden und in nur 11,9 % dieser Proben war kein TuMV nachweisbar.

Demgegenüber waren aus den gleichen TuMV-infizierten Köpfen nur 62,1 % der Proben ohne Nekrosen TuMV-positiv und in 37,9 % dieser Proben konnte kein TuMV nachgewiesen werden. Kein Zusammenhang konnte bisher zwischen dem Erscheinen von Punktnekrosen und TuMV-Befall hergestellt werden. Die Proben mit Punktnekrosen waren zu etwa den gleichen Anteilen TuMV-positiv (56,84 %) und TuMV-negativ (43,16 %). Die Untersuchungen zur Rolle des TuMV und anderer Pathogene bei der Entstehung von Nekrosen während der Kühllagerung werden in Zusammenarbeit mit Rabenstein (Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik) fortgesetzt.

Abstract:

In a white cabbage landrace at least 3 inbred lines ( $I_5$ ) where selected under field conditions with resistance (infection rate 0 %) to high virulent TuMV isolate 2. Some of these lines showed resistance also to 4 additional TuMV isolates, representing 3 pathotypes (Fig. 1). Furthermore from 2 *B. oleracea* primitive forms 6 near isogenic lines ( $I_3$ ) were developed by a selection and self pollination program. These inbred lines were found to be resistant to 5 TuMV isolates (3 pathotypes) in a field trial. In these plants no infection was estimated by symptom

scoring and with DAS-ELISA (infection rate 0 %). Two selected lines of the *B. oleracea* primitive forms tested under field conditions with natural TuMV infection showed nearly the same infection rates between 0 and 6,6 %. The transfer of coat protein genes into the host plant seems to be an alternative method for establishing resistance to different TuMV pathotypes. Cauliflower plants (*B. oleracea* var. *botrytis*) were transformed using a construct with coat protein genes from potato virus Y. Among the 117 transgenic plants tested, 8 plants (6,8 %) possessed resistance to TuMV isolate 2 (plants symptomless, negative in DAS-ELISA and in IC-RT-PCR). A mixture of 8 TuMV isolates caused in susceptible white cabbage (3 cultivars) a yield reduction of up to 11 %. A correlation was found between occurrence of large necrotic lesions and infection with TuMV. Thus in 88,1 % of probes with large necrotic lesions TuMV could be detected in DAS-ELISA. In contrast no correlation was estimated between TuMV infection and occurrence of small necrotic spots (pepper-spotting).

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik, Aschersleben, Ehrig, F., Rabenstein, F., Schubert, J.; BAZ, EDV, Quedlinburg, Kecke, S.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie u. Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G.; HRI Wellesbourne, Großbritannien, Jenner, C.; GZG Marne, Lötptien, H. (BAZ-1136)

## 2. Biotechnologie Biotechnology

### 2.1. Nutzung repetitiver genomspezifischer und mitochondrialer Sonden zur Charakterisierung von Regeneratpflanzen und deren Nachkommen nach somatischer Zellhybridisierung verschiedener *Brassicaceae*

**Use of repetitive genome-specific and mitochondrial probes for characterization of regenerated plants as well as their progenies after somatic cell hybridization of various *Brassicaceae***  
Klocke, E.; Marthe, F.; Ryschka, U.; Schumann, G.

Zielsetzung/Aim:

Zur Schaffung von Basismaterial mit neuartigen Resistenzmerkmalen wurde die somatische Zellhybridisierung von *Brassica oleracea* ssp. mit Protoplasten verschiedener *Brassicaceae* durchgeführt. Die Verwendung genomspezifischer und mitochondrialer DNA-Sonden ist wertvoll bei der Charakterisierung der Primärfusionate. Darüber hinaus ist dies eine effiziente Möglichkeit der weiteren Begleitung der züchterischen Bearbeitung des Pflanzenmaterials. Der Erhalt neuer Genomkombinationen kann über Generationen dokumentiert werden.

For creation of basic material with new resistance traits somatic cell hybridization of *Brassica oleracea* ssp. with protoplasts from various *Brassicaceae* was realized. The use of genome-specific and mitochondrial probes is valuable for the characterization of the primary fusion plants. Moreover, it is an efficient possibility for investigation of

the further breeding process of the plant material. The preservation of new genome combinations over generations could be documented.

Ergebnisse:

Molekulare Marker sind ein wichtiges Werkzeug bei der Schaffung von neuem Basismaterial mittels somatischer Hybridisierung. Für die schnelle Identifizierung von Fusionaten wird routinemäßig die RAPD-Analyse angewandt. Für die weitere Charakterisierung stehen sowohl genomspezifische als auch cp- und mt-DNA-Sonden zur Verfügung. Bei der Hybridisierung der Primärfusionate mit mitochondrialen Sonden (*atp*, *cox*) war der hohe Prozentsatz von neuen Kombinationen auffällig. Überwiegend ließen sich die Fragmente von beiden Elternteilen nachweisen. Vereinzelt traten völlig neue Banden auf.

Die hohe Sterilität der erzeugten Fusionspflanzen ist eine komplizierte Hürde bei der Weiterentwicklung des Materials zu züchterisch wertvollen Linien. Bei vier Pflanzen aus der Protoplastenfusion *Brassica oleracea* + *B. nigra* gelang es, diese Sterilität zu überwinden, so dass umfangreich Nachkommen nun bereits in der 5. Generation vorhanden sind. Das Pflanzenmaterial wurde sowohl über Selbstung, isolierte Abblüte sowie über Rückkreuzungen mit Kopfkohl-Linien erzeugt. Nur durch die Anwendung der In-vitro-Embryokultur konnte ein Teil des Materials weiterentwickelt werden. In dieser Phase gibt die Southern-Analyse mit geeigneten Sonden Aufschluss über die Introgression des *B. nigra*-Genoms. Bisher wurden 65 Pflanzen mit einer hoch repetitiven Sonde spezifisch für das *B. nigra*-Genom untersucht (freundlicherweise von D. Somers, Kanada zur Verfügung gestellt). Bei Pflanzen mit einer intermediären Morphologie wurde ein ähnlich starkes Hybridisierungssignal wie bei den Primärfusionaten festgestellt. Pflanzen, deren Morphologie überwiegend der von *B. oleracea* entsprach, zeigten quantitative und auch qualitative Unterschiede von schwachen Banden bis hin zum völligen Fehlen einer Hybridisierung. Insgesamt wurden 21 Pflanzen diesem Typ zugeordnet. Sie waren alle über Rückkreuzung mit der Weißkohl-Linie WK 1684 und einer anschließenden In-vitro-Embryokultur entstanden.

Die Southern-Hybridisierung mit der Sonde *atp9* (freundlicherweise von A. Brennicke erhalten) zeigte, dass alle Nachkommenschaften im Vergleich zu den Ausgangspflanzen eine Neukombination aus beiden Elternteilen im mitochondrialen Genom aufweisen. Mit dieser Sonde wurden vier Fragmente identifiziert, die dem *B. nigra*-Typ zuzuordnen waren, 3 Fragmente waren charakteristisch für *B. oleracea* und 2 Fragmente wurden bei beiden Eltern gefunden (Abb. 1).

Alle untersuchten Pflanzen wiesen das *B. nigra*-Fragment 3800 und das Fragment 2900 vom *B. oleracea*-Typ auf. Besonders erwähnenswert ist das *B. nigra*-Fragment 250. Dies fehlt grundsätzlich bei den Pflanzen mit *B. oleracea*-Habitus sowie bei einigen Pflanzen mit intermediärer Morphologie. Hier treten Unterschiede bei Nachkommenschaften auf, welche auf eine Fusionspflanze zurückzuführen sind. Bisher konnte noch nicht geklärt werden, wann die Veränderungen im mitochondrialen Genom eingetreten sind. Weitere Banden zeigen Variabilität bei den verschiedenen Pflanzen. Die Untersuchungen dazu

werden fortgeführt.

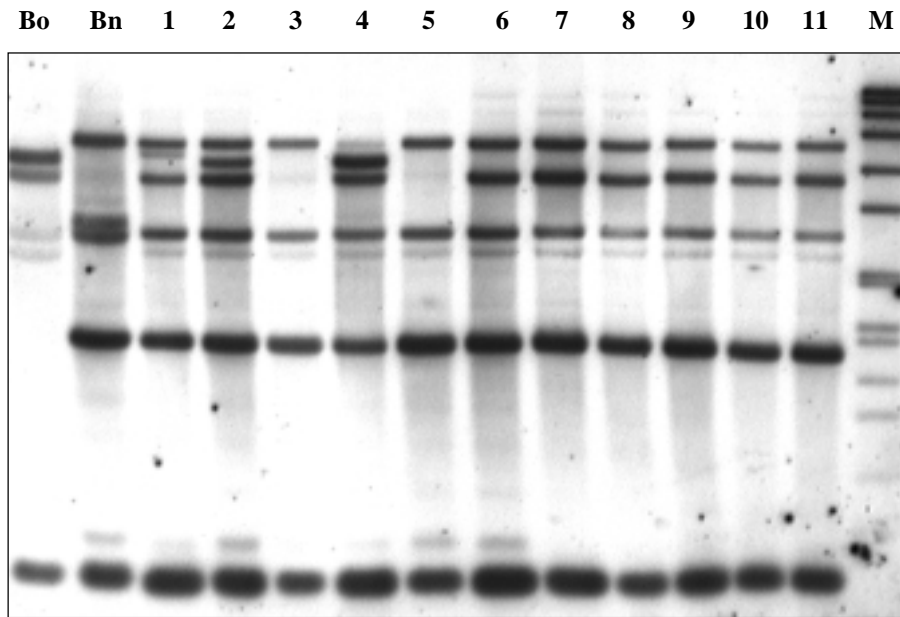


Abb.1: Southern-Analyse von F<sub>5</sub>-Pflanzen nach Protoplastenfusion *Brassica oleracea* + *B. nigra* mit der Sonde *atp9*. Bo: *B. oleracea*, Bn: *B. nigra*, 1-11: verschiedene Pflanzen der F<sub>5</sub>, M: Molekularmarker (in bp)

Fig.1: Southern hybridization of F<sub>5</sub> plants after protoplast fusion *Brassica oleracea* + *B. nigra* with probe *atp9*. Bo: *B. oleracea*, Bn: *B. nigra*, 1-11: various plants of F<sub>5</sub> generation, M: molecular weight marker (in b.p.)

#### Abstract:

Molecular markers are powerful tools for the development of new basic material after somatic hybridization. After protoplast fusion between *Brassica oleracea* + *B. nigra* 65 plants in the 5<sup>th</sup> progeny were tested with highly repetitive genome-specific probe for *B. nigra* as well as with the mitochondrial probe *atp9*. The hybridization pattern with the *B. nigra*-probe revealed not any differences between the primary fusion plants and the F<sub>5</sub>-plants with the morphology traits from both parents. Plants with *B. oleracea*-character obtained by backcrossing with head cabbage line WK 1684 and followed by embryo rescue *in vitro* show quantitative and qualitative differences in the hybridization pattern. Using the probe *atp9* it was evidenced that all 65 plants possess a new combination in the mitochondrial genome with the typical fragments from *B. oleracea* as well as from *B. nigra*. The investigation of the variability in the hybridization profile of some plants is in progress.

(BAZ-1139, BAZ 1150)

#### 2.2. Agrobakterien-vermittelter Transfer der TuMV-Virushüllprotein- und Nib-Gene in *Brassica oleracea* und Prüfung der TuMV-Resistenz der transgenen Linien

##### Agrobacterium mediated gene transfer of the TuMV coat protein and the Nib genes into *Brassica oleracea* and evaluation for resistance against TuMV of the transgene lines

Ryschka, U.; Klocke E.; Schubert, J.; Krämer, R.; Schumann, G.

#### Zielsetzung/Aim

Mit Hilfe von *Agrobacterium tumefaciens* sollen verschiedene Konstrukte mit Genen des Virushüllproteins und des Nib (RNA-Polymerase) des Turnip mosaic virus (TuMV) in *Brassica oleracea* transformiert werden. Es wird die Eignung getestet, Resistenz gegen das TuMV zu induzieren.

Several constructs with genes of the turnip mosaic virus (TuMV) coat protein and of the Nib (RNA polymerase) will be introduced via *Agrobacterium tumefaciens* mediated gene transfer into *Brassica oleracea* for testing their usefulness to induce resistance to TuMV.

#### Ergebnisse:

Neben der Übertragung von Resistenzen gegen TuMV mit Hilfe der somatischen Hybridisierung sollen die Möglichkeiten der Resistenzinduktion durch Übertragung der Gene für das Hüllprotein und das Nib (RNA-Polymerase) ausgelotet werden.

Als Ausgangsexplantate für den *A. tumefaciens* Gentransfer bei *B. oleracea* dienten Hypokotyle. Sie sind den Kotyledonen vorzuziehen. Zur Selektion der transgenen

Regeneratpflanzen wurden die Markergene GUS und PAT (Phosphinotricin-Resistenz) verwendet. Von allen Regeneratpflanzen, die auf dem Medium mit dem Herbizid Phosphinotricin selektiert worden sind, wurde die DNA über die PCR analysiert (Abb.1).

Um bei *Brassica oleracea* eine hohe Transformationseffizienz zu erreichen, wurden zunächst verschiedene *A. tumefaciens*-Stämme getestet. Zum Einsatz kamen die *A. tumefaciens*-Stämme EHA 105, GV2260, AHTV und GV3101 mit einem Konstrukt, das neben dem Hüllproteingen vom PVY (potato virus) die Markergene für GUS und PAT (Herbizidresistenz) enthält.

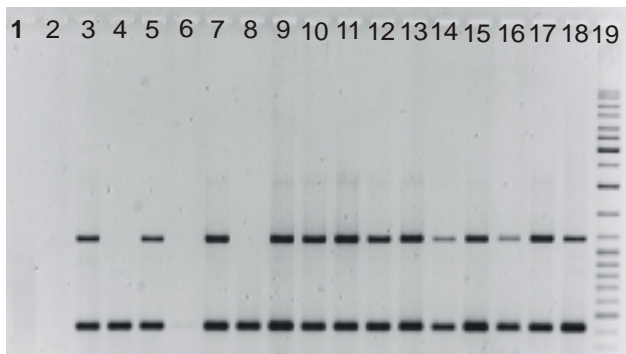


Abb. 1: Analyse der DNA transgener Pflanzen von *B. oleracea* durch die PCR-Amplifikation von PAT (untere Bande) und PVY-CP Gene (obere Bande) 4 – 18 Regeneratpflanzen, 1 Wasserkontrolle, 2 nichttransformierte Kontrollpflanze, 3 Positivkontrolle, 19 100 bp Molekularmarker

Fig. 1: Analysis of DNA from transgenic plants of *B. oleracea* by PCR amplification of PAT and PVY-CP genes 4-18 regenerated lines, 1 water control, 2 nontransformed plant, 3 positive control, 19 100 bp molecular marker

Die Transformationsraten mehrerer Versuche zeigten die höchsten Einbauraten der verwendeten Gene, wenn der *A. tumefaciens*- Stamm EHA 105 als Genfahre zum Einsatz kam (Abb. 2). Ungeeignet für die Genübertragung war der Stamm GV 3101. Mit diesem Stamm wurden nur sehr wenige Regeneratpflanzen produziert und daher nicht weiter verwendet.

Für die Optimierung der *A. tumefaciens* vermittelten Gentransformation werden noch verschiedene andere Parameter untersucht, so der Einfluss von Ammenkultur, die Dauer der Inkubation der Hypokotylexplantate mit *A. tumefaciens*, verschiedene Kulturmedien und andere Faktoren. Diese Untersuchungen sind noch nicht abgeschlossen.

Die erhaltenen transgenen Pflanzen mit dem PVY-CP Gen werden bezüglich ihrer Resistenz gegenüber TuMV getestet. Weiterhin stehen für die Resistenztestung eine größere Anzahl von transgenen Pflanzen mit den übertragenen Genen TuMV-CP, TuMV-NIb und TuMV-NIb + GFP zur Verfügung.

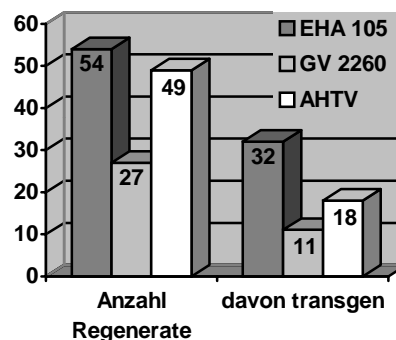


Abb. 2 :Anzahl der Regeneratpflanzen und davon der Anteil transgener Pflanzen von *Brassica oleracea*, induziert nach der Inkubation von 250 Hypokotylexplantate mit den *A. tumefaciens*-Stämmen EHA 105, GV 2260 und AHTV, die ein Konstrukt mit dem Hüllproteingen PVY-CP und den Markergenen PAT und GUS enthielten (Durchschnitt aus 3 Wiederholungen).

Fig. 2: Transformation frequency and the number of shoots from *Brassica oleracea* obtained after incubation with different *A. tumefaciens* strains with the PVY-CP gene and the marker genes PAT and GUS (average of 3 experiments with 250 hypocotyl explantats)

#### Abstract:

The optimal conditions for the production of transgenic plants of *Brassica oleracea* via *Agrobacterium tumefaciens* mediated gene transfer were determined. PCR analysis were used to identify the transgenic plants with the integrated PVY-CP, TuMV-CP or TuMV-NIb gene. It was found that the transformation frequency depends from the used *Agrobacterium* strain. The *Agrobacterium* strain EHA 105 was the most suitable. A number of transgenic plants with the PVY-CP, TuMV-CP and TuMV-NIb gene were obtained and the testing of the ability to induce resistance is in progress.

### 3. Markergestützte Selektion Marker-assisted selection

#### 3.1. 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.; Schütze, W.; Krämer, R.; Scholze, P.

#### 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 Schädlings im Boden zu reduzieren. In einem Modellversuch sollen molekulare Marker anhand von *Raphanobrassica*-Bastardpopulationen entwickelt und zur Selektion auf intergenetische Introgression der Resistenz eingesetzt werden.

The genus *Raphanus* represents an important source of resistance and quality traits of *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:

Die Anwesenheit des Rettich-Chromosoms D in synthetischen Rapspflanzen bewirkte Resistenz gegen *Heterodera schachtii*. Monosome Additionen des Chromosoms D mit *Raphanus*-Cytoplasma wurden als Pollenelter mit der Standardsorte 'Madora' rückgekreuzt und in der Nachkommenschaft mit chromosomenspezifischen molekularen Markern reselektiert, um durch den Plasmawechsel D-Additionen mit normaler männlicher Fertilität zu erhalten. Analog erfolgten Rückkreuzungen mit 2 fertilen und 3 männlich-sterilen (CMS) Zuchtstämmen sowie die anschließende Reselektion der Additionspflanzen. Der resistenzauslösende Effekt von *Raphanus*-Chromosom D wurde auch für Material mit normalem Rapsplasma in vollem Umfang bestätigt. Rückkreuzungspflanzen ohne D besaßen durchschnittlich 77,0 Zysten je Wurzel, Pflanzen mit D 14,1. Die entsprechenden Werte für den Chromosomen-Rezipienten Raps (anfällig) waren 81,5 und für den Chromosomen-Donor Rettich (resistent) 14,9 Zysten. Durch Selbstung monosomer D-Additionen wurde eine spaltende Nachkommenschaft mit 0,1 und 2 D-Chromosomen erzeugt. Pflanzen mit einem und zwei identischen D-Chromosomen sind routinemäßig nur mit molekular-zytogenetischen Techniken unterscheidbar. Durch Anwendung einer Variation der RAPD-Analyse war es möglich, D-chromosomenspezifische molekulare Marker mit einem automatischen Sequencer quantitativ auszuwerten. Es ergab sich ein hoher Grad an Übereinstimmung zu parallel durchgeführten zytologischen FISH (Fluorescence in situ hybridization)-Analysen mit einer *Raphanus*-spezifischen Sonde. Damit können künftig molekulare Techniken mit ihrem bei weitem höheren Durchsatz für eine Vorselektion auf disome Pflanzen eingesetzt werden, welche danach zytologisch zu bestätigen sind.

Ergänzend zum bisherigen FISH-Verfahren wurden die C-PRINS (Cyclic primed in situ labelling)-Technik etabliert, mit deren Hilfe die gleichen Analysen mit halbem Zeitaufwand durchgeführt werden können (Abb 1).

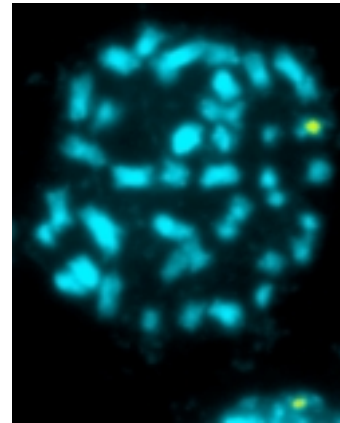


Abb. 1: Markierung des *Raphanus* Chromosoms D (gelb) einer Additionsanlage ( $2n = 38+1$ , mitotische Metaphase) durch C-PRINS mit Primern, abgeleitet aus einer *Raphanus*-spezifischen repetitiven DNA-Sequenz (pURsN1)

Fig. 1: Detection of the *Raphanus* chromosome D (yellow) of an addition plant ( $2n = 38+1$ , mitotic metaphase) via C-PRINS with primers derived from a *Raphanus*-specific repetitive DNA-sequence (pURsN1)

Die erstmals erhaltenen disome Additionen des Chromosoms D von *Raphanus sativus* an *Brassica napus* werden eingesetzt, um die Stabilität der Nematodenresistenz-Übertragung nach einigen Vermehrungsgenerationen zu prüfen.

Auf molekularem Wege wurden alle 9 möglichen Additionen einzelner *Raphanus*-Chromosomen identifiziert (Abb. 2).

Alle Additionen mit Ausnahme der von Chromosom F und Rapspflanzen ohne Fremdchromosom wiesen in *Raphanus*-Cytoplasma eine stark verminderte männliche Fertilität bis zu völliger Sterilität auf. Das deutet darauf hin, dass *Raphanus*-Chromosom F das Restorergerm für dieses Cytoplasma trägt. Die vollständige Serie der monosomen Chromosomen-Additionen wurde zusammen mit den Raps- und Rettich-Eltern auf Resistenz gegenüber dem TuMV und auf Glucosinolatgehalt und -zusammensetzung untersucht. Während Rettich eine ausgeprägte TuMV-Resistenz zeigte, war in keiner der Additionslinien Resistenz vorhanden. Dagegen wurden die Unterschiede zwischen den Elternformen in Glucosinolatgehalt und -spektrum des Blattes auch in der monosomen Serie gefunden. *Raphanus*-spezifische Glucosinolate werden ausschließlich in Additionspflanzen mit dem *Raphanus*-Chromosom G gebildet. Die Anwesenheit von Chromosom D bewirkt wie die übrigen *Raphanus*-Chromosomen keine Veränderung des Raps-Glucosinolatspektrums, es führt jedoch zu einer mehrfachen Erhöhung des Gesamtgehaltes an Blattglucosinolaten. Um weitere Resistenzeigenschaften in *Raphanus* zu finden, wurden die Raps- und Retticheltern der Additionen hinsichtlich ihrer Reaktion auf *Alternaria*, *Phoma* und *Plasmidiophora* geprüft.





Tab 1: Stand der Markerentwicklung und Kartierung morphologischer und molekularer Marker für die Möhren-Kartierungspopulationen MK8 und MK9

Table 1: Developed and mapped morphologic and molecular markers of the carrot mapping populations MK8 and MK9

Population	Markertyp	beobachtete Marker			kartierte Marker		
		t*	m**	p***	t	m	p
<b>MK8</b> (n=92)	morphologischer	20			12		
	Isoenzym	3			3		
	RAPD	75	37	38	39	24	15
	AFLP	30	19	11	25	16	9
	total	128			79	(62 %)	
<b>MK9</b> (n=99)	morphologischer	17			11		
	Isoenzym	6			4		
	RAPD	113	43	70	82	34	48
	AFLP	51	26	25	42	21	21
	Mikrosatelliten	4			4		
total	191			143	(75 %)		

\* t = total  
 \*\* m = maternal  
 \*\*\* p = paternal

Nach erneuter Kopplungs- und Kartierungsanalyse (Mapmaker 3.0) konnten für die MK8 Population 79 Marker (62 %) in 10 Kopplungsgruppen (KG) kartiert werden (LOD 4,0/max. Rek. 0,35). Damit liegt nunmehr noch eine zusätzliche KG bezogen auf den haploiden Chromosomensatz der Möhre vor. 69 Marker konnten auf 7 Hauptgruppen mit 5 - 17 Markern platziert werden, drei Minorgruppen tragen 2 - 4 Marker. Die derzeitige Kartenlänge beträgt 1429 cM bei einem durchschnittlichen Markerabstand von 18,4 cM.

Für die Population MK9 konnten 143 Marker (75 %) vorerst auf 15 KG platziert werden (LOD 4,0/max. Rek. 0,35). Auf 10 Hauptgruppen wurden zwischen 5 und 26 Marker kartiert, 5 Minorgruppen tragen 2 - 4 Marker. Die errechnete Kartenlänge beträgt 1780 cM bei einem durchschnittlichen Markerabstand von 12,4 cM. Tab.1 zeigt den aktuellen Stand der Markerentwicklung und Kartierung beider Populationen.

Da es sich bei den mütterlichen Kreuzungspartnern beider Kartierungspopulationen um NIL's der Kulturmöhre (ms-Linien) handelt, wurde als Arbeitshypothese angenommen, dass AFLP- bzw. RAPD-Banden mit identischen Positionen in beiden Linien identische Marker sind. Bisher wurden 20 solcher potentieller Ankerloci nachgewiesen. Ferner sind die Isoenzymmarker und morphologischen Marker als Ankerloci geeignet, da sie in beiden Populationen spalten. Derzeit werden erste Versuche zur gemeinsamen Kartierung der Marker beider Populationen mit dem JoinMap 1.3 Programm durchgeführt.

In Kreuzungsexperimenten wurden weitere F<sub>2</sub>-Spaltungspopulationen zur Erweiterung der genetischen Karte der Möhre erstellt. So stehen 6 F<sub>2</sub>-Populationen zur genetischen Analyse einer „Chlorophyllmutante“ und 19 F<sub>2</sub>-Populationen mit genetischer Variation für Merkmale der „Epidermisstruktur“ des Laubblattes im Anbau.

Abstract:

F<sub>3</sub>-analyses were used for the verification of the postulated genetic models for the inheritance of the agronomic traits. A monogenic inheritance could be verified for 12 morphological traits of the MK8 and 8 of the MK9 population. Additional, 6 AFLP markers and 4 microsatellites which we obtained from the Institute of Applied Genetics in Hannover were integrated in the re-constructed maps. The MK8 map contains 79 (62 %) markers to 10 linkage groups and an average marker distance of 18,4 cM. The MK9 map contains 143 (75 %) markers to 15 linkage groups and an average marker distance of 12,4 cM. A selection of anchor loci for a combined mapping with the JoinMap 1.3 programme is in progress.

New F<sub>2</sub>-populations which segregate for the „chlorophyll content“ and the „epidermal structure“ were developed as basic material for mapping.

In Zusammenarbeit mit: Briard, M., Institut National D'Horticulture, Angers (F)  
 (BAZ-1145, BAZ-1151)

### 3.3. Die Zukunft der europäischen Möhre: ein Programm zur Konservierung, Charakterisierung, Evaluierung und Sammlung von Möhren und Wildarten

**The future of the European carrot: a programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild species**

Nothnagel T.; Frese L.; Scholze, P.

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* einschließlich Wildarten, Landrassen, Sorten und Hybriden, deren Evaluierung hinsichtlich Resistenz- und Qualitätsparametern und die Erarbeitung einer core collection.

Projektinformationen und die im Projektverlauf zu erarbeitende Datenbank sind online über [http://www.hri.ac.uk/gru/gen\\_res/genres.htm](http://www.hri.ac.uk/gru/gen_res/genres.htm) verfügbar.

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 EC 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. Project information's and the database are available online under [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.

Erhaltung, Regeneration und Charakterisierung (L. Frese, BAZ-Genbank)

Die *Daucus*-Sammlung der BAZ Genbank in Braunschweig ist vollständig dokumentiert und inventarisiert. Die entsprechenden Passportdaten wurden im ECP/GR Austauschformat an den Koordinator für den Aufbau der Europäischen *Daucus*-Datenbank (EDDB) abgegeben. Der Bestand enthält 134 Herkünfte. Aufgrund geringer Restmengen keimfähiger Samen müssen 72 % der Sammlung dringend regeneriert werden. Zu diesem Zweck werden vorrangig Kulturformen angebaut und nach erfolgreicher Saatguterzeugung im Feldanbau charakterisiert. Als Grundlage für die Materialbeschreibung dient eine mit den Projektpartnern zuvor abgestimmte Merkmalsliste. 25 Herkünfte und 3 Standardsorten wurden in zweifacher Wiederholung angebaut, 14 Merkmale bonitiert und die Wurzelform und -farbe photographisch dokumentiert. Für die Saatgutproduktion im Jahr 2001 kultivierte Stecklinge von 7 weiteren Herkünften werden zur Zeit vernalisiert.

Vorbereitende Untersuchungen zur Evaluierung gegen *Alternaria dauci*

(T. Nothnagel / P. Scholze, BAZ-GK)

Im Rahmen des Projektes sollen 2001 und 2002 zusammen 340 Akzessionen hinsichtlich Resistenz gegen *Alternaria dauci* geprüft werden - 200 in Quedlinburg und 140 in Angers (Frankreich). Um vergleichbare Ergebnisse zu erhalten, mussten einheitliche Versuchsstrategien für beide Standorte erarbeitet werden. Das gesamte Material wird parallel in einem Blattsegmenttest (Labortest) und einem Feldtest (Semi-Feldtest) geprüft werden. Für den Labortest wird ein in Quedlinburg modifizierter Test nach Bruno (1993) genutzt.

Der Feldtest wird nach einem Protokoll der Arbeitsgruppe in Angers durchgeführt. Das Möhrenmaterial wird direkt in einem Foliencelz kultiviert und getestet. Dadurch können die für *Alternaria dauci* optimalen Bedingungen gut simuliert werden.

Auswahl geeigneter *Alternaria dauci* Isolate :

In Quedlinburg standen zwei Isolate (I 89001 und I 89068, BBA-Braunschweig) zur Verfügung. In Vortests zeigten beide Isolate eine hohe Übereinstimmung hinsichtlich ihrer Aggressivität. Aufgrund der besseren Vermehrungsrate von Isolat I 89001 wurde dieses für weitere Untersuchungen ausgewählt. Von der französischen AG wurden 7 *Alternaria*-Isolate zur Verfügung gestellt. Die Isolate zeigten allerdings auf dem in Quedlinburg bewährten „Möhrenblatt-Agar“ eine vergleichsweise schlechte Vermehrungsrate, so dass sich der Inokulumbedarf für einen in diesem Jahr geplanten Feldtest nicht realisieren ließ.

Nach Hinweisen der AG in Angers konnte durch Einsatz eines „Möhrensaft-Agars“ die Vermehrungsrate zwar erheblich verbessert werden, variierte allerdings stark zwischen den Isolaten. Aus dem ersten Vermehrungsansatz der französischen *Alternaria dauci* Isolate wurde ein Mix erstellt und im Rahmen eines Kotyledonentestes sowie eines Blattsegmenttestes mit dem Isolat I 89001 verglichen. Im Kotyledonentest wurden 8 Möhrensorsten/Linien (ca. 40 Keimpflanzen/Sorte/Isolat) getestet. Dabei zeigte sich eine weitgehende Übereinstimmung hinsichtlich der Aggressivität der genutzten Inokula (Abb.1).

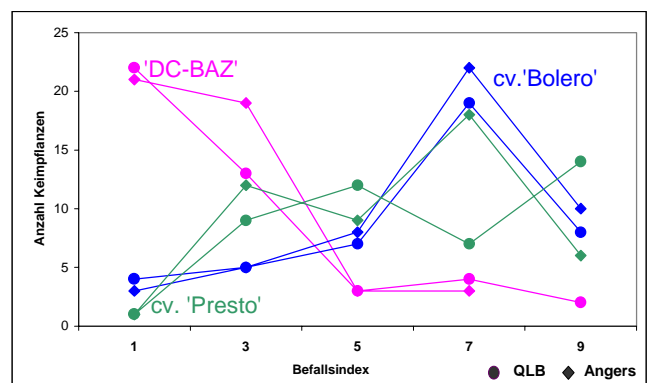


Abb.1: Resistenzausprägung von drei Möhrentypen im Kotyledonentest und Vergleich der *Alternaria dauci* Isolate aus Angers und Quedlinburg

Fig.1: Expression of resistance of three carrot genotypes in the cotyledon test and comparison of the *Alternaria dauci* inocula of Angers and Quedlinburg

Im Blattsegmenttest konnten 98 Pflanzen aus 7 Sorten/Populationen direkt verglichen werden. Dabei wurde ein Korrelationskoeffizient von  $r = 0.82$  ermittelt (Abb. 2).

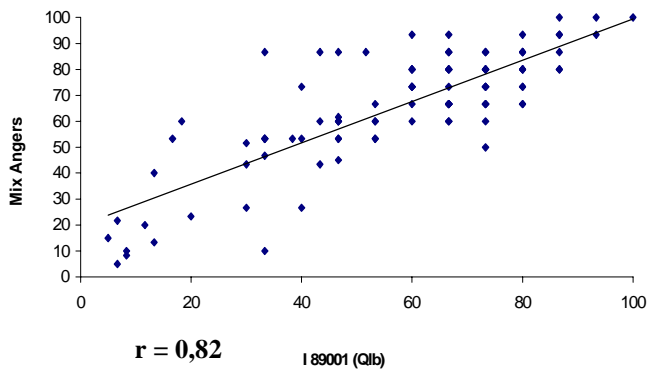


Abb. 2: Vergleich der *Alternaria dauci* Isolate aus Angers und Quedlinburg in einem Blattsegmenttest (Labortest) (n = 98 Pflanzen, Mittelwerte aus drei Testwiederholungen in % Befallsfläche, Resistenzevaluierung 9dpi)

Fig. 2: Comparison between the *Alternaria dauci* inocula of Angers and Quedlinburg in a leaf segment test (laboratory test) (n = 98 plants, average of three tests in percent of damaged leaf area, evaluation 9dpi)

In Absprache mit der französischen AG wird für die Resistenzevaluierung im Rahmen von GenRes 105 ein französisches *Alternaria dauci* Isolat (hohe Vermehrungsrate/hohes Aggressivitätsniveau) ausgewählt und ein Gemisch mit I 89001 hergestellt.

#### Abstract:

The BAZ Gene Bank *Daucus* collection consists of 134 accessions of which 72 % require urgent seed increase. Passport and inventory data are fully computerised. 25 accessions and 3 standard varieties were grown in the field. The material was described using 14 characters. Seven further accessions are being vernalised for seed production in 2001.

A laboratory test and a field test were prepared and coordinated with the working group in Angers (Frankreich) as the basis for the comparability of the evaluation of the *Alternaria dauci* resistance of carrots. Different *Alternaria dauci* isolates were tested in a cotyledon test and an leaf segment test for their aggressiveness. The isolate I 89001 (BBA Braunschweig, BAZ Quedlinburg) and a mixture of seven isolates from Angers shown more or less the same expression patterns in both tests. A mixture of the isolate I 89001 and one isolate from Angers will be used in the evaluation of *Alternaria dauci* resistance in the GenRes-CT99-105 project.

In Zusammenarbeit mit: Astley, D. (Projektkoordinator) and Smith, B., HRI Wellesbourne (UK); Davey, J., 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., Nordic Gene Bank (S) (BAZ-1152,BAZ-1145, GenRes-CT99-105)

### 3.4. Entwicklung charakterisierter zum Anbau geeigneter Mohnformen (*Papaver somniferum* L.) und molekulare Analyse der Vererbung ihres Alkaloidgehaltes.

**Development of characterized arable poppy forms (*Papaver somniferum* L.) and molecular analysis of the genetics of their alkaloids.**

Straka, P.; Nothnagel, Th.; Colditz, D.

#### Zielsetzung/ Aim:

Das Ziel des Forschungsprojektes besteht in der Entwicklung von charakterisiertem Basismaterial für die Züchtung und den Anbau von morphinarmem Schlafmohn, *Papaver somniferum* L. in Deutschland. Die molekulare Analyse der Vererbung verschiedener Gehalte von spezifischen Alkaloiden erfolgt durch den Nachweis spezifischer cDNA's, die mit hohem bzw. niedrigem Gehalt bestimmter Alkaloide korrelieren.

The goal of the research project consists in the development of characterized basic material for plant breeding and cultivation of low morphine poppy, *Papaver somniferum* L., molecular analysis of the genetics of alkaloid contents by identification of cDNA's in single plants with high or low content of different alkaloids.

Die in den letzten Jahren durchgeführte Selektion morphinarmer Mohnformen, *Papaver somniferum* L., resultierte in verschiedenen Linien mit einem Morphingehalt geringer als 0,01 % Morphin in der trocknen Kapsel.

Im Rahmen umfangreicher Analysen wurden die eigenen selektierten morphinarmen Linien sowie verschiedene Schlafmohnsorten, *Papaver somniferum* L., mittels RAPD-Analysen charakterisiert und aufgrund dessen in einer anschließenden Clusteranalyse miteinander verglichen. Insgesamt wurden 15 Linien und Sorten untersucht. Es konnten distinkte Marker für selektierte morphinarme Linien (RMA) im Unterschied zu ihrer morphinreichen Herkunft (RIE) erhalten werden. 236 RAPD-Banden wurden erfasst und für die Clusteranalyse genutzt. Die morphinarmen Linien bildeten ein Cluster. Dies kann als Hinweis auf eine genetische Differenzierung der erhaltenen Linien im Ergebnis ihrer Selektion auf Morphinarmut gewertet werden (Abb.1).

Die erfolgreiche Selektion morphinarmer Mohnlinien, *P. somniferum* L., erfordert zukünftig praktikable Testmethoden für Züchter und Aufsichtsbehörden. Genetische Karten sind wichtige Grundlagen für eine markergestützte Selektion. Auf der Grundlage der Kreuzung einer morphinarmen und morphinreichen Mohnpflanze und der nach Selbstung der Nachkommenschaft erhaltenen F<sub>2</sub>-Population wurde mittels RAPD- und AFLP-Analysen eine erste Kopplungskarte für Schlafmohn erstellt. Sechs morphologische Merkmale wurden während der vegetativen Entwicklung der Pflanze einschließlich der geernteten Kapsel erfasst.

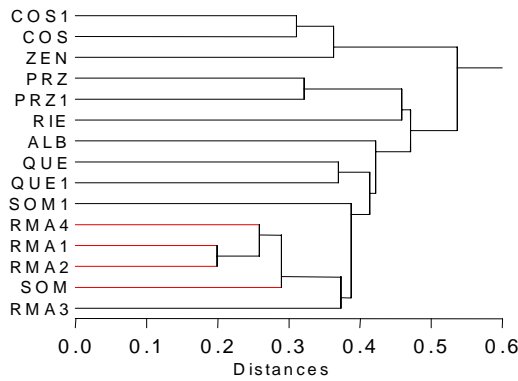


Abb.1: Dendrogramm verschiedener Mohnlinien und -Sorten (morphinarm: RMA1-4, SOM-1) basierend auf Clusteranalyse erfasster RAPD-Marker.

Fig.1: Dendrogram of different poppy lines and varieties based on cluster analysis of obtained RAPD-markers.

125 molekulare Marker wurden nachgewiesen, 77 als AFLP und 48 als RAPD-Marker. Insgesamt konnten 87 Markerloci (66 % der Gesamtanzahl) in 16 Kopplungsgruppen zusammengefasst werden (Abb. 2).

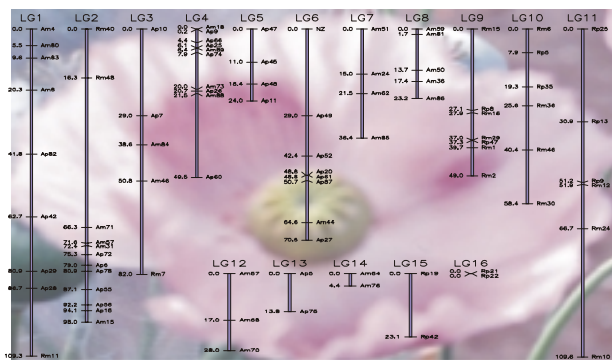


Abb. 2: Vorläufige Kopplungskarte bei *Papaver somniferum* L.

Fig. 2: Preliminary linkage map of *Papaver somniferum* L.

Das sind fünf mehr als der haploide Chromosomensatz von Schlafmohn ( $x = 11$ ). Die Kopplungsanalyse und die Konstruktion der genetischen Karte wurden mittels MAPMAKER 3.0 durchgeführt.

**Abstract:**

The development of low-morphine poppy plants, *Papaver somniferum* L., resulted in several lines with a morphine content lower than 0.01 % morphine in the dry capsule. 15 accessions of poppy including own lines were analysed by pairwise comparisons of their RAPD-patterns. The dendrogram obtained (fig.1) shows typical clusters of low-morphine poppy lines. This is an indication for the genetic differentiation of the selected lines from their ancestor as a consequence of the selection for low-morphine content.

The successful selection of low-morphine poppy varieties, *P. somniferum* L., requires a practicable verification test for breeders and board of control. Linkage maps may be

an important tool for marker assisted breeding.

An  $F_2$  population obtained from a cross between a low-morphine poppy and a high-morphine plant was investigated. The segregation of six morphological traits was detected during the vegetative phase of plant development as well as on harvested capsules. 125 molecular markers were detected, 77 as AFLP and 48 as RAPD markers. A total of 87 marker loci (66 % of the total number) were placed in 16 linkage groups, which is five more than the haploid chromosome number of opium poppy ( $x=11$ ). Linkage analysis and map construction were performed by MAPMAKER 3.0.

Dieses Projekt wird gefördert durch das Land Sachsen-Anhalt (FKZ-2482A/0086G). (BAZ-1144)

**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 (Nr. 84/1) 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 (No. 84/1) 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:**

Multiple Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierungen (FISH) mit DNA-Sequenzen von 5S- und 25S-rDNA-Genen sowie von Zwiebel-Telomeren und genomische In-situ-Hybridisierungen (GISH) der Zwiebel-Chromosomen wurden verwendet, um somaklonal bedingte Veränderungen in vegetativen Nachkommenschaften des Zwiebel-Porree-Bastards 84/1 zu untersuchen (vergl. JB 1999). Dabei zeigte es sich, dass Klonnachkommenschaften der Sublinie 84/1a2 in ihrem Karyotyp unverändert und stabil blieben (Abb. 1), während solche in der Sublinie 84/1d einen hohen Grad an Chromosomenaberrationen aufwiesen (Abb. 2).

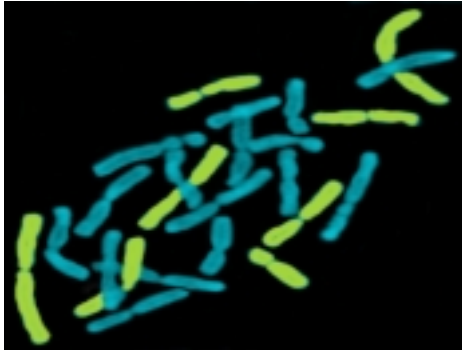


Abb. 1: Unveränderter Karyotyp in der Sublinie 84/1a2 des Bastards 84/1 (*Allium cepa* x *A. ampeloprasum*;  $2n = 3x = 24$ ) nach GISH mit allen 8 Zwiebelchromosomen (gelb/grün)

Fig. 1: Unchanged karyotype in the subline 84/1a2 of the hybrid 84/1 (*Allium cepa* x *A. ampeloprasum*;  $2n = 3x = 24$ ) after GISH with all 8 onion chromosomes (yellow/green)

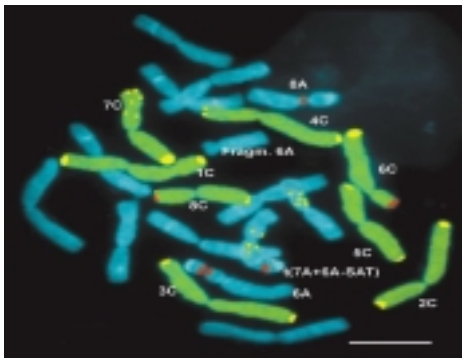


Abb. 2: Veränderter Karyotyp in der Sublinie 84/1d (Pflanze 14\_2) des Bastards 84/1 (*Allium cepa* CC x *A. ampeloprasum* AAAA;  $2n = 3x-2 = 22$ ). Mit multipler FISH von 5S rDNA (gelb) und 25S rDNA (rot) sowie Telomersequenzen (gelb), die für die Zwiebelchromosomen spezifisch sind und GISH wurden alle 8 unveränderten Zwiebelchromosomen (gelb/grün) und unter den 14 Porreechromosomen (blau) eine Translokation (7A + 6A-SAT) sowie eine Deletion (Fragment 6A) bestimmt.

Fig. 2: Changed karyotype in the subline 84/1d (plant 14\_2) of the hybrid 84/1 (*Allium cepa* CC x *A. ampeloprasum* AAAA;  $2n = 3x-2 = 22$ ). With multiple FISH of 5S rDNA (yellow) and 25S rDNA (red) as well as a telomere sequence (yellow) which is specific for onion chromosomes FISH and GISH were used for the analysis of and GISH, all 8 unchanged onion chromosomes (yellow/green) and 14 leek chromosomes (blue) with a translocation (7A + 6A-SAT) and a deletion (fragment 6A) were detected.

Von diesen Aberrationen waren nahezu ausschließlich die Porree-Chromosomen in 50 untersuchten vegetativen Nachkommen der Sublinie 84/1d betroffen. Nur eine Pflanze dieser Nachkommenschaft hatte eine Deletion im kurzen Arm des Zwiebelchromosoms 4C (Abb. 3). Erste Ergebnisse von Meioseuntersuchungen zeigen, dass auch

in den Pollenmutterzellen alle Chromosomen des Zwiebelgenoms vorhanden sind. Inwieweit sich die in der Mitose ermittelten Störungen im Porreegenom auch in der Meiose manifestieren, wird zur Zeit untersucht. In der Sublinie 84/1a4 konnte die bereits im Jahresbericht 1998 beschriebene stabile Zwiebel/Porree-Translokation (t:2Cq + 8Ap) an 10 weiteren Klonpflanzen bestätigt werden. Zur armspezifischen Markierung der Zwiebelchromosomen wurde erstmalig die C-PRINS-Technik (Cyclic primed *in situ* labelling) angewendet. Hierbei wurden Primer aus einer Satelliten-DNA-Sequenz (Barnes et al. 1985), welche überwiegend im Heterochromatin der Telomere der Zwiebelchromosomen lokalisiert ist, abgeleitet. Wie sich durch die spezifische Wahl der Zyklen und Temperaturbedingungen bei der C-PRINS zeigte, können auch interstitielle heterochromatische Bereiche der Zwiebel-Chromosomen detektiert werden, die eine zusätzliche Charakterisierung der Chromosomenarme ermöglichen. Die Etablierung der C-PRINS-Technik führte zu einer Zeitverkürzung um ca. 50 % im Vergleich zur herkömmlichen FISH-Prozedur.

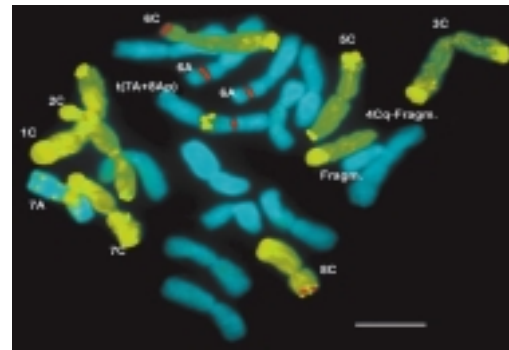


Abb. 3: Veränderter Karyotyp in der Sublinie 84/1d (Pflanze 59\_3) des Bastards 84/1 (*Allium cepa* CC x *A. ampeloprasum* AAAA;  $2n = 3x-1 = 23$ ). Mit multipler FISH und GISH (vergl. Abb. 2) wurde das Zwiebelchromosom 4C mit einer Deletion (4Cq-Fragment), eine Translokation von Porreechromosomen und ein unbekanntes Porreefragment bestimmt.

Fig. 3: Changed karyotype in the subline 84/1d (plant 59\_3) of the hybrid 84/1 (*Allium cepa* CC x *A. ampeloprasum* AAAA;  $2n = 3x-1 = 23$ ). A deletion in onion chromosome 4 (4Cq-fragment), a translocation between leek chromosomes (7A + 8Aq) and an unidentified leek fragment were detected with multiple FISH and GISH (cf. Fig.2).

#### Abstract:

Multiple vegetatively propagated plants of the onion-leek hybrid 84/1. Stable karyotypes were detected in sublines 84/1a2 (unchanged;  $2n = 3x = 24$ ) and in 84/1a4 (translocation of 2Cq with 8Ap;  $2n = 3x - 1 = 23$ ). Another subline 84/1d was karyotypically high variable preponderantly in the leek chromosomes (cf. Annual Report 1999). The technique of C-PRINS was used for detection of interstitial minor signals with primers of a satellite DNA sequence in onion chromosomes.

(BAZ-1146)

## 5. Basismaterial Basic-material

### 5.1. Entwicklung, Wuchstyp und Qualität der Kreuzungsnachkommen von Gewürz- (*Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *dulce*) und Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *vulgare*)

**Development, growth type and quality of crossbreeding progenies of sweet (*Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *dulce*) and bitter fennel (*Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *vulgare*)**

Pank, F. ; Krüger, H.

Zielsetzung/Aim:

Körnerfenchel findet sowohl als Arzneimittel als auch als Gewürz Verwendung. Im pharmazeutischen Bereich werden eine Zusammensetzung des ätherischen Öles von > 60 % trans-Anethol, > 15 % Fenchon und < 5 % Estragol und hinreichend kleine Früchte für Teeaufgussbeutel und große Früchte für offene Tees gefordert. Für Gewürzfenchel ist folgende Zusammensetzung des ätherischen Öles typisch: trans-Anethol > 80 %, Fenchon < 7,5 %, Estragol < 10 %. Sorten beider Nutzungsrichtungen sollten bei hohem Ertrag niedrigen Wuchs (< 120 cm), frühe Reife und Krankheitsresistenz aufweisen. Das Europäische Arzneibuch (EuAB) fordert für Arzneifenchel (bitterer Fenchel) einen Ätherischöl-Gehalt von 4 % und für süßen Fenchel (Gewürzfenchel) 2 %. *Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *vulgare* weist in der Regel die für Arzneifenchel typische Ätherischöl-Komposition und einen hohen Ölgehalt auf, während der Ölgehalt der Früchte von *Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *dulce* niedrig ist und in seiner Zusammensetzung zumeist den Anforderungen an Gewürzfenchel entspricht. Die angestrebten Merkmalsausprägungen frühe Reife und niedriger Wuchs sind häufiger beim Gewürz- als beim Arzneifenchel anzutreffen. Ziel der Arbeiten ist die Untersuchung der Realisierbarkeit der Kombination des hohen Ätherischöl-Gehaltes und der Ölkomposition des bitteren Fenchels mit der frühen Reife und dem niedrigen Wuchs eines Genotypes des süßen Fenchel.

Fennel fruits are used as remedy and condiment. The following composition of the essential oil is required for the pharmaceutical use: > 60 % trans-anethol, > 15 % fenchone, < 5 % estragol and adequate small fruits for tea bags and big fruits for open tees. The typical oil composition for fennel used as condiment is: > 80 % trans-anethol, < 7,5 % fenchon, and < 10 % estragol. Both fennel types should perform the following trait expression: high yield, low growth height (< 120 cm), early maturity and resistance to pests and diseases. The European Pharmacopoeia requires at least 4 % essential oil in the fruits of bitter fennel (used for medicinal purposes) and 2 % for sweet fennel (used as condiment). The bitter fennel *Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *vulgare* has an high essential oil content and an essential oil composition typical for fennel used as remedy. The essential oil content of the fruits of sweet fennel *Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *dulce* is low and the oil composi-

tion meets the requirements to fennel used as condiment. Early maturity and low growth height occur more often in sweet than in bitter fennel. The objective of the project is to investigate the feasibility of desired trait combinations in crossing progenies of bitter and sweet fennel.

Ergebnisse:

Bei der Evaluierung verschiedener Herkünfte im Jahre 1994 erwies sich eine Form des Gewürzfenchels ('*dulce*') wegen extrem früher Reife und geringer Wuchshöhe als besonders interessanter Kreuzungspartner für die Übertragung dieser Merkmale auf Arzneifenchel. 1995 und 1996 wurden reziproke Kreuzungen dieses Gewürzfencheltyps mit Arzneifenchel durchgeführt. Die Eigenschaften der Eltern sind im BAZ-Jahresbericht 1999 aufgeführt. 1998 und 1999 wurden folgende Populationen im Feldversuch verglichen: Kreuzungseltern, eine aus dem Saatgut der isoliert angebauten F<sub>1</sub> gewonnenen „Selektionspopulation“ und Familien von Elitepflanzen, die aus der Selektionspopulation ausgelesen worden waren. Im Mittel beider Kreuzungsreihen entsprachen folgende Anteile (%) der Einzelpflanzen der Familien selektierter Elitepflanzen den Anforderungen unter Berücksichtigung der folgenden Merkmale: Wuchshöhe < 120 cm (W) = 69,9 %, W + frühe Reife vor dem 15. Oktober (R) = 64,1 %, W + R + hoher Gehalt an ätherischem Öl > 4 % (Ö) = 22,8 %, W + R + Ö + < 5 % Estragolgehalt des äth. Öles (E) = 22,8 %, W + R + Ö + E + Anetholgehalt des äth. Öles (A) = 9,8 %, W + R + Ö + E + A + Fenchongehalt des äth. Öles = 6,2 %. Wie die Kreuzungsexperimente zeigen, entstehen bei der Kreuzung von frühreifem Gewürzfenchel mit niedrigem Wuchs und hochwüchsigem Arzneifenchel Nachkommenschaften, aus denen Genotypen mit der erwünschten Merkmalskombination ausgelesen werden können.

Abstract:

An accession of sweet fennel ('*dulce*' - used as condiment) proved to be particular valuable for the transmission of desired traits to bitter fennel (used as remedy) due to its low growth height and early maturity. Reciprocal crosses were carried out in 1995 and 1996 between this sweet fennel accession and bitter fennel types. The characteristics of the parents are listed in the BAZ annual report 1999. The following populations were compared in field experiments in 1998 and 1999: The crossing parents, a "selection population" resulting from the seeds of the F<sub>1</sub> generation cultivated in isolation before and families of elite plants originating from the "selection population". The following portions (% , average of both crossing experiments) of the single plants of the families of the selected elite plants complied with the requirements with respect to the following traits: growth height < 120 cm (W) = 69,9 %, W + early maturity before 15th October (R) = 64,1 %, W + R + high essential oil content > 4 % (Ö) = 22,8 %, W + R + Ö + < 5 % estragol content of the ess. oil (E) = 22,8 %, W + R + Ö + E + anethol content of the ess. oil (A) = 9,8 %, W + R + Ö + E + A + fenchone content of the ess. oil = 6,2 %. The results of the experiments reveal that the low growth height and the early maturity of sweet fennel genotype could be successfully

combined with the bitter fennel compound pattern in common progenies by crossing.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Genbank (BAZ 1134)

## 5.2. Eignung zweijähriger Kümmelsorten als mütterlicher Kreuzungspartner für die Entwicklung von Populationen des einjährigen Kümmels (*Carum carvi* L. var. *annuum hort*) mit erhöhter Variabilität qualitätsbestimmender Merkmale

Ability of biennial caraway cultivars as female parent in crossing experiments for the development of populations of annual caraway (*Carum carvi* L. var. *annuum hort*) with improved variability of quality traits

Pank, F.; Krüger, H.

Zielsetzung/Aim:

Durch die Einführung von einjährigen Kümmelformen anstelle des traditionell angebauten zweijährigen Kümmels kann die Wettbewerbsfähigkeit des einheimischen Kümmelanbaus wesentlich verbessert werden. Ein Weg zur Leistungssteigerung der heute noch unbefriedigenden Eigenschaften des einjährigen Kümmels ist die Kreuzung zweijähriger mit einjährigen Formen. Die Untersuchungen haben das Ziel, die Eignung verschiedener Sorten des zweijährigen Kümmels als mütterlicher Partner für Kreuzungsprogramme zur Erstellung von Basispopulationen für die Züchtung leistungsstarker einjähriger Kümmelsorten zu ermitteln.

The competitiveness of the domestic caraway cultivation can be considerably improved by the introduction of annual caraway instead of the traditionally in Germany cultivated biennial caraway. Crossings of biennial with annual caraway cultivars are a prospective approach for the improvement of the unsatisfactory annual genotypes available at present. The objective of the investigations is the assessment of the combining ability of different biennial caraway cultivars as female partner in crossing experiments for the creation of starting material for the breeding of high performance annual caraway varieties.

Ergebnisse:

Das Kreuzungsprogramm beinhaltet folgende Etappen: Kreuzung von zehn zweijährigen Formen mit einer einjährigen Population im ersten Jahr, Anbau der 10 Populationen der F<sub>1</sub>-Generation in Isolationen im zweiten Jahr und Vergleich der Kreuzungseltern und der aus dem Saatgut der F<sub>1</sub> gewonnenen Kreuzungsnachkommenschaften im dritten Jahr. 1997 wurden die Blüten der als mütterliche Kreuzungspartner ausgewählten zehn zweijährigen Kümmelsorten kastriert und mit dem Pollengemisch des einjährigen Kümmelstammes 'cc-715-03' bestäubt. Die Einzelpflanzen der entstehenden Nachkommenschaften wurden durch folgende Merkmale charakterisiert: Eintritt der generativen Phase und der Reife, Befall mit Krankheiten und Schädlingen, Wuchshöhe, Kornsitze, Ertrag, Besatz der Früchte mit anhaftendem Stielchen, TKM, Gehalt der Früchte an ätherischem Öl und Carvongehalt

des ätherischen Öls. Die wichtigsten Merkmale der als mütterliche Kreuzungseltern verwendeten zweijährigen Sorten und der als Pollenspender verwendeten Population des einjährigen Kümmels wurden bereits im BAZ-Jahresbericht 1998 dargestellt. Im BAZ-Jahresbericht 1999 wurde dokumentiert, dass aufgrund der offensichtlich dominanten Vererbung der Einjährigkeit fast alle Einzelpflanzen der Kreuzungsnachkommenschaften im ersten Anbaujahr blühen. In Abb. 1 ist ein eindeutiger Trend zu erkennen, der auf eine positive Korrelation des Ätherischöl-Gehaltes der als mütterliche Kreuzungspartner verwendeten 10 zweijährigen Kümmelsorten und der zugehörigen Kreuzungsnachkommenschaften hinweist.

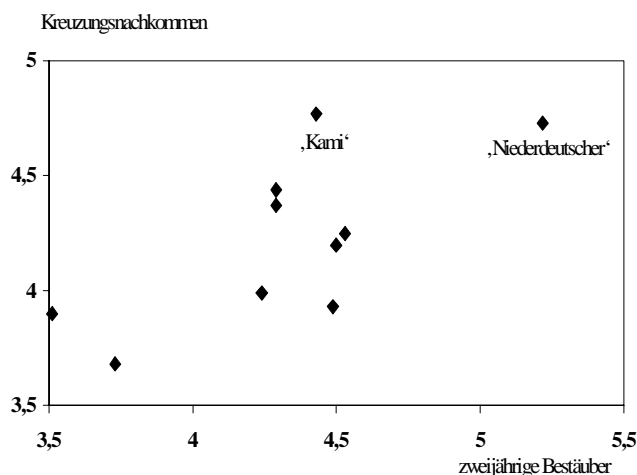


Abb. 1: Ätherischöl-Gehalt (ml/100g) der Früchte von Kreuzungsnachkommen von zweijährigem x einjährigem Kümmel

Fig. 1: Essential oil content (ml/100 g) of the fruits of crossing progenies of biennial x annual caraway

Die Ergebnisse zeigen, dass der Ätherischöl-Gehalt der Kreuzungsnachkommen vom Ölgehalt der in diesem Experiment als mütterliche Kreuzungspartner ausgewählten Sorten beeinflusst wird. Die Verwendung der Sorten 'Kani' und 'Niederdeutscher' wirkten sich besonders positiv aus.

Abstract:

The crossing experiments include the following steps: 1st year - crossing of ten biennial cultivars with an annual population, 2nd year - isolated cultivation of the ten populations of the F<sub>1</sub> generation, and 3rd year - comparison of the crossing parents and the crossing progenies originating from the F<sub>1</sub> generation seeds. The ten biennial cultivars were pollinated by a pollen mixture of the annual population 'cc-715-03'.

The single plants of the arising progenies were evaluated by the following traits: precocity, infestation by pests and diseases, growth height, shattering tendency of the fruits, yield, portion of fruits with adherent fruit stalk, thousand seed weight, essential oil content of the fruits and carvone content of the essential oil. The most important traits of the crossing partners are listed in the BAZ annual report 1998. Almost all the single plants of the crossing progenies flowered in the first year of life as demonstrated in



the BAZ annual report 1999. The above fig. 1 shows a clear trend of the positive correlation of the essential oil content of the 10 seed parents and the oil content of the related crossing progenies. The results indicate that the essential oil content of the crossing progenies depends on the oil content of the varieties used as seed parents in the crossing experiment. The seed parents 'Kami' and 'Niederdeutscher' had an particular positive influence.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Genbank (BAZ 1135)

### **5.3. *Origanum* sp. und *Salvia* sp.: Integrierte Züchtungsforschung zur Verbesserung der Homogenität und Qualität von multifunktionalen Produkten von Sekundärstoffpflanzen. Teilaufgabe: Entwicklung von Bestäuberlinien für ein Hybridsortensystem des Majorans.**

***Origanum* sp. and *Salvia* sp.: Integrated breeding research to improve homogeneity and quality of multifunctional secondary plant products. Subtask: Development of pollinator lines for a marjoram hybrid variety system**

Pank, F.; Langbehn, J.; Novak, J.; Junghanns, W.; Klocke, E.; Franke, J.

#### Zielsetzung/Aim:

Das europäische Hauptanbaugebiet des als Suppen- und Fleischgewürz genutzten Majorans liegt in der Börde nördlich des Harzes. Zur Verbesserung der Wettbewerbsfähigkeit ist die Bereitstellung leistungsfähiger Sorten erforderlich. Zielsetzung eines von der Europäischen Union geförderten Forschungsprojektes ist es zu klären, inwieweit durch die Entwicklung eines Hybridsortensystems Ertrag, Qualität und Homogenität des Rohstoffs verbessert werden können. Die BAZ hat die Aufgabe übernommen, die benötigten Bestäuberlinien durch Inzucht und Selektion zwischen und innerhalb der Populationen zu entwickeln.

The largest European cultivated area of marjoram is located in the "Börde", north of the Harz mountains. The provision of high performance varieties is necessary for the improvement of the competitiveness of this minor crop. The aim of this project - supported by the European Union - is the improvement of yield, quality and homogeneity of the marjoram drug by a hybrid variety system. BAZ is responsible for the development of the required pollinator lines by inbreeding and selection between and within populations in the frame of these investigations.

#### Ergebnisse:

Das Projekt wurde im Jahre 2000 mit der Wintergeneration des letzten Selektions- und Inzuchtzyklus der Bestäuberlinien und mit der Auswertung der 1999 in Deutschland, Frankreich und Italien durchgeführten Feldversuchserie zur Prüfung der Kombinationseignung der Bestäuberlinien und der cytoplasmatisch sterilen Genotypen abgeschlossen. Die Bewertung erstreckte sich auf folgende Merkmale: Morphologie, Entwicklung, Fertilität, Ertrag, Blattanteil des Krautes, Gehalt an ätherischem Öl,

Komponenten des ätherischen Öls (GLC) und Farbe gemäß CIELAB-System. Zusätzlich wurde am Material des Kombinationseignungstests humansensorisch die sensorische Qualität und an den Bestäuberlinien der DNA-Fingerprint mit Hilfe der RAPD-Technik bestimmt. Die Eigenleistung der Bestäuberlinien konnte durch wiederholte Zyklen von Selektion und Inzucht hinsichtlich männlicher Fertilität und Gehalt an ätherischem Öl beträchtlich gesteigert werden. Die Homogenität der Populationen nahm zu, was auch durch DNA-Analysen mit Hilfe der RAPD-Technik nachgewiesen werden konnte. Die Selektion auf Ertrag konnte die erwartete Inzuchtdepression kompensieren. Die generelle und spezielle Kombinationseignung lag sowohl im negativen als auch im positiven Bereich und nahm sehr unterschiedliche Ausmaße an. Sie wurde in starkem Maße vom speziellen Genotyp bestimmt. Heterosiseffekte waren beim Ertrag aber insbesondere auch beim Gehalt an ätherischem Öl zu verzeichnen.

#### Abstract:

The research project has been finished in 2000 after the completion of the winter generation of the last selection and inbreeding cycle of the pollinator lines and after the evaluation of the field experiment series of the combination ability test of the pollinator lines and the cytoplasmatic male sterile seed parent lines carried out in Germany, France and Italy in 1999. The per se performance of the pollinator lines could be improved by repeated cycles of selection and inbreeding concerning the male fertility and the essential oil content. The homogeneity of the populations was increased. This could be confirmed also by DNA analysis using the RAPD technique. The selection towards high yield could compensate the expected inbreeding depression. The general and special combining ability had positive and negative values, a very variable dimension and they were strongly genetically controlled. Heterosis effects of the yield but in particular of the essential oil content could be observed.

In Zusammenarbeit mit: Veterinärmedizinische Universität Wien, Institut für Angewandte Botanik, Ch. Franz, J. Novak; N. L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH Erfurt, W. D. Blüthner; Hochschule Anhalt (FH), Bernburg, D. Hanrieder, M. Hirschfelder, W. Schnäckerl, A. Schröder und S. Kühne; Hochschule Anhalt (FH), Köthen, C. Griehl, C. Grewe, Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Genbank (BAZ-1148, EU - FAIR3-CT96-1914)

**5.4. Welkebefall verschiedener Akzessionen des Johanniskrautes (*Hypericum perforatum* L.), genotypische Varianz und Umweltinteraktion wertbestimmender Inhaltsstoffe, agronomischer Merkmale und des Cadmiumgehaltes**

**Wilt infestation of different accessions of Saint John's Wort (*Hypericum perforatum* L.), genotypic variance and environment interaction of important compounds, agronomic traits and of the cadmium content**

Pank, F.; Foltys de Garcia, E.; Scholze, P.

**Zielsetzung/Aim:**

Johanniskrautzubereitungen haben in den letzten Jahren erhebliche Anteile des Marktes natürlicher Antidepressiva gewonnen. Der sprunghaft angestiegene Rohstoffbedarf erfordert die Bereitstellung leistungsfähiger Sorten, die sich durch agrotechnische Eignung und hohen Wirkstoffgehalt auszeichnen. Aufgrund der hohen Ertragsausfälle kommt der Widerstandsfähigkeit gegen die Johanniskrautwelke besondere Bedeutung zu. Das Ziel der Untersuchungen ist die Gewinnung von Donoren angestrebter Merkmalsausprägungen aus einer umfangreichen Sammlung verschiedener Akzessionen des Johanniskrautes mit dem Schwerpunkt der Welkeresistenz.

Saint John's Wort based preparations have gained a considerable share of the market of antidepressive medicines during the last years. The increased demand for Saint John's Wort vegetable drug requires high performance varieties with agricultural fitness, high content of important compounds and - in particular - with resistance against the wilt, which causes severe yield losses. The objective of the investigations is to derive genotypes from a large collection of different Saint John's Wort accessions as donors for valuable trait expressions putting emphasis on wilt resistance.

**Ergebnisse:**

1998 wurde ein Feldversuch als Versuchsserie an 4 Standorten in Deutschland mit 57 verschiedenen Akzessionen angelegt. Ca. 80 Herkünfte wurden zusätzlich am Standort Quedlinburg in einem Sichtungsversuch evaluiert. Die Akzessionen wurden in den Jahren 1998 und 1999 im 1. und 2. Standjahr bewertet. Die zusammenfassende statistische Auswertung erfolgte im Jahre 2000. In die Auswertung wurden folgende Merkmale einbezogen: TKM des Saatgutes, generative Phase, Verzweigung, Blattform, Stängelfärbung, Standfestigkeit, Wuchstyp, Bestandshöhe, Ausdehnung des Blütenhorizontes, Welkebefall, Ertrag, pharmakologisch bedeutende Inhaltsstoffe, Cadmiumkontamination der Droge und Ausprägung der Apomixie. Die meisten der geprüften Merkmale wiesen eine starke genotypische Variabilität auf, so dass gute Voraussetzungen für die züchterische Bearbeitung bestehen. Die Leistung der Akzessionen änderte sich in Abhängigkeit vom Standort beträchtlich. Die Merkmalsausprägungen differierten in starkem Maße im 1. und 2. Anbaujahr. Die Auswertung der Versuchsserie ergab eine statistisch gesicherte Umwelt-Genotyp-Interaktion der meisten Merkmale. Wie bei anderen Arten ist deshalb auch bei Johanniskraut die Züchtung an den Standort angepasster Sorten erforderlich. In einem zweiten For-

schungsprojekt werden in der Folgezeit aus den leistungsfähigsten Populationen Linien entwickelt und Kreuzungsexperimente zur Übertragbarkeit wesentlicher Merkmale durchgeführt.

**Abstract:**

A field experiment series with 57 accessions has been established at 4 locations in 1998. About 80 accessions have been tested in addition by a screening without repetitions only on the experimental field in Quedlinburg. The accessions were evaluated in 1998 and 1999 in the first and the second year of cultivation. The comprising statistical evaluation was performed in 2000. The following characteristics were evaluated: thousand seed weight, precocity level, ramification, leave shape, stem colour, resistance to lodging, type of the growth, plant height, extent of the flower horizon, infestation by wilt, yield, pharmacological important compounds, cadmium contamination of the herbal drug and the apomixis level. It can be concluded, that there is a large genetic variation of the most characteristics as a good prerequisite for the improvement by breeding. The performance of the accessions was strongly dependent from the location. The trait expression varied considerably in the first and second year of cultivation. The evaluation of the experimental series revealed a statistically approved environment-genotype-interaction of most of the investigated traits. Therefore also St. John's Wort - similar to other crops - needs special varieties adapted to the particular conditions of certain regions. The aim of a succeeding second research project are the development of breeding lines from the best accessions and crossing experiments to investigate the possibilities for the transmission of important traits.

In Zusammenarbeit mit: Zentralinstitut für Arzneimittelforschung der Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e.V., Sinzig, F. Ahuis; N. L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH, Erfurt, W. D. Blüthner; Staatl. Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau, Bad Neuenahr - Ahrweiler, M. Dehe; Salus-Haus Natur-Arzneimittel, Bruckmühl/Mangfall, E. Schneider; BAZ, Genbank Braunschweig, L. Frese; Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, F. Matzk; Institut für Lebensmittel- und Umweltforschung e. V., Bergholz-Rehbrücke, G. Koball  
(BAZ-1149, FNR - 97NR135-F)

### 5.5. Evaluierung von Petersilienherkünften (*Petroselinum crispum*) auf Resistenz gegenüber *Septoria petroselini* und ihr Bezug zu Bestandteilen ätherischer Petersilienöle

#### Evaluation of parsley (*Petroselinum crispum*) accessions for resistance to *Septoria petroselini* with reference to components of the essential oils

F. Marthe, P. Scholze, H. Krüger

#### Zielsetzung/Aim:

In die intensive Suche nach Trägern von Resistenz gegen *Septoria petroselini* in Petersilie (*Petroselinum crispum*) wurden weitere Herkünfte einbezogen. Die Ergebnisse der Klimakammertests wurden in einem Freilandtest überprüft. Für Blätter und Samen von Pflanzen aus Resistenztests werden die Mengen und Zusammensetzungen des ätherischen Öls bestimmt.

Intensive search for sources of resistance to *Septoria petroselini* in parsley (*Petroselinum crispum*) was continued. Results of climate chamber tests were checked in experimental field tests. Amount and composition of essential oils will be determined for leaves and seeds.

#### Ergebnisse:

Aus Klimakammertests auf Resistenz gegenüber dem bedeutendsten Schaderreger bei Petersilie, dem Pilz *Septoria petroselini*, lagen Resistenzbewertungen für eine Vielzahl von Petersiliensorten und Genbankherkünften vor. Absolute Befallsfreiheit wurde nicht gefunden. Neben hochanfälligen Formen gab es im geprüften Material aber auch Formen mit deutlich verringerter Anfälligkeit. Ein hieraus zusammengestelltes Sortiment mit den geringer anfälligen Herkünften und hochanfälligen Herkünften als Anfälligkeitsstandard, wurde im Freiland geprüft. Ziel war es, die Ergebnisse der Klimakammertests unter Freilandbedingungen zu verifizieren. Die Freilandprüfung wurde als Blockanlage mit Wiederholungen, zweijährig am Standort Quedlinburg vorgenommen. Die Infektion der Versuche erfolgte durch natürlichen Befall. Mehrmaliges Bonitieren der Versuche ermöglichte für jedes Prüfglied den Befallsverlauf festzustellen. Für die Bonituren wurde die Skala von 0 bis 9 verwendet, wobei 0 für Befallsfreiheit steht. Die Boniturstufen 0 und 1 wurden als resistent gewertet.

In beiden Freilandversuchsjahren gab es eine deutliche Differenzierung zwischen den geprüften Herkünften hinsichtlich der Befallsstärke durch *S. petroselini*. Die Herkünfte mit dem geringsten Befall wiesen am Ende der Vegetationsperiode Boniturnoten zwischen 0 und 1 auf, während die Anfälligkeitsstandards überwiegend mit 7 bewertet wurden. Höhere Noten als 7 wurden nicht vergeben, da die Pflanzen auch bei voller Anfälligkeit nicht aufgrund des Schaderregerbefalls abstarben. Die beiden Versuchsjahre wurden mit Hilfe eines Rangkorrelations-testes nach Spearman in Beziehung gesetzt. Der Rangkorrelationskoeffizient  $r_s$  beträgt 0,67. Bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 1 % ist dieser Wert signifikant für den gleichgerichteten Zusammenhang zwischen beiden Versuchsjahren, d.h. die Ergebnisse der Resistenzbewertung sind reproduzierbar. Dies gilt ebenfalls für den Klimakammertest. Die Herkünfte mit dem geringsten bzw. höchsten Befall in der Klimakammer reagierten im Frei-

landtest ebenso.

Mit dem beschriebenen Material ist es erstmals gelungen, Resistenz gegenüber *S. petroselini* in Petersilie sicher zu bestimmen.

Für die nach jeder Bonitur geernteten Blätter aller Versuchsglieder sowie deren Samen werden in beiden Versuchsjahren die Menge des ätherischen Öles und dessen Zusammensetzung bestimmt.

#### Abstract:

In intensive tests for resistance of parsley to *S. petroselini* several accessions resulted with lower susceptibility. In a following two-year-test under field conditions, these accessions showed in a resistance level of 0 (without lesions) to 1 (highly resistant). Fully susceptible varieties which were used as standard showed strong infection with *S. petroselini*. In this way, clear resistance to *S. petroselini* could be demonstrated for the first time.

In Zusammenarbeit mit: Kießling, D., Landessortenversuchswesen Sachsen-Anhalt, Quedlinburg; (BAZ-1138)

### 5.6. Erschließung neuer Variabilität für den Gemüsekohl (*Brassica oleracea*) aus Regeneraten somatischer Hybriden sowie sexuell erzeugten Art- und Gattungsbastarden innerhalb der Familie *Brassicaceae*

#### Acquirement of new variability for cabbage (*Brassica oleracea*) from interspecific and intergeneric somatic hybrids as well sexual developed bastards in *Brassicaceae*

F. Marthe, P. Scholze, R. Krämer, U. Ryschka, E. Klocke, G. Schumann und S. Kecke

#### Zielsetzung/Aim

Aus umfangreichem Bastardmaterial der Kombination Gemüsekohl (*Brassica oleracea*) und verschiedener Arten innerhalb der Gattung *Brassica* wie auch darüber hinaus sollen wertvolle Resistenzen für die Art *B. oleracea* erschlossen werden. Hierfür muss jeweils die hochgradige Bastardsterilität (ggf. unter Nutzung von Embryokulturtechniken) überwunden werden. Die Prüfung der Resistenzausprägung in den Nachkommen ist die Voraussetzung für Selektionsentscheidungen mit dem Ziel der Wiederannäherung an *B. oleracea*. Hierzu dienen auch zytologische Untersuchungen des Materials.

Resistances important for cabbage (*Brassica oleracea*) will be acquired from extensive interspecific and intergeneric somatic hybrids as well as sexually developed hybrids. For this, it has to overcome the high sterility of the hybrids, if necessary by using of techniques for embryo rescue. Resistance characterization of the progenies for selection to approach on *B. oleracea*. To reach this aim cytological investigations are also useful.

Ergebnisse:

Für die Arbeiten zur Erschließung neuer Resistenzen für den Kohl standen Pflanzenpopulationen aus Nachkommenschaften der Protoplastenfusion von *B. oleracea* mit Schwarzem Senf (*B. nigra*), Abessinischem Senf (*B. carinata*), Sarepta oder Indischem Senf (*B. juncea*), Rettich (*Raphanus sativus*) und Weißem Senf (*Sinapis alba*) zur Verfügung.

An den Nachkommenschaften wurden mehr als 17000 Rückkreuzungen mit Kohl und fast 900 Selbstbestäubungen vorgenommen. Aus den Rückkreuzungen resultieren 190 Samen und 76 Pflanzen, die mit Hilfe der Embryokultur erzeugt wurden. Die aufgrund teilrestaurierter Fertilität in einem Teil des Materials in deutlich geringerem Umfang ausgeführten Selbstungen führten zu 52 Korn und 98 mit Hilfe der Embryokultur erzeugten Pflanzen. Wo immer möglich wurde Saatgut mit Hilfe isoliert abgeblühter Blütentriebe erzeugt.

In Resistenztests an mehr als 150 Einzelpflanzen aus den unterschiedlichen Materialgruppen wurden je Einzelpflanze an 10 bis 12 Klonpflanzen die Resistenzreaktionen auf die zu prüfenden Phytopathogene getestet. Im Fall der fünften Nachkommenschaftsgeneration, die auf eine Protoplastenfusion von *B. oleracea* mit *B. nigra* zurück geht, wurden folgende Erreger geprüft: Kohlhernie (*Plasmiodiophora brassicae*), (*Phoma lingam*) – getrennt geprüft als Blattfleckenreger und als Erreger der Fussvermorschung – und Schwarzadrigkeit (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*). Der Anteil von Einzelpflanzen mit Resistenz gegenüber dem Bakterium *X. c. campestris* lag bei ca. 61 %, gegenüber den pilzlichen Phytopathogenen *P. brassicae* bei ca. 66 % und *Ph. lingam*, getestet am Stengel bzw. am Blatt bei ca. 13 % bzw. ca. 51 %. Resistenz gegenüber dem Kohlschwarzringfleckenvirus *Turnip mosaic virus* TuMV wurde in diesem Material nicht gefunden.

Die zweite Nachkommenschaftsgeneration des *Raphanobrassica*-Materials, hervorgegangen aus der Protoplastenfusion von *B. oleracea* und *R. sativus*, wies bei ca. 84 % der geprüften Einzelpflanzen Resistenz gegenüber TuMV auf. Für *P. brassicae* wurde Resistenz bei ca. 40 % und für *Ph. lingam*, getestet am Stengel bei ca. 18 % bzw. getestet am Blatt bei ca. 73 % der getesteten Einzelpflanzen festgestellt. Resistenz gegenüber *X. c. campestris* liegt in diesem Material nicht vor.

ersucht, durch weitere Rückkreuzungsschritte das Material unter Beibehaltung neuer Resistenzen weiter an *B. oleracea* anzunähern.

Der Aufbau eines Datenbanksystems wurde begonnen, um die in unterschiedlichen Arbeitsgruppen gewonnenen Resistenzdaten effektiv zu verwalten.

Abstract:

For amplification of the genetic base of *Brassica oleracea* by introgression of resistance genes a material derived from regenerates of protoplast fusion progenies were available of the following combinations: *B. oleracea* with black or true mustard (*B. nigra*), Abyssinian mustard (*B. carinata*), Indian or Brown mustard (*B. juncea*), radish (*Raphanus sativus*) and white mustard (*Sinapis alba*), respectively. By intensive back crossing and self pollination a partly fertile material in the case of F<sub>5</sub> generation of

combination *B. oleracea* and *B. nigra* was developed. It contains resistances to following pathogens: clubroot (*Plasmiodiophora brassicae*), *Phoma lingam* – separately tested for leaf spots and for black leg - and black rot (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*). In F<sub>2</sub> generation of *Raphanobrassica* from combination of *B. oleracea* and *R. sativus* new resistances were found to *Turnip mosaic virus* TuMV, *P. brassicae*., *Ph. lingam* – separately tested for leaf spots and black leg. A data base system is in construction to manage different resistance results.

In Zusammenarbeit mit: E. Griesbach, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, O. Schrader, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg; (BAZ-1139)

### 5.7. 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 cytoplasmatischen 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 fremden 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 an alien cytoplasm.

Ergebnisse:

Die Zwiebel-Porree-Artbastarde besitzen neben dem S-Cytoplasma der Zwiebel auch noch deren Kerngenom. Um dieses zu eliminieren, wurden die Bastarde mehrfach mit Porreepollen rückgekreuzt. Ab der zweiten Rückkreuzung des Zwiebel-Porree-Bastards 99/1-94 mit Porree verringerte sich die mittlere Anzahl der verbliebenen Zwiebel-Chromosomen. Es traten neben Mehrfachadditionen erstmals auch monosome Additionen von Zwiebel-Chromosomen in Porree sowie die gesuchten alloplasmatischen Porreepflanzen, die keine Zwiebel-Chromosomen mehr enthalten, auf. Durch vegetative Erhaltung und Vermehrung der BC<sub>1</sub>-Pflanzen konnte die zweite Rückkreuzung mit größerem Umfang durchgeführt werden, um eine ausreichend breite experimentelle Grundlage zu erzielen. Außerdem wurde mit der dritten Rückkreuzung

an BC<sub>2</sub>-Pflanzen mit bereits reduzierter Anzahl von Zwiebelchromosomen begonnen. Der Samenansatz war deutlich höher als in der zweiten Rückkreuzung. Alle Pflanzen wurden über eine In-vitro-Kultur von befruchteten Samenanlagen erhalten. Von 154 erzeugten Pflanzen wurden 84 in Erdkultur weitergeführt. Davon erwiesen sich nach cytologischen (GISH) und molekularen Analysen (RAPD) 47 Pflanzen als alloplasmatische Porreegenotypen. Diese wurden einer In-vitro-Vermehrung unterzogen, so dass einige Hundert Jungpflanzen vorliegen. Mit dieser Materialbreite kann das generative Verhalten und andere züchterisch wichtige Eigenschaften des neuartigen Ausgangsmaterials untersucht werden.

Von den 8 möglichen Additionen einzelner Zwiebelchromosomen an Porree wurden bisher 7 nachgewiesen. Mit Hilfe einer kompletten Serie monosomer Zwiebel-Chromosomenadditionslinien können Gene und genetische Marker den Kopplungsgruppen und Chromosomen der Zwiebel zugeordnet werden. Neben Pflanzen mit addierten Zwiebelchromosomen entstanden Rückkreuzungspflanzen mit chromosomalen Aberrationen, insbesondere intergenomischen Translokationen, die auf die meiotische Inbalance des Bastardmaterials zurückzuführen sind. Damit ergibt sich ein potentieller Weg für den Transfer züchterisch interessanter Gene zwischen den *Allium*-Arten Zwiebel und Porree.

Up to now, seven of the eight single onion chromosome additions to leek were obtained. The new genotypes were vegetatively propagated for further investigation of their generative behaviour and other characters.

In Zusammenarbeit mit: Carl Sperling GmbH & Co., Lüneburg, Julius Wagner GmbH, Heidelberg (BAZ-1147)

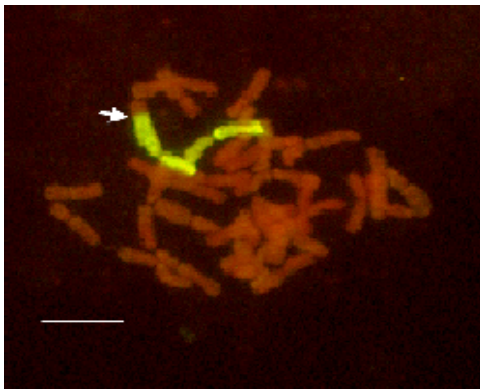


Abb. 1: Mitose-Zellkern einer Porreepflanze (*A. ampeloprasum*) mit zwei addierten Chromosomen von *A. cepa* (gelb), davon ein intergenomisches Translokationschromosom (Pfeil); nach genomischer In-situ-Hybridisierung (GISH)

Fig. 1: Mitotic nucleus of a leek plant (*A. ampeloprasum*) with two added chromosomes of *A. cepa* (yellow), from which one is an intergenomic translocation chromosome (arrow); after genomic in situ hybridization (GISH)

**Abstract:**

After second and third backcrosses of interspecific onion-leek hybrids (*A. cepa* x *A. ampeloprasum*) to leek more than 150 plants developed and were analyzed for the number of remaining chromosomes of *A. cepa*. Among the 84 plants transferred to soil, 47 plants were alloplasmic leeks as revealed by cytological (GISH) and molecular (RAPD) analyses.

# Institut für Qualitätsanalytik

## Institute of Quality Analysis

Quedlinburg

Die Aufgaben des Instituts für Qualitätsanalytik, als querschnittsorientierte Einrichtung innerhalb der BAZ, sind vorrangig auf die Qualitätsforschung bei Medizinal- und Gewürzpflanzen sowie bei Obst- und Gemüsekulturen einschließlich der qualitätsbestimmenden Inhaltsstoffe im Wein ausgerichtet. Die Themenstellungen der zu bearbeitenden Projekte beziehen sich dabei hauptsächlich auf diejenigen inhaltsstofflichen Pflanzenmerkmale, die überwiegend genetisch kontrolliert werden. Dennoch werden in der Regel auch standortbedingte und jahreszeitliche Einflüsse mit betrachtet, um die Auswirkungen anbaubedingter Parameter wie Klima, Bodenverhältnisse und Düngung etc. auf die jeweiligen Inhaltsstoffprofile entsprechend einschätzen zu können. Weitere Zielsetzungen bestehen darin, Wechselwirkungen zwischen verbesserter Resistenz gegenüber unterschiedlichen Schaderregern und Pathogenen sowie erhöhter Expression spezifischer Pflanzeninhaltsstoffe detailliert zu erforschen. In diesem Zusammenhang wird insbesondere versucht, ein besseres Verständnis für die Biogenese spezifischer Komponenten, die von Resistenzgenen exprimiert werden, zu erlangen.

Ein Schwerpunkt der im Institut durchgeführten Forschungsarbeiten orientiert sich auf die Verbesserung des Genusswertes bei Obst- und Gemüse-Neuzüchtungen. Für einige spezielle Anwendungsgebiete wie beispielsweise der Züchtung von Nahrungspflanzen, einschließlich der Qualitätssicherung und Prozesskontrolle, liefert die heute sehr leistungsfähige Aromanalytik prinzipiell zwar wichtige Zusatzinformationen, sie setzt aber unbedingt auch die Verfügbarkeit von einfachen und robusten Messmethoden voraus. Für diese Anwendungen ist charakteristisch, dass oft nur ein kleiner Anteil der flüchtigen Fraktion oder sogar nur einzelne Substanzen (sogenannte „flavour impact compounds“ und „off-flavour“-Komponenten) von Interesse sind. Häufig besteht in diesem Zusammenhang die Aufgabe lediglich darin, das Aromamuster einer Probe mit der eines Standards (z. B. einer Standardsorte bzw. einer Standardtechnologie) zu vergleichen. Eine detaillierte Identifizierung und Quantifizierung einzelner Aromasubstanzen ist in diesem Zusammenhang oftmals nicht gefordert.

Die Entwicklung von Sensorarrays in Kombination mit multivariaten statistischen Auswertemethoden, sogenannten elektronischen Nasen, die auf der Basis unterschiedlicher physikalischer Prinzipien die Wirkungsweise des menschlichen Geruchssinnes (Detektion, Signalverarbeitung und Erkennung/Interpretation) nachahmen, trägt dieser speziellen Problemstellung in besonderer Weise Rechnung. Am Institut für Qualitätsanalytik wurde deshalb bei der Entwicklung von Aroma-Schnellmethoden auf die Detektion mit Hilfe von bewährten und bekanntermaßen langzeitstabilen Sensoren zurückgegriffen. Im Ergebnis der Testungen an so unterschiedlichen Kulturarten wie Erdbeeren, Melonen, Tomaten, gekochten Kar-



Abb. 1: Die Festphasen-Mikroextraktion (SPME) ist eine innovative Probenvorbereitungsmethode mit deren Hilfe flüchtige, wertgebende Inhaltsstoffe effizient isoliert und angereichert werden können.

Fig. 1: Solid phase microextraction (SPME) is an innovative sample preparation technique used for the efficient isolation and enrichment of volatile, valuable components.



Abb. 2: Die Züchtung von Erdbeeren mit ausgezeichneter sensorischer Qualität erfordert leistungsstarke Analysenmethoden.

Fig. 2: Breeding of strawberries with an excellent sensory quality requires effective analytical methods.

toffeln und Wein kristallisierten sich dabei zwei Methoden als praktikabel heraus: a) die Kombination der Probenahme mittels Headspace-SPME (Abb. 1) mit der MS-Detektion ohne gaschromatographische Trennung (MSnose) und b) die Kombination der Fast-GC mit anschließender Mustererkennung ohne Peakidentifi-

zierung. Für die Signalverarbeitung wurde eine kommerziell erhältliche Chemometriesoftware genutzt. Der massenspektrometrische Sensor kam für Untersuchungen an Erdbeeren zur Anwendung, wobei der Sensoroutput mit Daten der Humansensorik korreliert werden konnte (Abb. 3).

Der Einfluss von Nacherntebehandlungen an Melonen auf die Aromastoffe wurde ebenfalls mit dem MSsensor untersucht. Ein besonderer Vorteil der MSnose ist die Möglichkeit der vollständigen Automatisierung des Analysenprozesses; die Probenvorbereitung beschränkt sich damit lediglich auf die Herstellung eines stabilisierten Fruchthomogenisates. Die Fast-GC ohne Peakidentifizierung wurde mit Erfolg zur Sortencharakterisierung an Extrakten aus gekochten Kartoffeln angewendet.

Mit den entwickelten Methoden zur effektiven Analytik der sensorischen Qualität liegen erstmals praktikable und effektive Verfahren zur Kontrolle eines wichtigen Bestandteil der sensorischen Qualität, des Aromas, vor. Die neu entwickelte Methode konnte bereits im Rahmen einer bilateralen Forschungs Kooperation mit Israel erfolgreich eingesetzt werden. Die in Israel kultivierten Früchte wurden schonend aufbereitet und in Form stabilisierter Fruchtpulpen nach Quedlinburg übersandt. Hier wurden die authentischen Aromaprofile der einzelnen Proben mit der beschriebenen Aroma-Schnellmethode analysiert und auf Basis der Anbau-, Lagerungs- und Sortencharakteristika interpretiert.

Vom 10. bis 13. April 2000 fand in Eisenach das 6. Internationale Wartburg-Aroma-Symposium statt, das in diesem Jahr unter Beteiligung von Wissenschaftlern des Instituts für Qualitätsanalytik organisiert wurde. Das Wartburg Symposium versteht sich traditionell als Forum zur Diskussion zentraler und neuer Probleme der Aromaforschung und als Podium für benachbarte Disziplinen. In diesem Jahr nahmen 86 Fachkollegen aus 16 Ländern an der Veranstaltung teil. Mitarbeiter des Institutes hatten auf dieser Tagung Gelegenheit neueste Ergebnisse der Forschung auf dem Gebiet der Humansensorik und der Aromaanalytik (Entwicklung von Schnellmethoden) vorzustellen.

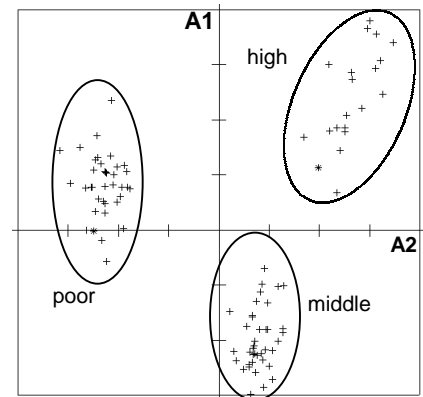


Abb. 3: Aromamonitoring bei Erdbeeren mit unterschiedlichen sensorischen Eigenschaften. Die Mustererkennung einer massenspektrometrischen Nase (MSnose) wurde mit Ergebnissen der humansensorischen Testung korreliert (poor: geringes Aroma; middle: durchschnittliche Aromaqualität; high: sehr aromatische Erdbeeren).

Fig. 3: Aroma monitoring on strawberries with different sensoric properties. The pattern recognition of a mass spectrometric nose (Msnose) was correlated with the results received by human sensoric tests (poor: poor aroma; middle: acceptable aroma quality; high: strawberries with strong aroma).

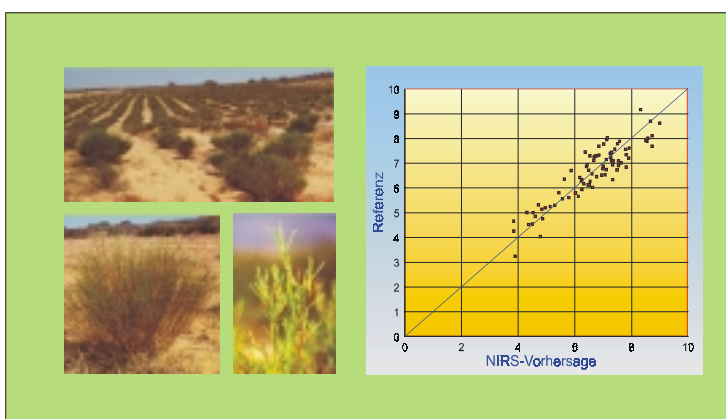


Abb. 4: Bestimmung der wertgebenden Inhaltsstoffe in unfermentiertem Rooibostee mit Hilfe der NIRS

Fig. 4: Determination of the valuable components in unfermented rooibos tea by NIRS

Für das Bundessortenamt wurden im Rahmen der Wert- und Registerprüfung wieder umfangreiche analytische Untersuchungen an unterschiedlichen Medizinal- und Gewürzpflanzen (Thymian, Majoran, Petersilie und Ysop) durchgeführt. Außer den klassischen Analysemethoden wie Hydrodestillation und Gaschromatographie konnten hierbei auch wieder zerstörungsfreie NIRS-Schnellmethoden nutzbringend eingesetzt werden (Abb. 4). Nachdem nunmehr für mehrere in Europa angebaute Medizinal- und Gewürzkräuter leistungsfähige NIR-Kalibrationen der wichtigsten Wertkomponenten vorliegen und im

Fall von Kümmel- und Fenchelfrüchten bereits routinemäßig mehrere Tausend Muster/Jahr vermessen werden, orientiert sich der Schwerpunkt der Forschungsarbeiten in diesem Bereich auf den Aufbau eines NIR-Netzwerkes. Die in diesem Zusammenhang relevanten Informationen können auf

einer speziellen Internet-Seite ([www.pirnet.bafz.de](http://www.pirnet.bafz.de)) nachgelesen werden; auch über die aktuellen Forschungsergebnisse wird an dieser Stelle berichtet. Weitere Zielstellungen bestehen darin, mit Hilfe eines neuerdings verfügbaren mobilen NIR-Spektrometers Kalibrationen zu erstellen, die insbesondere bei der Vorhersage des geeigneten Erntezeitpunktes und der gezielten Selektion inhaltsstofflich besonders geeigneter Wildtypen aus der Natur herangezogen werden können.

Within the BAZ, the „Institute of Quality Analysis“ is mainly occupied with quality research in the field of medicinal and aromatic plants as well as fruit and vegetable cultivars including the determination of valuable components in wine. In this context main emphasis of research work is laid on the analytical and sensoric characterisation especially of those plant substances which are predominantly controlled by the genetic background. Nevertheless also individual locations and seasonal influences are regarded in order to get a more precise impression in which way cultivation parameters like climate, soil and fertilization influence the amount of individual plant constituents. Other aims are to find out correlations between improved resistance against various pathogens and increased expression of specific plant substances in detail. In this context there are attempts to get a deeper knowledge of the biogenesis of specific compounds, which are expressed by resistance genes.

One main topic of the research programme is focused on the support of breeding activities to develop new fruit and vegetable varieties with improved healthy value. On one side the sophisticated aroma analysis of today supplies useful additional information for special applications as for instance breeding of food plants, including quality assurance and in-process control, but on the other side this presupposes that simple and robust analytical methods are available. For these applications it is characteristic that frequently only a small part of the volatile fraction or even only some single substances (so-called „flavour impact compounds“ and „off-flavour components“) are of interest. Usually, the task is to compare the aroma pattern of an unknown sample with those of an existing standard (e.g. a standard variety or a standard technology). Generally, in this context a more detailed identification of individual aroma substances and quantification is not necessary.

The development of sensory arrays in combination with multivariate statistical algorithms, the so-called „electronic noses“, which are working in a similar way as the human sense of smell on the basis of different physical principles (detection, signal processing and recognition/interpretation), takes this problem specially into consideration. Therefore the Institute of Quality Analysis decided to use only approved stable sensor systems for the development of fast aroma analysis methods. As a consequence of an extensive test programme on different cultivated plants as strawberries, melons, tomatoes, cooked potatoes and wine only two methods were found to be practicable: a) a combination of sampling by headspace SPME (fig. 1) with MS detection without performing a GC separation (Msnose) and b) a combination of fast GC with subsequent pattern recognition without peak identification. Signal processing was performed by a commercially available chemometric programme. The mass spectrometric sensor was applied for strawberry studies, in which the sensor output was correlated with the data of the human sensory (fig. 3). Furthermore, postharvest influences on the aroma profile in melons were studied by the MS sensor. A special advantage of Msnose is that the whole analysis process may be automatised; therefore sample pre-treatments can be reduced to the preparation of a stabilized fruit homogenate. For the differentiation of varieties from extracts of cooked potatoes the fast GC method without peak identification was successfully applied. This is the first time that the advantages of these efficient and practicable methods for aroma analysis are described. In the frame of a bi-national cooperation project the newly developed methods have been already successfully applied. Fresh fruits, cultivated in Israel, were prepared with care and transferred as stabilized fruit pulps to Quedlinburg. Here, the authentic aroma profiles of the individual samples were measured and influences of cultivation, storage as well as varieties were interpreted, applying the aroma analysis method described above.

This year the „6<sup>th</sup> International Wartburg-Aroma-Symposium“ (10<sup>th</sup> to 13<sup>th</sup> April) in Eisenach was partly organized by scientists of the Institute of Quality Analysis. The Wartburg Symposium is well accepted as a traditional forum for the discussion of central and new problems in aroma research



and as a platform for neighbouring disciplines; this year 86 colleagues coming from 16 countries participated. Scientists of the institute took the advantage to present latest results in the field of human sensory and aroma analysis (development of rapid methods).

Also in this year numerous analyses were performed on different medicinal and spice plants (thyme, marjoram, parsley, and hyssop) on behalf of the Federal Office of Plant Varieties. Beside the classical analysis methods like hydro-distillation and gas chromatography also non-destructive NIRS rapid methods were used. Since now efficient NIR calibrations are available for the most valuable components in several medicinal and spice plants cultivated in Europe and in the case of fennel and caraway several thousands of samples are measured every year by routine, research activities now concentrate on the construction of a NIR network. In this context all relevant information can be received from a special website ([www.pirnet.bafz.de](http://www.pirnet.bafz.de)); also latest research results are reported here. Other aims are to develop calibrations for mobile NIR spectrometer systems in order to predict the optimal harvest time and to select wild plants from nature equipped with highest amounts of special secondary substances.

## 1. Obstkulturen Fruit cultivars

### 1.1. Evaluierung von decaploiden *Fragaria*-Linien sowie *Fragaria*-Wildformen hinsichtlich flavour- bestimmender Inhaltsstoffe Evaluation of the flavour determining com- pounds in a decaploid *Fragaria* population and in *Fragaria* wild species.

Hoberg, E.; Ulrich, D.

#### Zielsetzung/Aim:

„Spadeka“, „Florika“, „Annelie“ und „Sara“ sind die bisher zugelassenen decaploiden *Fragaria*sorten, die zur *F. x vescana*-Art gehören, welche sowohl das *F. ananassa*-, als auch das *F. vesca*-Genom besitzt. Darüber hinaus existieren in der Genbank Obst (Dresden-Pillnitz) wertvolle *Vescana*-Linien. Diese Genotypen wurden 2000 neben bekannten oktaploiden Sorten (Mieze Schindler, Senga Sengana und Elsanta) sowie *F. virginiana* und *F. vesca* angebaut und sensorisch bewertet.

„Spadeka“, „Florika“, „Annelie“ und „Sara“ are decaploid *fragaria* cultivars, belonging to the *F. x vescana* varieties with the *ananassa* and the *vesca* genomes. Over that in the genbank of fruit at Dresden-Pillnitz valuable *vescana* lines are collected. These genotypes were cultivated under the conditions of the Quedlinburg experimental garden in 2000 and evaluated in comparison to the octaploid varieties („Mieze Schindler“, „Senga Sengana“ und „Elsanta“) as well as the *F. virginiana* and *F. vesca*.

#### Ergebnisse:

Die Sorten und Linien (decaploid: „Florika“, „Spadeka“, „Annelie“, „B709“, „B710“, „B711“; oktaploid: „Mieze Schindler“, „Senga Sengana“ und „Elsanta“; Wildformen (octaploid) *F. virginiana* und diploide *F. vesca*) wurden im Versuchsgarten der BAZ unter den klimatischen Bedingungen des Nordharzes im Jahr 2000 nebeneinander angebaut. Unverzüglich nach der Ernte der vollreifen Beeren (7 Uhr, ca. 1000 g) wurden diese für die sensorische Analyse zubereitet.

Die Evaluierung der sensorischen Eigenschaften wurde

von dem Prüferpanel aus ca. 15 speziell geschulten Personen vorgenommen. Insgesamt wurden 26 zuvor mit dem Panel trainierte, sensorische Parameter bewertet und die quantitative beschreibende Analyse (QDA) durchgeführt. 23 Merkmale wurden ausgewertet.

Die Abbildung 1 zeigt die Variabilität der sensorischen Parameter gruppiert nach Geruch - nasaler bzw. retronasaler Geruch (grün, süßlich, aromatisch, künstlich, fruchtig, blumig, unangenehm und käsig), Geschmack (süß, sauer und das harmonische Zucker-Säure-Verhältnis), Mundgefühl (adstringierend, mehlig, wässrig, unangenehm, Nachgeschmack und die Festigkeit der Frucht sowie die Beliebtheit).

Wesentliche Differenzen sind bei den meisten direkten Geruchswahrnehmungen zu verzeichnen. Insbesondere die Walderdbeere (*F. vesca*) fällt durch ihre erhöhte Intensität bei den nasalen Gerüchen (süßlich, aromatisch, künstlich, blumig) auf. *F. virginiana* hat neben einer hohen aromatischen Intensität auch die intensivste fruchtige Eigenschaft. Auffallend ist, dass unangenehme Geruchseindrücke und eine zusätzliche käsig Note vor allem bei *F. ananassa* und *F. vescana* auftreten. Die wahrgenommene Süße lag bei Intensitäten >30 (bezogen auf eine dimensionslose Skala von 0 bis 100) bis auf *F. vesca* und entsprach damit den Erwartungswerten. Bei „sauer“ fällt die *F. virginiana* auf, weshalb diese wie auch die *F. vesca* ein weniger harmonisches Süß-Sauer-Verhältnis als *F. ananassa* und *F. vescana* haben.

*F. vescana* und die Walderdbeere sind deutlich bitterer als die *F. virginiana* und die Ananasssorten. Interessant ist die Angleichung des retronal wahrgenommenen Parameters „aromatisch“, während die „künstliche“ Note bei *F. vesca* gegenüber dem direkten Geruch noch verstärkt wird; „Künstlich“ ist auch in den *Vescana*-Formen deutlich wahrzunehmen. „Käsig“ spielt praktisch keine Rolle mehr, dafür entsteht vor allem in der Walderdbeere eine unangenehme retronasale Empfindung.

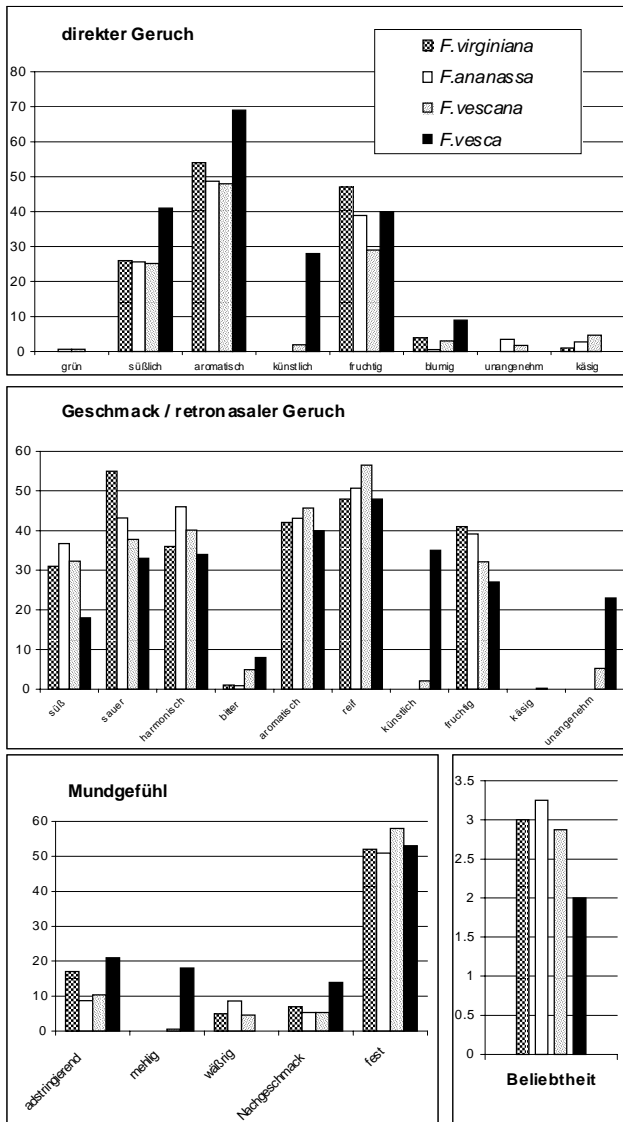


Abb. 1: Vergleich der Erdbeerarten *F. virginiana*, *F. ananassa*, *F.x vesca* und *F. vesca* anhand ihrer sensorischen Merkmale

Fig. 1: Comparison of the strawberry varieties *F. virginiana*, *F. ananassa*, *F.x vesca* and *F. vesca* by the human sensory parameters

**Abstract:**

The human sensory evaluation of strawberry varieties *F. virginiana*, *F. vesca*, *F. ananassa* and *F.x vesca* enables a direct comparison between cultivated types as well as between cultivated varieties and their wild parental genotypes. Different odour, taste, and mouth sensation parameters are shown.

In Zusammenarbeit mit: Genbank Obst, Dresden-Pillnitz; Geibel, M. (BAZ-1217)

**1.2. Einfluss physikalischer Nacherntebehandlungsmethoden auf die geschmacksbildenden Inhaltsstoffe von Obst- und Gemüsevarietäten**

**Influence of postharvest treatments on flavour substances in fruit and vegetable varieties**

Ulrich, D.; Schulz, H.

**Zielsetzung / Aim:**

Ziel des Projektes war die Erfassung der Lager- und Vermarktungseinflüsse auf verschiedene Aromastoffe von ‚Galia‘-Melonen. Die chemische Analyse umfasste vorwiegend die Substanzgruppe der Ester, die den Hauptanteil des Aromaeindrucks bewirken. In Ergänzung zur konventionellen Gaschromatografie wurde eine neuartige Methode zur Bestimmung der sensorischen Qualität mittels eines massenspektrometrischen Sensors getestet.

The goal of this work was to measure the effect of storage and marketing simulation on various aroma compounds occurring in ‚Galia‘ melons. The chemical analysis focused on important volatiles like esters, which make a major contribution to the characteristic aroma of the fruit. In addition to conventional gas chromatographic methods, a new rapid method for the assessment of sensory quality by means of mass spectrometric sensor measurements was tested.

**Ergebnisse:**

Die Entwicklung der Aromamuster in zwei israelischen ‚Galia‘-Melonensorten (*Cucumis melo*, cv. C8 and cv. 5080) wurde in Abhängigkeit von unterschiedlichen Nacherntebehandlungen verfolgt. Neben der sensorischen Beurteilung wurden Parameter wie Festigkeit, Farbe, Trockensubstanzgehalt und Krankheitsbefall registriert. Zur Untersuchung der in Israel präparierten Melonenhomogenisate wurde ein kommerzielles GC/MS-System in Kombination mit einer separaten Auswertesoftware getestet. Die Aromastoffe wurden aus dem Headspace mit Hilfe einer SPME-Faser isoliert und angereichert, über den GC-Injektor auf eine Säule überführt und ohne chromatographische Trennung in das Massenspektrometer injiziert. Die Signale der massenspektrometrischen Fragmentierung konnten anschließend in Analogie zu Sensor-signalen der „elektronischen Nase“ mit einer speziellen statistischen Software (MSstat (TM), Analyt Müllheim/Baden) off-line ausgewertet werden. Analysen verschiedener Sorten und Reifestadien zeigten Unterschiede in den Aromamustern, die für die unterschiedlichen Aromaqualitäten verantwortlich sind.

Mit Hilfe der elektronischen Nase findet man in Abhängigkeit von Sorte oder technologischer Variante deutlich voneinander getrennte Cluster. Abbildung 1 zeigt das Aromamonitoring während der Lagerung von ‚Galia‘ Melonen. Unbekannte Proben können mit dem Erkennungsmodus der Software den Clustern zugeordnet, d. h. erkannt werden. Die entwickelte Methode bietet damit die Möglichkeit, das Aroma der Melonen in Abhängigkeit vom technologischen Parametern in einfacher Weise zu erfassen bzw. die Einhaltung vorgegebener Qualitätsparameter zu kontrollieren.

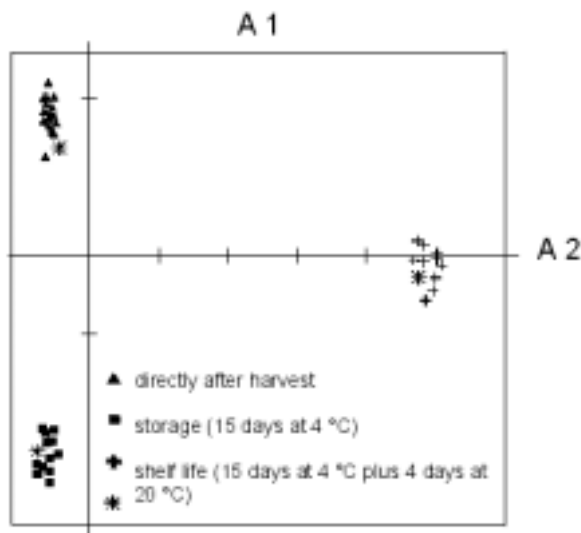


Abb. 1: 2D-Plot des Aromamonitoring bei der Lagerung von ‚Galia‘ Melonen. Die Lage der einzelnen Cluster im mehrdimensionalen Parameterraum korreliert mit dem jeweiligen Konzentrationsmuster der Aromastoffe.

Fig. 1: 2-dimensional aroma monitoring describing the storage conditions of ‚Galia‘ melons. The position of the individual clusters in the multi-dimensional parameter space correlates well with the individual aroma profiles.

Ein wichtiges Resultat dieser Arbeit ist, dass die Headspace-SPME-Probenahme kombiniert mit massenspektrometrischen Sensormessungen als Qualitätscheck-System verwendet werden kann. Dieser neuartige Ansatz zur Bestimmung flüchtiger Inhaltsstoffe ist für Screenings in Züchtungsprogrammen und für die Qualitätskontrolle geeignet, insbesondere dann, wenn die Abweichungen von einem festgelegten Qualitätsstandard (z.B.: Standardsorte, Standardprozess) von Interesse sind.

#### Abstract:

The aroma development in Israeli ‘Galia’ melon cultivars (*Cucumis melo* var. *reticulans*), was monitored. Sensory assessment was also performed, along with measurements of firmness, colour, total solid substances, and decay incidence. A new kind of mass spectrometric sensor measurements for aroma analyses was coupled with the headspace SPME-GC method. After applying multivariate statistics to the mass spectrometric sensor data obtained from the individual melon samples, clearly separated factor groups were obtained for the different postharvest examinations. This new approach is applicable for a rapid and reliable prediction of the sensory quality in plant breeding programs and quality assessment.

In Zusammenarbeit mit: Fallik, E., The Volcani Centre, Agricultural Research Organization, Bet Dagan, Israel (Deutsch-israelische Zusammenarbeit auf dem Gebiet der Agrarforschung, Projekt 8/96)

## 2. Gemüsekulturen Vegetable cultivars

### 2.1. Untersuchungen zum Glucosinolatgehalt von Brassicaceen mit unterschiedlicher Pathogenresistenz

#### Studies on the glucosinolate content in Brassicaceae with different pathogenic Resistance

Schütze, W.; Krämer, R.; Peterka, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Die laufenden analytischen Untersuchungen sind integriert in die Arbeiten zur Entwicklung von Basismaterial bei *Brassica* mit der Toleranz/Resistenz gegen unterschiedliche Pathogene und tierische Schaderreger.

The current analytical examinations are integrated in the research programme for the development of *Brassica* basic material with tolerance/resistance against different pathogens and pests.

#### Ergebnisse:

Im Rahmen der Arbeiten zur Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz gegen den Nematoden *Heterodera schachtii* aus *Raphanus* wurde auch die Untersuchung des Glucosinolatgehaltes sowie das Glucosinolatverteilungsmuster der Elternpflanzen und der Bastarde zu verschiedenen Entwicklungszeitpunkten im Blattmaterial sowie in den Wurzeln der Pflanzen mit einbezogen. Abbildung 1 zeigt die Glucosinolatverteilungsmuster in den Wurzeln von *Raphanus sativus*, von *Brassica napus* sowie eines aus diesen beiden Elternformen erzeugten Bastards im Ausschnitt dreier HPLC-Chromatogramme im Overlay. Die spektralen Daten belegen, dass eindeutig auch im hier vorliegenden Bastard die drei raphanustypischen Komponenten Glucoraphenin (4-Methylsulfinylbutenyl-GSL), Glucoerysolin (4-Methylsulfonylbutyl-GSL) und 4-Methylthiobutenylglucosinolat vorhanden sind (Abb. 2). Nach bisher vorliegenden Untersuchungsergebnissen sind diese Verbindungen an das Vorhandensein nur eines der 9 Raphanuschromosomen gekoppelt. Nur ein Teil der untersuchten Bastardpflanzen weisen dieses Verteilungsmuster bei definiertem genetischen Hintergrund auf. In *Brassica napus* lassen sich dagegen diese drei Verbindungen nicht nachweisen, sondern es wird hier das auch im *Raphanus sativus* auftretende Glucoraphenin (4-Methyl-sulfinylbutyl-GSL) detektiert. Da es sich bei den hier vorliegenden vier aliphatischen Substanzen um chemisch sehr ähnliche Verbindungen handelt (Abb. 2), die ausgehend vom Methionin gebildet werden, deutet dies auf das Vorhandensein von raphanusspezifischen Enzymsystemen hin, die eine Modifizierung der Struktur der Seitenkette bewirken und somit zur Expression des Merkmals führen. Sie scheinen an eine definierte Genomkonstitution gekoppelt zu sein. Eine Aussage zur Resistenz gegen den Nematoden *Heterodera schachtii* aufgrund des Glucosinolatgehaltes bzw. des Glucosinolatverteilungsmusters ist zum jetzigen Zeitpunkt nicht möglich.

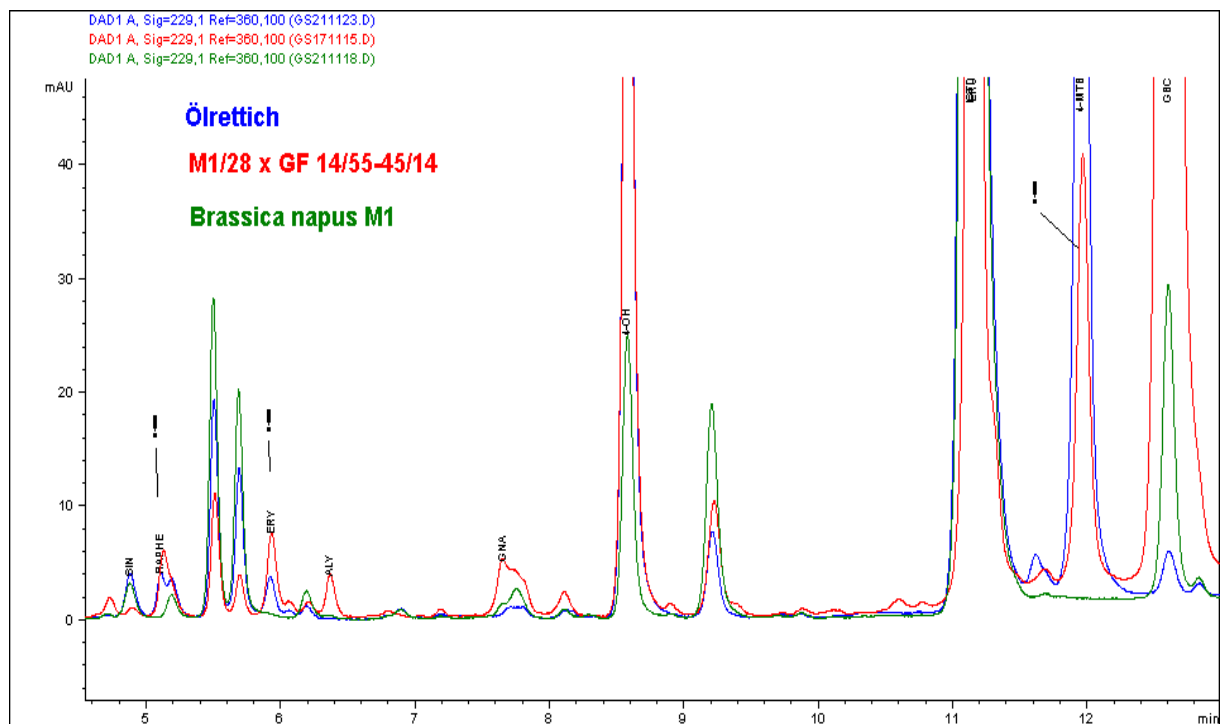


Abb. 1: HPLC – Chromatogramme des Glucosinolatverteilungsmusters von Örettich, *Brassica napus* sowie eines daraus erzeugten Bastards im Overlay. Bei den mit (!) markierten Peaks handelt es sich um die raphanuspezifischen Substanzen RAPHE, ERY und 4-MTB.

Fig. 1: HPLC-plots of the glucosinolate distribution pattern from *Raphanus sativus*, *Brassica napus* and a bastard from these both parent plants in overlay. The peaks marked with (!) are the *Raphanus* specific compounds RAPHE, ERY and 4-MTB.

1.	<b>Glucoraphanin (RAP)</b>	<b>R:</b> $\text{CH}_3 - \text{SO} - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 -$
2.	<b>Glucoraphenin (RAPHE)</b>	<b>R:</b> $\text{CH}_3 - \text{SO} - \text{CH} = \text{CH} - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 -$
3.	<b>Glucoerysolin (ERY)</b>	<b>R:</b> $\text{CH}_3 - \text{SO}_2 - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 -$
4.	<b>4-Methylthiobutenyl-glucosinolat (4-MTB)</b>	<b>R:</b> $\text{CH}_3 - \text{S} - \text{CH} = \text{CH} - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 -$

Abb. 2: Strukturen der Seitenketten (R-Gruppen) von drei raphanuspezifischen Glucosinolaten (RAPHE, ERY und 4-MTB) sowie des in beiden Elternformen auftretenden RAP

Fig. 2: Structures of the side chains (R-groups) of three raphanus specific glucosinolates (RAPHE, ERY, 4-MTB) as well as RAP, which is present in both parent plants

#### Abstract:

Within the bounds of works for development of molecular markers for resistance against nematodes *Heterodera schachtii* from *Raphanus* the examination of the glucosinolate content was included as well as the glucosinolate distribution pattern from the parent plants and bastards in leaf and roots at different times. Fig. 1 shows the glucosinolate distribution patterns in the roots of *Raphanus sativus*, *Brassica napus* and the bastard from both as a HPLC-chromatogramme in overlay. In this example the bastard has also the raphanus typical compounds Glucoraphenin (4-Methylsulfinylbutenyl-GSL), Glucoerysolin (4-Methylsulfonyl-butyl-GSL) and 4-Methylthiobutenyl-

glucosinolate (Fig. 2). Only plants with an especially genetic background show this glucosinolate distribution pattern, not all. We suggest, this marker is coupled only at one of the nine chromosomes of *Raphanus sativus* with raphanus specific enzymes, which can modify the structure of the side chain. But in the present stage it is not possible to say, that glucosinolates have an influence on the plant resistance against nematodes *Heterodera schachtii*.

(BAZ-1224)

## 2.2 Potentielle Möglichkeiten zur Verbesserung des Gesundheitswertes von *Brassica*-Gemüse durch Züchtung

### Potentials for increasing the health value of *Brassica* vegetables by breeding

Schütze, W.

Zielsetzung/Aim:

Die Untersuchungen hatten die Zielstellung, an einem ausgewählten Material von Lagerkohlsorten sowie anderer *Brassica oleracea*-Formen eine Übersicht über die Gehalte an Glucoraphanin sowie über deren Gesamtindolglucosinolatgehalte im Hinblick auf ihr Potential an Verbindungen mit antikanzerogener Wirkung zu erhalten.

Materials from store cabbage varieties and other *Brassica oleracea* forms were examined in order to get a survey of the glucoraphanine contents and the total contents of indole glucosinolates and to estimate, on this basis, their potentials for anticarcinogenic effects.

Ergebnisse:

Im Rahmen eines Screenings wurden der Gesamtglucosinolatgehalt sowie das Glucosinolatverteilungsmuster eines Sortimentes verschiedener *Brassica oleracea* – Formen untersucht. Die Zielstellung bestand darin, an einer Auswahl zur Zeit angebaute Sorten zu prüfen, welche von ihnen über eine „optimale“ Glucosinolatzusammensetzung unter dem Aspekt der gesunden Ernährung, d. h. einem hohen Gehalt an Glucoraphanin (4-Methylsulfinylbutylglucosinolat (RAP)) sowie einem hohen Indolglucosinolatgehalt (speziell Glucobrassicin (Indol-3-methyl-glucosinolat)) verfügen. Beiden Verbindungen, bzw. ihren Spaltprodukten Sulforaphan und Diindolylmethan, werden in der Literatur eine antikanzerogene Wirkung zugeschrieben. Neben verschiedenen Weiß-, Rot- und Wirsing- Lagerkohlsorten (Untersuchung am Ende der Lagerperiode im Kühllager) wurden auch verschiedene Kohlrabi-, Blumenkohl- und Brokkolisorten untersucht. Abbildung 1 zeigt eine Übersicht über den Gesamtglucosinolatgehalt ausgewählter Lagerkohlsorten sowie den Anteil an Indolglucosinolaten (Hauptglucosinolat ist Glucobrassicin) am Gesamtglucosinolatgehalt.

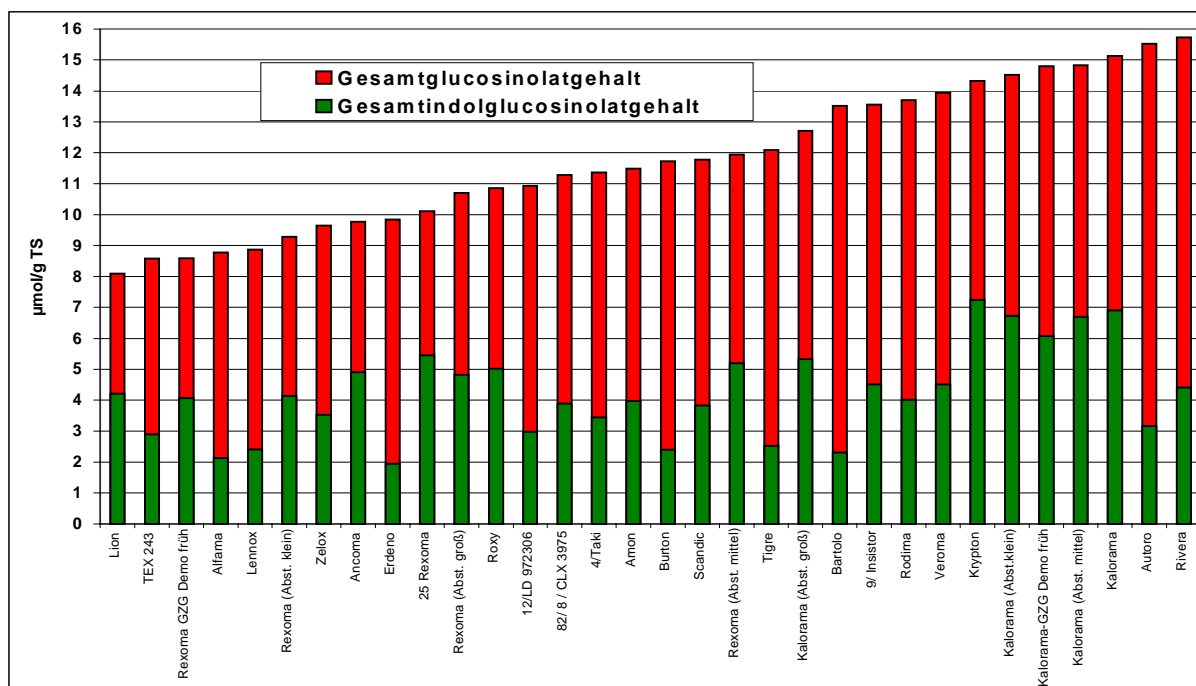


Abb. 1: Gesamtglucosinolatgehalt sowie Anteil an Indolglucosinolaten bei einer Auswahl von Lagerkohlsorten

Fig. 1: Total glucosinolate content and percentage of indole glucosinolate contents in various store cabbage varieties

Dabei ist auffällig, dass Sorten wie ‚Lion‘, ‚Rexoma‘ und ‚Roxy‘ mit relativ niedrigem Gesamtglucosinolatgehalt über einen hohen Anteil an Indolglucosinolaten verfügen, Sorten wie ‚Autoro‘ und ‚Rivera‘ mit hohem Gesamtglucosinolatgehalt jedoch deutlich weniger, prozentual betrachtet, Indolglucosinolate besitzen.

Interessant sind aus ernährungsphysiologischer Sicht Sorten wie ‚Krypton‘ und ‚Kalorama‘, die bei hohem Gesamtglucosinolatgehalt auch einen hohen Anteil an Indolglucosinolaten aufweisen. Bei ‚Rexoma‘ und ‚Kalo-

rama‘ waren keine signifikanten Unterschiede zwischen den gewählten Anbaubedingungen (Pflanzabstände klein, mittel, groß) sowie dem Gesamtglucosinolatgehalt und dem prozentualen Anteil an Indolglucosinolaten festzustellen. Außer bei der Sorte ‚Autoro‘ lag der Gehalt der anderen Sorten an Glucoraphanin deutlich unter 1 µmol/g TS.

Im Gegensatz zu den o. g. Lagerkohlsorten zeigten die untersuchten Brokkoli-Sorten aus dem Frühjahrsanbau 2000 ein aus ernährungsphysiologischer Sicht wesentlich

günstigeres Glucosinolatverteilungsmuster (Abb. 2). Der prozentuale Anteil an Indolglucosinolaten am Gesamtgehalt lag zwischen 45 % („Arcadia“) und 58,5 % („Headline“). Hervorzuheben ist jedoch, dass der Absolutwert bei „Arcadia“, bedingt durch den hohen Gesamtgehalt, den der anderen Sorten deutlich übertraf. Die vier untersuchten Brokkolisorten zeichneten sich gegenüber den Lagerkohlsorten auch durch einen vielfach höheren Gehalt an Glucoraphanin aus (Abb. 2). Er lag zwischen 37 % („Arcadia“) und 49 % („Top Green“). In „Top Green“ und

„Headline“ waren außer RAP und Indolglucosinolaten keine anderen Glucosinolate nachweisbar. In „Marathon“ wurde noch Glucoiberin (3-Methylsulfinylpropylglucosinolat) nachgewiesen. In „Arcadia“ konnten daneben auch noch größere Mengen an Progoitrin (2-Hydroxybut-3-enylglucosinolat), Sinigrin (Allylglucosinolat) und Gluconapin (But-3-enylglucosinolat), sowie Spuren von Glucoalysin (5-Methylsulfinylpentylglucosinolat) detektiert werden.

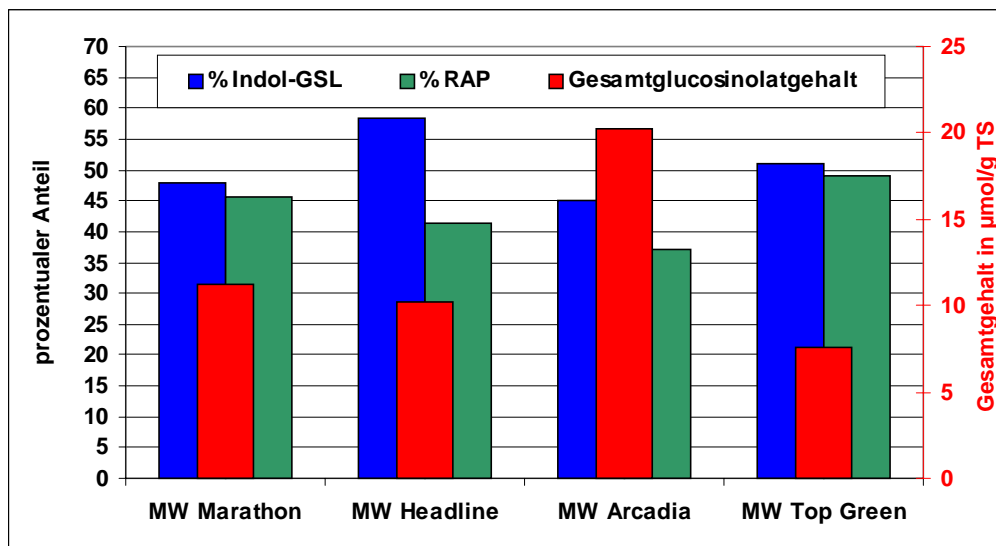


Abb. 2: Gesamtglucosinolatgehalt sowie prozentualer Anteil an Indolglucosinolaten und Glucoraphanin bei vier Brokkolisorten (Mittelwerte aus jeweils 10 Einzelpflanzen)

Fig. 2: Total glucosinolate content, percentage of indole glucosinolates and glucoraphanine contents in four broccoli varieties (average of 10 single plants)

Im Ergebnis des Screenings kann festgestellt werden, dass einige der untersuchten Sorten aus ernährungsphysiologischer Sicht favorisiert werden können. Aus dem untersuchten Sortenmaterial ergeben sich unter Berücksichtigung der übrigen züchterischen Belange wie z. B. Ertrag, Resistenz, Lagerfähigkeit und Geschmack aussichtsreiche Ansätze für die Züchtung neuer, unter dem Aspekt der gesunden Ernährung, wertvoller Sorten mit höheren Gehalten an Indolglucosinolaten und Glucoraphanin. Es ist allerdings darauf hinzuweisen, dass sich diese Ergebnisse auf eine einjährige Versuchsanstellung beziehen; zur weiteren Absicherung der Resultate wird es erforderlich sein, entsprechende Untersuchungen über mehrere Anbaujahre zu wiederholen.

#### Abstract:

In a screening, the total glucosinolate content and the glucosinolate distribution patterns of an assortment of different forms of *Brassica oleracea* were examined. The aim was to find varieties with an optimal glucosinolate distribution pattern from the aspect of healthy nutrition, i.e. high content of glucoraphanine and/or a high content of indole glucosinolates (especially glucobrassicine). Both substances, i.e. their degradation products sulforaphane and diindolyl methane, have anticarcinogenic effects. Besides different white, red and savoy store cabbages

(examined at the end of the store period in a cold storage room), different varieties of kohlrabi, cauliflower and broccoli were examined, too. Fig. 1 gives a survey of the glucosinolate contents of different store cabbages and the total contents of indole glucosinolates. The main glucosinolate is glucobrassicine. It is conspicuous that varieties like „Lion“, „Rexoma“ and „Roxy“ with relatively low total glucosinolate contents reach high amounts of indole glucosinolate, but varieties like „Aurore“ and „Rivera“ with high total glucosinolate contents contain definitely less indole glucosinolates.

Varieties like „Krypton“ and „Kalorama“ presenting both high total glucosinolate contents and high indole glucosinolate contents are very interesting from the nutrition point of view. We could not find significant differences (varieties „Rexoma“, „Kalorama“) between different cultivations. The content of glucoraphanine in all varieties, except „Aurore“, was very low (below 1 µmol/g TS).

In contrast to the store cabbage varieties, the examined broccoli varieties (cultivation in spring 2000) showed a different glucosinolate distribution pattern (Fig. 2). The percentage of indole glucosinolates in the glucosinolate fraction was between 45 % („Arcadia“) and 58.5 % („Headline“). However, it must be said that the total indole content from „Arcadia“ is much higher than the contents of the other varieties because the total content itself

is very high (Fig. 2). Broccoli has also a much higher content of glucoraphanine than the store cabbage varieties. It was between 37 % („Arcadia“) and 49 % („Top Green“). For „Top Green“ and „Headline“ no other glucosinolates than RAP and indoles were found.

In „Marathon“, we also found glucoiberine. In „Arcadia“, we found higher quantities of progoitrine, sinigrine and gluconapine besides traces of glucoalysine.

As a result of the screening we can say that some of examined varieties can be given preference to for aspects of health. Taking the other breeding aims like yield, taste and storage ability also into account, the pool of different varieties studied promises to be a beginning for the breeding of new varieties of high health value which are characterized by higher indole glucosinolate and glucoraphanine contents.

In Zusammenarbeit mit: Marnier GZG Saaten Aktiengesellschaft

### 2.3 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 chromatographischer Analysemethoden bzw.

Texturmessungen 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 chromatographic methods and texture measurements.

Ergebnisse:

Die NIR-spektrometrischen Untersuchungen des vergangenen Jahres konzentrierten sich auf die Vorhersage von äußeren Parametern wie Schalen- und Fruchtfleischfestigkeit bei Gemüse- und Obstkulturen. Ähnlich wie bei den vorausgegangenen Messungen an Tomate (JB1999) wurden NIR-Spektren an den Oberflächen von Äpfeln mit dem FT-IR-Spektrometer IFS 55 EQUINOX (Fa. Bruker GmbH) bestimmt und mit den Referenzdaten, gewonnen mit der Materialprüfmaschine TIRAtest 27025, korreliert. Als weitere Referenz wurde der gravimetrisch bestimmte Trockenmassegehalt (TMG) verwendet. Das Versuchsmaterial wurde von der Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau und Technik des Landes Sachsen-Anhalt Quedlinburg-Ditfurt zur Verfügung gestellt. Um eine große Variationsbreite der Messwerte zu erreichen, wurden 10 Apfelsorten von der Ernte bis zu 6 Monaten Lagerungsdauer in regelmäßigen Abständen gemessen. So konnten von 300 Äpfeln die Mittelwertspektren (10 Messungen pro Apfel lagen vor) und die dazugehörigen Referenzwerte Druckfestigkeit ( $F_D$ /dl), Schalenfestigkeit ( $F_P$ /dl) und TMG in die PLS-Kalibrierung einfließen. Mit den durchgeführten PLS-Kalibrierungen konnte die spektroskopische Vorhersagbarkeit der Festigkeitswerte und des Trockenmassegehaltes von Äpfeln nachgewiesen werden. Die Tabelle 1 zeigt die statistischen Güterwerte der NIR-spektroskopischen Vorhersagbarkeit, das Bestimmtheitsmaß  $R^2$  und den mittleren Vorhersagefehler RMSECV.

Tab.1: Statistische Güterwerte der Kreuzvalidierung für die Druckfestigkeit ( $F_D$ /dl), die Schalenfestigkeit ( $F_P$ /dl) und den Trockenmassegehalt (TMG) von Äpfeln (n – Anzahl der verwendeten Mittelwertspektren bzw. Referenzwerte)

Table 1: Statistical values of cross validation for compressive strength ( $F_D$ /dl), peel strength ( $F_P$ /dl) and dry mass content (TMG) in apples (n – number of the used averaged spectra and reference values, respectively)

Komponente	Bereich	$R^2$	RMSECV	n
$F_D$ /dl	5,2 – 53,7 N/mm	0,82	4,6 N/mm	243
$F_P$ /dl	3,2 – 19,0 N/mm	0,88	1,3 N/mm	247
TMG	11,9 – 22,1 %	0,93	0,5 %	239

In der Abbildung 1 ist als Beispiel das Ergebnis der Kreuzvalidierung für die Schalenfestigkeit bei Apfel, bestimmt mit einem 4 mm Penetrometerstab, zu sehen.

Die dargestellten Ergebnisse zeigen, dass auch bei geeigneten Obstarten trotz des hohen Wasseranteiles die NIR-spektroskopische Vorhersagbarkeit von technologisch

bedeutsamen Qualitätsparametern mit Erfolg möglich ist.

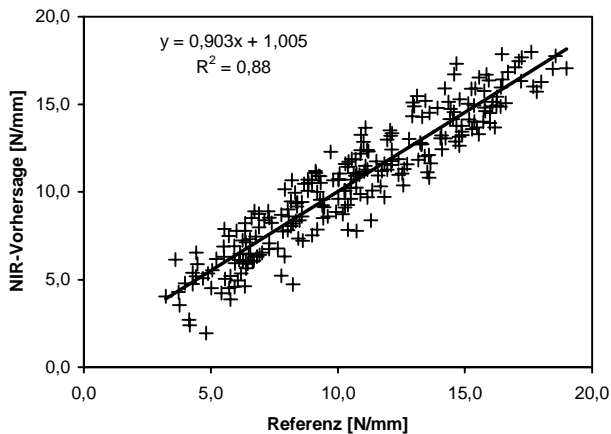


Abb.1: Ergebnis der Kreuzvalidierung für die Vorhersage der Schalenfestigkeit  $F_p/dl$  von Äpfeln (Ernte ab Sept. 1999, Lagerung bis März 2000)

Fig.1: Result of cross validation for the prediction of peel strength  $F_p/dl$  in apples (harvest at September 1999, storage to March 2000)

**Abstract:**

Near infrared spectrometrical investigations were performed on 10 apple varieties in the reflection mode. Apples were measured after different storage stages. The reference data are the compressive strength and peel strength, measured by a materials testing machine. The gravimetrically estimated dry mass content is also used as reference value. Based on the received average NIR spectra of 300 apples the chemometrical analyses (PLS algorithm) supplied very good predictions of compressive strength ( $R^2=0.82$ ,  $RMSECV=4.55$  N/mm), peel strength ( $R^2=0.88$ ,  $RMSECV=1.31$  N/mm) and dry mass content ( $R^2=0.93$ ,  $RMSECV=0.54$  %).

In Zusammenarbeit mit: Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau und Technik des Landes Sachsen-Anhalt Quedlinburg-Ditfurt, Roth, E., (BAZ-1223)

### 3. Medizinal und Gewürzpflanzen Medicinal and Spice Plants

#### 3.1. Verteilung der Aromastoffe sowie der entsprechenden Präkursoren in interspezifischen Allium-Hybriden Distribution of the aroma compounds and the corresponding precursors in interspecific Allium hybrids

Schulz, H.; Krüger, H.

**Zielsetzung/Aim:**

Das Ziel dieser Studie ist es, die mit leistungsfähigen Schnellmethoden ermittelten Cysteinsulfoxid- und Aromaprofile ausgewählter *Allium*-Bastarde miteinander zu korrelieren. Analog zu früheren Untersuchungen soll darüber hinaus festgestellt werden, welchen Einfluss die

elterlichen Genome (*A. cepa* bzw. diverse *Allium*-Wildarten) auf die Expression der analysierten, wertgebenden Inhaltsstoffe in den individuellen Bastarden ausüben.

The goal of the research work presented here is to correlate the cysteinsulfoxide and aroma profiles of selected *Allium* hybrids, which have been analysed by sophisticated rapid methods. Furthermore, in analogy to earlier performed studies it is also aimed to describe the influence of the parent genomes (*A. cepa* and various *Allium* wild species, respectively) on the expression of the valuable components occurring in the individual hybrid plants.

**Ergebnisse:**

Die aus *A. cepa* (als Mutterpflanze) und ausgewählten *Allium*-Wildtypen (als Bestäuberpflanzen) hergestellten Bastarde weisen im Hinblick auf die Verteilung der vier Cysteinsulfoxide teilweise charakteristische Unterschiede in ihren Konzentrationsprofilen auf. Als Hauptkomponenten treten wechselseitig sowohl Isoalliin, Alliin als auch Methiin in Erscheinung; Propiin ist dagegen mit nennenswerten Gehalten in der Größenordnung von > 10 % lediglich in *A. senescens* sowie *A. cepa* x *A. senescens* vertreten.

Bei den analysierten Aromaprofilen der *Allium*-Wildarten und Bastarde wird generell eine sehr gute Korrelation zu den jeweils nachgewiesenen Cysteinsulfoxiden (Aromapräkursoren) festgestellt. So werden z.B. in *A. cepa* x *A. obliquum* überwiegend die aus Alliin gebildeten flüchtigen Schwefelverbindungen Diallylsulfid und Diallyldisulfid detektiert. Auch das Aromaprofil von *A. cepa* x *A. globosum* enthält neben Diallyldisulfid insbesondere die Komponenten Allylmethyldisulfid und Allylpropyldisulfid. Dieses spezifische Aroma-Verteilungsmuster kann auf das Vorkommen von Methiin, Alliin und Isoalliin zurückgeführt werden.



Abb. 1: Die Blütenstände der beiden Wildarten *A. obliquum* (links) und *A. globosum* (rechts)

Fig. 1: The inflorescences of the two wild species *A. obliquum* (left) and *A. globosum* (right)

Die anderen untersuchten *Allium*-Bastarde enthalten dagegen innerhalb der CS-Fraktion in erster Linie Methiin und Isoalliin; Alliin ist hier nur im Spurenbereich nachweisbar. Dementsprechend führt die Alliinase-Reaktion bei diesen Spezies überwiegend zur Bildung der Aromastoffe Dipropyldisulfid, (*E*)-1-Propenylpropyldisulfid und Methylpropyldisulfid. Entsprechende Beobachtungen leiten sich aus dem Vergleich der CS- und Aromaanaly-



sen bei den Wildtypen ab: kommt Alliin mit einem Gehalt von > 5 % innerhalb der CS-Fraktion vor (*A. obliquum*, *A. globosum*, *A. saxatile*), so werden die beiden Aromakomponenten Diallylsulfid sowie -disulfid in deutlich höherer Konzentration nachgewiesen. Ebenso korreliert auch der jeweils analysierte Anteil an Isoalliin mit dem Vorkommen von Dipropyldisulfid sowie (*E*)-1-Propenylpropyldisulfid im Aromaprofil (*A. altynolicum*, *A. chevuricum*, *A. senescens*). Hervorzuheben ist weiterhin, dass die Aromastoffe der beiden aus *A. cepa* und *A. obliquum* bzw. *A. globosum* gebildeten Bastarde im wesentlichen durch das Genom der eingekreuzten Wildtypen bestimmt werden. Die Merkmalsausprägung, die zur Expression der einzelnen Cysteinsulfoxide in den Bastarden führt, wird in den beiden angeführten Fällen offensichtlich durch die väterliche Elternpflanze dominiert. Aus den Analysendaten der anderen untersuchten *Allium*-Bastarde können derartige, eindeutige Aussagen nicht abgeleitet werden, da sich die Cysteinsulfoxid-Profile der Elternpflanzen hier zu sehr ähneln.



Abb. 2: Rhizome von *A. globosum* x *A. cepa* (Mitte sowie der beiden Eltern *A. cepa* L. cv. ‚Stuttgarter Riesen‘ (links) und *A. globosum* M. Bieb. Ex Red. (rechts)

Fig. 2: Rhizomes from *A. globosum* x *A. cepa* (center) and from the parent plants *A. cepa* cv. ‚Stuttgarter giant‘ (left) and *A. globosum* M. Bieb ex Red. (right)

#### Abstract:

Various *Allium* hybrids, received by cross-breedings of *A. cepa* as mother plant and 6 taxonomically distant wild types, are investigated with special respect to their individual profiles of cysteine sulfoxides as well as enzymatically formed aroma substances. Both rapid methods used in this study (HPLC with UV/Vis detection and SPME-GC, respectively) permit a high sample throughput, so that numerous gene bank accessions and *Allium* breeding material can be analyzed within a comparatively short time. In addition to the known RAPD or RFLP marker techniques the presented SPME-GC method is a promising approach to support efficiently breeding projects aimed to improve the health and aroma value of various *Allium* plants.

### 3.2 Einsatzmöglichkeiten mobiler NIR-Spektrometersysteme zur Qualitätsanalyse ausgewählter Modellpflanzen im Feldeinsatz

#### Application use of mobile NIR spectrometer systems for quality analysis of selected model plants directly in the field

B. Steuer, W. Schütze, R. Quilitzsch, H. Schulz

#### Zielsetzung/Aim:

Basierend auf den vorliegenden Kalibrationsdaten zur Vorhersage des Carnosolsäuregehaltes sowie einiger Terpenoide in getrockneten Rosmarinblättern soll zur Bestimmung dieser Wertkomponenten in frischem Rosmarin eine entsprechende NIR-Methode entwickelt werden. Darüber hinaus besteht die Zielsetzung des Projektes darin, außer den bisher nur für dispersive Gitterspektrophotometer nutzbaren Kalibrationen auch entsprechende Kalibrationsarbeiten an einem tragbaren, für den Feldeinsatz geeigneten Diodenarray-NIR-Spektrometer durchzuführen.

Based on the calibration data received for the prediction of the carnosic acid content in dried rosemary leaves it is aimed to develop a relating NIR method also for fresh rosemary plant material. Furthermore the aim of the project is, that beside those calibration equations which already exist for dispersive grating-spectrometer systems, new calibration data will be collected also for mobile diode array spectrometer systems which may be used for measurements directly on the field in the near future.

#### Ergebnisse:

Im Rahmen vorangegangener Studien konnte anhand ausgewählter Beispiele bereits gezeigt werden, dass es prinzipiell möglich ist, mit Hilfe der Nah-Infrarot-Spektroskopie wertgebende Inhaltsstoffe ohne weitere Probenvorbereitung in pflanzlichen Proben sowie den daraus hergestellten Extrakten zu bestimmen. Allerdings kann im Einzelfall hierbei nicht generell a priori vorhergesagt werden, ob eine NIRS-Analyse mit der gewünschten Methodenleistung entwickelt werden kann; dies muss jeweils individuell, auf Basis einer ausreichenden Anzahl repräsentativer Proben, geprüft werden. Entscheidend für eine zuverlässige NIR-spektroskopische Bestimmung sind insbesondere die Konzentration und IR-Aktivität des Analyten sowie mögliche spektrale Interferenzen mit Komponenten der Probenmatrix. Es gelingt z.B. sehr gut, flüchtige Terpenoide wie z.B. Pinen, 1,8-Cineol oder Campher aufgrund der intensiven Ober- und Kombinationsbanden, die sich von den C-H-Valenz- und Deformationsschwingungen ableiten, teilweise noch im sub-Prozentbereich zu bestimmen. Aber auch Wertkomponenten wie Carnosolsäure in Rosmarin können ohne weiteres mittels NIRS quantifiziert werden, sofern die Absolutgehalte im zu untersuchenden pflanzlichen Gewebe nicht deutlich unterhalb von 1 % liegen. Wie die Ergebnisse der NIR-Kalibration zeigen, können dabei die Carnosolsäure-Bestimmungen nicht nur in der getrockneten Rosmarinprobe, sondern auch in der Frischpflanze durchgeführt werden. Dies eröffnet prinzipiell die Möglichkeit, mobile NIR-Spektrometer insbesondere für Schnellanalysen im Feldeinsatz zu nutzen. Die vorliegenden Kalibrationsergebnisse erlauben in jedem Fall eine zuverlässige

Vorhersage des geeigneten Erntezeitpunktes (im Hinblick auf einen möglichst hohen Carnosolsäuregehalt), eine sichere Selektion geeigneter Rosmarinpflanzen im Zuchtprozess sowie ein effizientes Screening/Sammeln geeigneter Hochleistungs-Rosmarinpflanzen aus Wildbeständen.

Abstract:

The presented results confirm, that also fresh cut rosemary leaves can be successfully analysed by a mobile diode array NIR spectrometer. Based on the obtained calibration statistics the developed NIRS method can be applied as a very useful tool for the selection of rosemary genotypes with added-values as well as optimisation of harvest time with respect to the related valuable plant components.

In Zusammenarbeit mit: Fa. Raps & Co., Kulmbach, Joubert, E; INFRUTECH, Stellenbosch (Südafrika), Raps-Stiftung, Proj.-Nr. FV 167 (BAZ-1226)

### 3.3 Aufbau eines NIRS-Netzwerkes für Arznei- und Gewürzpflanzen Development of a NIRS network for medicinal and spice plants

B. Steuer; H. Schulz; H. Krüger; W. Schütze

Zielsetzung/Aim:

Basierend auf den zahlreichen NIRS-Kalibrationsmethoden zur Bestimmung wertgebender sekundärer Inhaltsstoffe in Medizinal- und Gewürzpflanzen, die im Verlauf der letzten Jahre in der BAZ entwickelt wurden, besteht die gegenwärtige Zielstellung in dem Aufbau eines NIR-Netzwerkes für diesen speziellen Anwendungsbereich. In diesem Zusammenhang konzentriert sich eine der Hauptaufgaben darauf, geeignete Kalibrationstransfer-Algorithmen aufzufinden, so dass so wenig wie möglich spektrale Informationen bei dem Datentransfer zwischen unterschiedlichen Spektrometer-Systemen verloren gehen.

Based on various new NIRS calibration methods for the prediction of valuable secondary compounds in medicinal and spice plants, which have been developed in the BAZ during the last years, the aim of this study is to build up a NIR network for this special field of application. In this context one of the main tasks is to find out suitable calibration transfer algorithms in order to guarantee that losses of spectral information during the data transfer between different spectrometer systems can be reduced to a minimum.

Ergebnisse:

In den vergangenen Jahren stand die Machbarkeit von NIR-spektroskopischen Untersuchungen für die Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe in Medizinal- und Gewürzpflanzen im Vordergrund. Neben der Pflege vorhandener NIRS-Methoden stellt sich die Frage, inwieweit die resultierenden Datensätze im Rahmen eines potentiellen Netzwerkes anderen Nutzern mit zur Verfügung gestellt werden können, wie es im Bereich von Mais, Raps und Silagen bereits der Fall ist. Diese Fragestellung wird im

Allgemeinen unter dem Begriff Kalibrationstransfer zusammengefasst.

In der NIR-Spektroskopie kommt es als indirektem Verfahren auf kleinste Unterschiede in den Bandenintensitäten an. Die Spektren unterschiedlicher Spektrometer unterscheiden sich jedoch bezüglich ihres Outputs in Wellenlängengenauigkeit, Absorptionsintensität und Auflösung, was zur Folge hat, dass Spektren zwischen unterschiedlichen Geräten nicht beliebig ausgetauscht werden können. Dabei ist bekannt, dass sich Instrumente der gleichen Bauart leichter untereinander abgleichen lassen als Spektrometer, die auf verschiedenen physikalischen Arbeitsprinzipien basieren.

Aus den geschilderten Gründen werden für den Aufbau eines NIRS-Netzwerkes entsprechende pflanzliche Modellsysteme (Fenchel Früchte, Pfefferminze) unterschiedlicher spektroskopischer Eigenschaften gewählt und anschließend an verschiedenen Spektrometern (Gitter-, Fourier-Transform-, Dioden-Array-Geräte) vermessen, wobei ein entsprechend großer und robuster Datensatz als Masterkalibration definiert wird. Für den sich anschließenden Kalibrationstransfer (Slave- auf ein Mastergerät) ist es wichtig, Software-Pakete zur Verfügung zu haben, die sowohl im Hinblick auf zuverlässige Ergebnisse, wie auch einfache Handhabbarkeit einsetzbar sind. Dies gilt zur Zeit nur für eine auf dem Markt kommerziell verfügbare Softwarelösung, während es sich bei der überwiegenden Zahl der in der Literatur beschriebenen Lösungsansätze um Spezialanwendungen handelt.

In Abbildung 1 ist beispielhaft die Leistung des Spektrentransfers von Fenchelspektren für zwei Gitterspektrometer wiedergegeben.

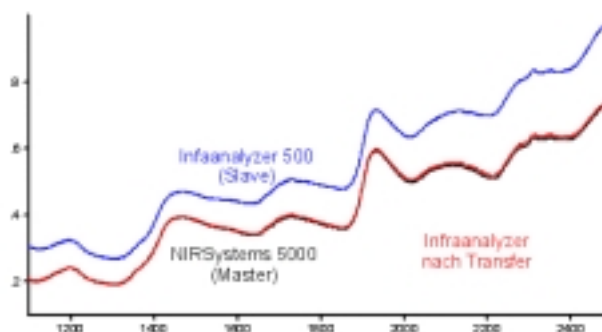


Abb. 1: NIR-Spektren von Fenchel Früchten, aufgenommen an zwei unterschiedlichen Gitterspektrometern

Fig. 1: NIR spectra of fennel fruits measured on two different grating spectrometers

Am Beispiel des ätherischen Ölgehaltes (Kalibrationsbereich: 1,5-16 %) von Fenchel lässt sich zeigen, dass der Standardfehler im angegebenen Beispiel von 4,5 % vor dem Transfer auf 0,8 % nach dem Transfer reduziert wird. Abbildung 2 zeigt den Einfluss des Transfers auf die NIRS-Vorhersage im Vergleich zu den Referenzwerten. Der Methodenfehler ist durch den Ausbau der Transfergleichungen jedoch noch verbesserbar.

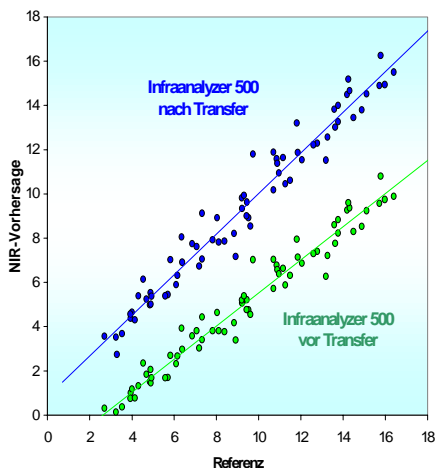


Abb. 2: Vergleich der NIRS-Vorhersage des ätherischen Ölgehaltes in Fenchelfrüchten vor und nach dem Kalibrationstransfer

Fig. 2: Comparison of the NIRS prediction curve for the essential oil content in fennel before and after the calibration transfer

Im Mittelpunkt weiterer Untersuchungen steht die Fragestellung, ob es möglich ist, Kalibrationstransfers auch bei Spektrometern unterschiedlichen Bautyps erfolgreich durchzuführen. So stellt die innovative Geräteentwicklung auf dem Gebiet der mobilen Dioden-Array-Spektrometer mit bisher ungebräuchlichen Spektralbereichen und -auflösungen extreme Anforderungen an die verwendeten mathematischen Algorithmen.

**Abstract**

It is well known, that spectral data between two instruments cannot be interchanged untreated; furthermore there is also some experience that spectra can be fit very well to each other when the corresponding instruments are working according to the same physical principle.

Therefore in the context of this project several spectrometers (grating, Fourier-Transform and diode-array instruments) are taken into account and used to measure standard sets of medicinal and spice plants (e.g. peppermint and fennel). Large and robust sample sets are taken as master calibrations to which the other ones are transferred to. In order to transfer calibrations, it is necessary to use software packages easy to handle and working with reliable and accurate transfer algorithms. Concerning to the literature this is actually valid for one package only, while most applications are designed especially on the basis of statistical software packages.

In the case of fennel it is exemplary demonstrated that the standard error calculated for the prediction of the essential oil content in the fruits (calibration range: 1.5-16 %) can be reduced from 4.5 (before having performed the transfer algorithm) to 0.8 after application of the special data treatment. It is also shown that the NIRS method error can be improved by the use of extended calibration equations and higher variability.

(BAZ-1227)

**3.4 Die Variabilität von Enantiomeren in den ätherischen Ölen ausgewählter Arznei- und Gewürzpflanzen**

**Variability of enantiomers occurring in the essential oils of selected medicinal and spice plants.**

Krüger, H.

**Zielsetzung/Aim:**

Da die physiologische Wirkung von Enantiomeren sehr verschieden sein kann, soll ihre Verteilung in Kollektionen von Arznei- und Gewürzpflanzen untersucht werden. Die Kenntnis der Wirkstoffvariabilität ist auch Voraussetzung zur Beantwortung der Frage, ob das Enantiomerenverhältnis durch Züchtung beeinflusst werden kann.

Because the physiological effects of enantiomers may be very different, their distribution in collections of medicinal and spice plants should be investigated. The knowledge about the variability of active substances is also the pre-condition to answer the question, whether the enantiomer ratio can be influenced by breeding.

**Ergebnisse:**

Als Technik für die Trennung und quantitative Bestimmung von Enantiomeren wird in der Literatur eine Säulenschaltung in einem Doppelofen-Gaschromatographen vorgeschlagen. Da ein solches Gerät nicht innerhalb der BAZ zur Verfügung steht, wurde eine Technik entwickelt, die auf dem Transfer des Enantiomerenpaares mittels SPME-Faser beruht (Abb.1).

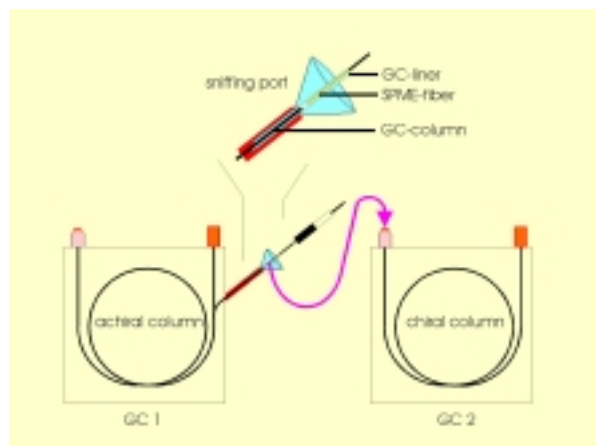


Abb.1: Enantiomerentrennung durch SPME-Peak-Transfer

Fig. 1: Separation of enantiomers by SPME-peak-transfer

Hierbei konnten Erfahrungen des Institutes für Qualitätsanalytik genutzt werden, welche sowohl in der Sniffing-GC als auch bei SPME-Headspace-Analysen gesammelt wurden. Das Prinzip beruht darauf, dass zunächst das Enantiomerenpaar in einer achiralen Säule abgetrennt und mit einer SPME-Faser im Sniffing-Port abgegriffen wird. Danach erfolgt die Auftrennung der Enantiomeren auf einer chiralen GC-Säule in einem zweiten Chromatographen. Spätere Analyseergebnisse zeigten, dass prinzipiell die Auftrennung des Enantiomerenpaares auch ohne Vortrennung durchgeführt werden kann.

Die Enantiomerenverhältnisse wurden von Linalool in Koriander und Basilikum, von  $\alpha$ -Pinen und Limonen in Petersilie, von Sabinenhydrat in Majoran und von Terpinen-4-ol in Majoranöl bestimmt.

In der untersuchten Korianderkollektion liegen die Linalool-Enantiomeren in absolut konstantem Verhältnis vor. D(+) und L(-) Enantiomere liefern generell ein Peakflächenverhältnis von 87 :13. Es ist keinerlei Variabilität zu erkennen.

Basilikum enthält in einigen Arten Linalool als reines L(-)-Linalool. Ausnahmen bilden die citralhaltigen Typen von *Ocimum x citriodorum* Vis. Hier variieren L(-)-Linalool von 83,2 bis 88,1% und dementsprechend D(+)-Linalool von 16,8 bis 11,9% im Verhältnis der beiden Isomeren. Ausnahmen bilden auch zwei Herkünfte von *Ocimum campuchianum* Mill. und eine Akzession von *Ocimum americanum* var. *americanum* L., hier verhalten sich L zu D wie 78,7:21,3; 74,7:25,3 bzw. 24,6:75,4.

In Petersilienblättern hat  $\alpha$ -Pinen offensichtlich Einfluss auf die Resistenzeigenschaften gegenüber *Septoria petroselinii* (Projekt BAZ-1128). Unklar ist allerdings noch, welches Enantiomer am meisten in diesem Zusammenhang wirksam ist. Zunächst wurde im ersten Schnitt ein Isomerenpaar festgestellt, das im Verhältnis von 40,1:59,9 bis 89,4:10,6 variiert. Proben, die im Rahmen des zweiten Schnittes erhalten wurden, weisen eine Schwankungsbreite von 26,4:73,6 bis 89,6:10,4 auf; die Extreme werden in beiden Schnitten durch dieselben Pflanzen erzeugt. Die Variation der Limonen-Enantiomere ist weniger ausgeprägt, sie reicht von 28,0:72,0 bis zu 42,9:57,1 im ersten und von 25,9:74,1 bis zu 45,8:54,2 im zweiten Schnitt.

Majoranextrakte zeigen nur beim *trans*-Sabinenhydrat eine Aufspaltung in optische Isomere. Die Mengenverhältnisse schwanken dabei in engen Grenzen von 74,0:26,0 bis zu 78,8:21,2.

Ätherisches Majoranöl enthält als Umlagerungsprodukt von *cis*-Sabinenhydrat stets optisch aktives Terpinen-4-ol, diese Artefaktverbindung liegt allerdings nicht als vollständiges Racemat vor, sondern es wird ein Isomerenverhältnis von etwa 73:27 nachgewiesen.

#### Abstract:

The individual enantiomer ratios of linalool in coriander and in basil, of  $\alpha$ -pinene and limonene in parsley, of sabinene hydrate in marjoram and of terpinene-4-ol in essential marjoram oil have been investigated by SPME-GC. Whereas no variation has been found in coriander more or less large differences with regard to the enantiomer ratios have been detected in the other plant species mentioned above.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Marthe, F.; IPK Gatersleben, Wetzlar, S. (BAZ-1229)

### 3.5. Sichtung von Basilikum-Genbankakzessionen bezüglich der Variabilität terpenoider Inhaltsstoffe

#### Evaluation of basil genebank accessions with respect to the variability of terpenoid compounds Krüger, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Der Anbau von 270 Basilikumherkünften in der Genbank Gatersleben 1999 bot die Möglichkeit, die genetisch bedingte Variabilität in den ätherischen Ölen und ihren Inhaltsstoffen der Gattung *Ocimum* kennenzulernen und zu beurteilen.

The cultivation of 270 basil accessions in the gene bank of Gatersleben in 1999 made it possible to investigate and to estimate the variability of essential oils and their components occurring in the genus *Ocimum*.

#### Ergebnisse:

Die Basilikum-Kollektion der Genbank Gatersleben ist im Besitz einer der weltweit größten Sammlungen im Segment Arznei- und Gewürzpflanzen. Mit dem Anbau der gesamten Kollektion auf einem Versuchsfeld im Jahre 1999 (Abb. 1) war die Vergleichbarkeit der Akzessionen in besonderem Maße gegeben.



Abb.1: Basilikum-Kollektion der Genbank Gatersleben  
Fig 1: Basil collection of the gene bank in Gatersleben

Die Chance, einen gesicherten Überblick über die chemische Variabilität der Kollektion zu erhalten, wurde daher aufgegriffen.

In der Kollektion vorkommende charakteristische Terpenoidprofile zeigt Abbildung 2.

Aus Isooctan-Extrakten lufttrockener Proben wurden die ätherischen Ölgehalte und die Terpenoidprofile ermittelt. Bezüglich der Hauptkomponenten finden sich Typen in der Kollektion die maximal 71 % Linalool, 92 % Estragol, 80 % Citral, 25 % 1,8-Cineol, 63 % Kampher, 35 % Thymol, 77 % (*E*)-Methylzimsäureester, 80 % Eugenol, 79 % Methyleugenol, 36 % Methylisoeugenol bzw. 47 % Elemicin im ätherischen Öl enthalten.

Es wurde auch die Gehalts-Variabilität optisch aktiver Komponenten untersucht, nähere Hinweise finden sich hierzu im Projekt BAZ-1229.

Der ätherische Ölgehalt in der untersuchten Kollektion beträgt maximal 2,65 %.

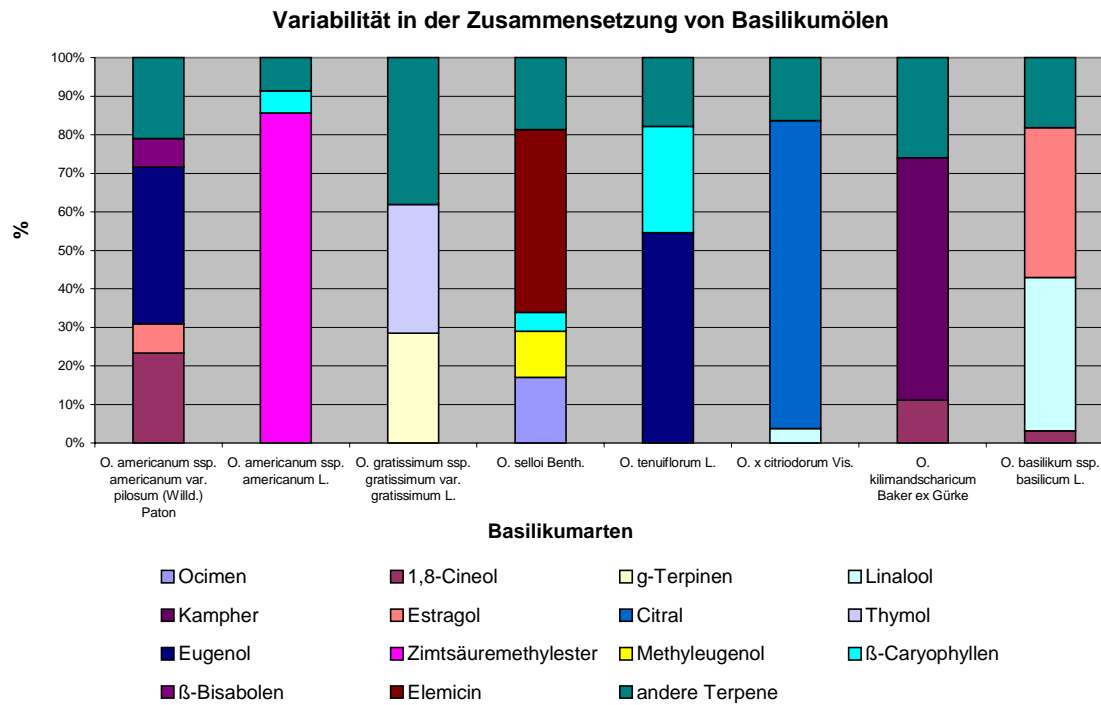


Abb.2: Terpenoidprofile bei unterschiedlichen Basilikum-Chemotypen.  
 Fig. 2: Terpenoid profiles of different basil chemotypes.

Abstract: .

The *Ocimum* gene bank collection (270 different accessions) of the Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research in Gatersleben was evaluated with special respect to the individual essential oil content and composition. All samples originated from the same cultivation in 1999.

Main essential oil components found in the basil accessions were: linalool (max. 71 %), methyl chavicol (max. 92 %), citral (max. 80 %), 1,8-cineole (max. 25 %), camphor (max. 63 %), thymol (max. 35 %), (*E*)-methyl cinnamate (max. 77 %), eugenol (max. 80 %), methyl eugenol (max. 79 %), methyl isoeugenol (max. 36 %) and elemicin (max. 47 %), respectively. The oil content in the dry leaves was found to vary from traces up to 2.65 %.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Wetzels, S.

## Arbeitsgruppe EDV

### Data processing

#### Quedlinburg

In vielen Bereichen der modernen Züchtungsforschung kann die gezielte Nutzung der Informationstechnologie Möglichkeiten erweitern und neue eröffnen. Neben der Steuerung moderner Forschungsgeräte sowie der Bewältigung der stark wachsenden Datenmengen erlauben Methoden der Biometrie, der Datenbanktechnologie und vieler weiterer Spezialbereiche der Mathematik und der Informatik den Fachwissenschaftlern eine erweiterte Sicht auf alte und neue Ergebnisse und Daten. Gerade die Möglichkeiten der leistungsfähigen Hard- und Software, große Mengen von Daten zu handhaben und sie in nahezu beliebiger Weise zu strukturieren, auszuwählen, darzustellen und auszuwerten geben den Wissenschaftlern Werkzeuge in die Hand, mit denen sie aus einer neuen Perspektive effektiv nach bisher unbekanntem oder unbemerkt gebliebenen Zusammenhängen suchen können und ihre Ergebnisse wiederum in den „Wissenspool“ einspeisen können, um diesen ständig zu erweitern.

In der Arbeitsgruppe EDV wird versucht, für spezifische Belange der Züchtungsforschung in der BAZ „Werkzeuge“ zu entwickeln, mit deren Hilfe die Fachwissenschaftler die Möglichkeiten der Informationstechnologie für ihre Arbeit nutzen können.

Schwerpunktmäßig wird daran gearbeitet, auf der Grundlage moderner Datenbanktechnologien Anwendungen zu entwickeln, die ein möglichst gut angepasstes Modell von Forschungsabläufen und Daten darstellen. Insbesondere die Verknüpfung von Datenbanktechnologien mit biometrischen Methoden stellt eine Herausforderung dar, die neuartige Lösungen verspricht.

In many fields of modern breeding research, the appropriate application of information technologies can broaden given possibilities or open up new ways. Besides controlling sophisticated research equipment and managing the rapidly increasing bulk of data, these methods of biometry, database technologies and many other special topics of mathematics and computer sciences also enable the researcher to come to a more profound evaluation of old and new results and data. Highly efficient hard- and software are able to manage high data volumes which can be structured, selected, presented and analysed in almost any form whatever. This way, they become tools scientists use to search for unknown or undiscovered correlations, to enter their results into the „pool of knowledge“ which is, consequently, continuously growing.

The Data Processing Unit develops such „tools“ for the specific needs of breeding research at the Federal Research Centre to provide scientists with information technology applicable in their work.

Using modern databank technologies, priority is given to the development of applications representing a well adapted model of research processes and data. It turned out that particularly the combination of databank technologies with biometric methods is a promising challenge to come to novel solutions.

**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:

Um das Ziel einer Projektion der realen Lebenswege der Pflanzen von der Entstehung bis zum Tod in ein Datenmodell zu erreichen, wurde die Vorgehensweise in folgenden Schritten zerlegt:

1. Analyse und Diskussion der Arbeitsabläufe und Datenstrukturen in den einzelnen beteiligten Arbeitsgruppen, um ein möglichst exaktes Abbild für die Modellierung zu erhalten
2. Abgleich der Einzelergebnisse zwischen den Arbeitsgruppen
3. Entwurf einer ersten Datenbankstruktur
4. Beginn der Implementation und Test des Programmes (Teil 1: Dateneingabe) sowie Aufbau der Nutzerstruktur und der damit verbundenen Rechte
5. Implementation von Datensichten, die den Bearbeitern eine Dokumentation der Arbeitsabläufe und der Daten liefern und bisherige heterogene Dokumentationen ersetzen
6. Analyse und Formulierung möglicher Fragestellungen an das System
7. Implementation von Abfrage- und Analysemodulen in Abhängigkeit von Schritt 6

In der ersten Phase der Projektbearbeitung wurden die Schritte 1 bis 4 bearbeitet. Schritt 4 ist noch nicht abgeschlossen. Es stellte sich heraus, dass es zum Teil schwierig ist, Abläufe und Daten so zu beschreiben, dass alle denkbaren Fälle und Varianten berücksichtigt werden. Erwartungsgemäß bereiteten die im praktischen wissenschaftlichen Alltag gebräuchlichen „unscharfen“ Beschreibungen von Abläufen, Daten und insbesondere die Berücksichtigung aller denkbaren Sonderfälle die größten Schwierigkeiten. Es war für alle Beteiligten ein interessanter und z. T. schwieriger Prozess, die eigenen Arbeitsabläufe und Daten in den gewünschten Gesamtzusammenhang zu setzen und sich auf gemeinsame Bezeichnungen und Datenformate zu einigen. Im Ergebnis entstand folgendes (hier grob dargestelltes) Abbildungsmodell:



Abb. 1: Abbildungsmodell Pflanze – Datenbank  
Fig.1: Model „plant – database“

Daraus resultierend wurde die Datenbank (MySQL auf einem Linux-Server) aufgebaut und mit Hilfe des Entwicklungswerkzeuges „Delphi“ mit der Implementation

des Programmes begonnen. Die folgende Abbildung zeigt den Startbildschirm der Anwendergruppe „Basismaterial“.

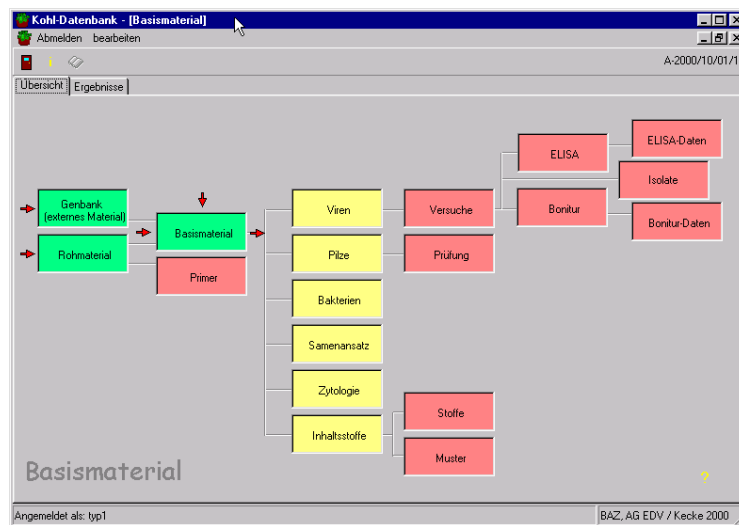


Abb. 2: Programmoberfläche für die Nutzergruppe „Basismaterial“

Fig. 2: User Interface „Basismaterial“

#### Abstract:

Last year, the different working groups involved elaborated the foundations for modelling the work-flow and the data description. It turned out that the definition of common descriptions in a global context was rather difficult. The first modules for data input were implemented.

(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, ist ein Datenbankmodell zu entwickeln. Auf dieser Grundlage sind eine SQL-Datenbank zu implementieren und die erforderlichen Programme zur Datenerfassung und Datenauswertung zu programmieren.

A database model will be 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 Aufgabenstellung fordert die Zusammenfassung einer Reihe von heterogenen Evaluierungsdaten aus Versuchen unterschiedlicher Art und für verschiedene Schaderreger zur Krankheitsresistenz von genetischen Ressourcen des Getreides, insbesondere der Gerste, deren Gemeinsamkeiten darin bestehen, dass es sich um eine gleiche Passport-Datenmenge handelt

Die Datenbankanwendung, die all diese Daten unter einem Dach verwalten und nutzbar machen soll, muss folglich entsprechend strukturiert aufgebaut sein. Betrachtet werden im Rahmen dieses Projektes die 2 Getreideformen

1. Gerste (*Hordeum* spp.) und
2. Weizen (*Triticum* spp.)

und 6 Schaderreger-Typen

1. Bodenbürtige Gerstenviren (BaMMV, BaYMV1, BaYMV2)
2. Gerstengelverzweigungsviren (BYDV)
3. Rostpilze (*Puccinia hordei*, *P. striiformis*)
4. Netzflecken (*Pyrenophora teres*)
5. Mehltau (*Erysiphe graminis*)
6. Aphiden.

Im Laufe des vergangenen Jahres entstanden für die Gerste (*Hordeum* spp.) die Programmmodule zu den Schaderregern 1, 3 und 5.

Die folgende Abbildung zeigt beispielhaft einen Übersichtsbildschirm zu bodenbürtigen Viren.



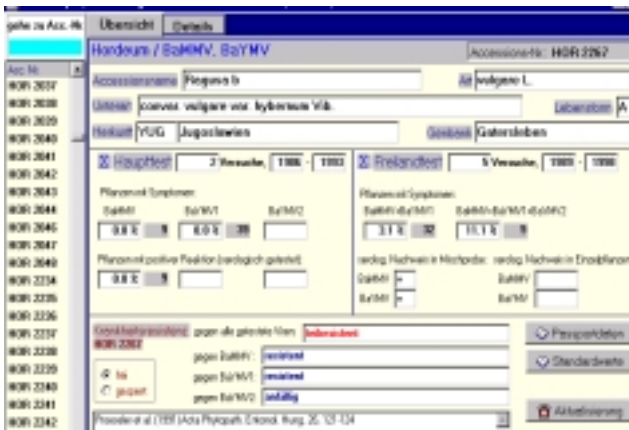


Abb. 1: Bearbeitungsbildschirm

Fig.1: User Interface

Der Zugriff auf die Evaluierungsdaten erfolgt mit dem Programm wahlweise über die Akzessionen (Passportdaten) oder nach Versuchen. Während die Übersicht zusammengefasste Daten liefert, werden die Daten vorwiegend anhand der durchgeführten Versuche als Einzeldaten eingegeben.

Die Evaluierungsdaten zum Schaderregertyp 1 (Bodenbürtige Gerstenviren) werden exportiert und zur Zeit über ZADI/IGR im Internet präsentiert.

#### Abstract:

The project includes evaluation data of 2 species and 6 pathogens. The program modules of *Hordeum* spp. pathogens 1,3 and 5 were implemented during the last year and the data input were started. The user can look for the resistance data in overview windows and input new detail data per trial. The resistance data of type 1 are exported to show them in the internet with the help of ZADI/IGR.

(BAZ-9002)

# Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof

## Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof

### Siebeldingen

Die Anfänge der Rebenzüchtung auf dem Geilweilerhof in Siebeldingen 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. In seiner Amtszeit bis 1995 ist es gelungen, neue, weitgehend resistente Qualitätssorten wie z. B. 'Phoenix' oder 'Regent' zu entwickeln. Erstmals in der Nachkriegsgeschichte der Resistenzzüchtung wurden in den Jahren 1994 und 1996 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 'Regent' mit ca. 420 ha die am weitesten verbreitete pilzresistente Neuzüchtung dar, die mit dem Jahr 2000 in allen deutschen Weinbaugebieten klassifiziert ist. Als Anerkennung für die jahrzehntelangen Anstrengungen des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof auf dem Gebiet der Züchtung neuer Rebsorten mit hoher Pilzresistenz wurde dem Institut der Umweltpreis der Stadt Landau (Pfalz) 1996 verliehen.

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 (neue Rebsorten mit hoher Widerstandskraft gegenüber Schaderregern der Rebe und abiotischen Stressfaktoren, z. B. Frost, Trockenheit) bei gleichzeitig hoher Weinqualität unter Beachtung der Sortenvielfalt des deutschen Weinbaus;
- Erarbeitung von Selektionsmethoden zur Feststellung wertbestimmender Eigenschaften, wie der Resistenz gegen einzelne Schaderreger und Klimafaktoren sowie der Aroma- und Geschmacksstoffe des Mostes und Weines;
- Erarbeitung von Grundlagen zur Genomforschung der Rebe;
- Sammlung, Erhaltung und Evaluierung der genetischen Ressourcen der Rebe;
- Erfassung und Auswertung der wissenschaftlichen Literatur der Weinbauforschung und ihre Speicherung in einer Datenbank durch die Agrardokumentation und -information;
- Seit 43 Jahren Herausgabe der Fachzeitschrift VITIS unter Beteiligung nationaler und internationaler Wissenschaftler und der „Viticulture and Enology Abstracts“ mit Zusammenfassungen der relevanten Wein- und Weinbau-Literatur.

## Züchtung

Seit Jahrzehnten wird am Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof die Züchtung pilzresistenter Keltertraubensorten konsequent verfolgt und erste marktfähige Sorten entwickelt, die dem Hauptziel der Kombination von hoher Weinqualität und hoher Feldresistenz gegen 3 Schadpilze entsprechen. Vor allem der Anbau der Rotweinsorte 'Regent', die zwischenzeitlich in allen deutschen Weinbaugebieten klassifiziert ist und die sehr gute Qualitäts-, Leistungs- und Resistenzeigenschaften besitzt, hat sich in den letzten Jahren ausgedehnt. Für drei weitere pilzwiderstandsfähige Neuzüchtungen (zwei Weißweinsorten, eine Rotweinsorte) wurde die Anbaueignungsprüfung eingeleitet und der Antrag auf Sortenschutz gestellt.

Die prioritäre Bedeutung der Weinqualität in der Rebenzüchtung erfordert umfangreiche chemisch-analytische und organoleptische Prüfungen. Die Weine neuer Rebsorten müssen frei sein von unerwünschten Aromastoffen, d. h. unangenehme, bittere oder fremdartige Aromenoten müssen frühzeitig erkannt und die Zuchtstämme eliminiert werden. Bei der Selektion geeigneter pilzresistenter Rebsorten wird für einige unerwünschte Aromenoten (u. a. Erdbeerton, unerwünschte Alterungsnote, Hybridton) die Aromaanalytik routinemäßig eingesetzt.

## Züchtungsforschung

Im Zuge der Erarbeitung molekularer Marker zur Sortenidentifikation und zur genetischen Kartierung der Weinrebe wurden erhebliche Fortschritte erzielt. So war das Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Mitglied eines internationalen Konsortiums (VMC, „Vitis Microsatellite Consortium“), welches eine Vielzahl neuer Mikrosatellitenmarker entwickelt hat. Darüber hinaus wurden mittels AFLP-(Amplified fragment length polymorphism)-Analyse und automatischer Fluoreszenzdetektion in der Kreuzungspopulation von 'Regent' x 'Lemberger' eine Vielzahl von neuen Markern in ihrer Aufspaltung untersucht und so die genetischen Karten beider Rebsorten verbessert. Gleichzeitig wurden erstmals Marker aus kodierenden Genbereichen erhalten und zur Kartierung verwendet. In der genetischen Karte der Rebsorte 'Regent' wurden Regionen identifiziert, welche das züchterisch wichtige Merkmal der Resistenz gegen den Falschen Mehltau (*Plasmopara viticola*) und andere weinbauliche Eigenschaften in ihrer Ausprägung beeinflussen. In der Analyse der Resistenzmechanismen gegen den Falschen Mehltau konnte gezeigt werden, dass bei resistenten Sorten nach der Infektion früh und rasch Abwehrreaktionen der Rebe in Gang gesetzt werden. Auch eine „hypersensitive Reaktion“, d. h. das eng lokalisierte, schnelle Absterben befallener Zellen zur Eingrenzung des Schädlingsbefalls, scheint als Resistenzmechanismus eine Rolle zu spielen. Bei der Entwicklung neuer Techniken zur Sortenidentifikation konnte an einem Spektrum von etwa 40 „true to type“ Unterlagssorten der Weinrebe das genetische Profil an 16 Mikrosatellitenorten aufgenommen und verifiziert werden, was nun die Möglichkeit bietet, diese Sorten an Hand molekularer DNA-Analysetechniken zu überprüfen.



Abb. 1: Nachweis der Abstammung der Sorte 'Müller-Thurgau' von 'Riesling' und 'Madeleine Royale'

Fig. 1 Evidence for the descent of the variety 'Müller-Thurgau' from 'Riesling' and 'Madeleine Royale'

In den vergangenen Jahren wurde viel über die Abstammung der Rebsorte 'Müller-Thurgau' berichtet, jedoch waren nicht alle ihre Eigenschaften aus den vorgeschlagenen Eltern zu erklären. Ampelographische und molekulargenetische (STMS) Untersuchungen an sortenechten Reben (true to type) zeigten, dass sowohl Phänotyp als auch Genotyp ausgehend von den Kreuzungseltern 'Riesling' x 'Madeleine Royale' zu erklären sind. Frühe Reife, die Struktur der Traube sowie eine dezente Muskatnote von Beeren und Wein sind Eigenschaften, die sich auf 'Madeleine Royale' zurückführen lassen (Abb. 1).

Die im Jahr 1999 begonnene Freisetzung transgener Reben wurde im Frühsommer diesen Jahres fortgesetzt um Fehlstellen zu schließen. Im Partnerinstitut (LWG) wurden ebenfalls noch fehlende transgene 'Riesling'-Reben nachgepflanzt. Die transgenen Freilandreben weisen in der Entwicklung keine Unterschiede zu Kontrollpflanzen auf.

Untersuchungen der Trockenresistenz bei geringer Boden- und Luftfeuchtigkeit ergaben sortentypische Empfindlichkeiten der stomatären Reaktion. Bei Freilandreben war die unterschiedliche Blattdicke dreier Sorten positiv korreliert mit der Elektronentransportrate, der maximalen Photosyntheserate und dem Xanthophyll-Pool der Blätter; dem Xanthophyll-Pool wird eine Schutzwirkung bei hoher Strahlungsintensität zugeschrieben. Die Botrytis-Resistenz der Traube wird von der Haftfähigkeit der Sporen auf der Beerenoberfläche bestimmt. Sorten mit homogener Wachsbedeckung wie 'Regent' oder *V. Labrusca*-Abkömmlinge zeigen deutlich einen Lotos-Effekt bis zum Zeitpunkt der Lese, d. h. Regen ist in der Lage, die Oberfläche der Beeren von anhaftenden Sporen zu reinigen. Bei anfälligen Sorten wie 'Morio Muskat' ist dieser Effekt nicht zu beobachten; hier keimen nach Befuchtung der Oberfläche die anhaftenden Sporen aus und verderben das Lesegut (Abb. 2).



Abb. 2: Kontaktfläche eines Wassertropfens auf der kutikulären Wachsschicht von Weinbeeren: pilzresistente Sorte (links), pilzanfällige Sorte (rechts)

Fig. 2: Contact area of a water droplet at the cuticular wax layer of grape berries: fungus resistant variety (left), fungus sensitive variety (right)

### Genetische Ressourcen der Rebe

In einer Datenbank sind ca. 17.000 weltweit vorkommende Rebarten, -sorten und Zuchtstämme erfasst. Die für ihre Nutzung wichtigsten Daten (Passport-Daten, morphologische und wertbestimmende Merkmale) sind registriert. Diese Datenbank ist im Internet (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>) zugänglich. Das eigene Rebsortiment, das bevorzugt pilzresistente Reben und eine umfassende Sammlung alter Landsorten aus dem deutschsprachigen Raum enthält, umfasst zur Zeit 2.862 Genotypen. Diese werden hinsichtlich ihres züchterischen Potentials bewertet. Ein weiterer Schwerpunkt ist die Bestandsaufnahme, Identifizierung und Sicherung der deutschen Landsorten, die mit den Methoden der modernen Ampelographie und des genetischen Fingerabdrucks (STMS-Marker) neu beschrieben und charakterisiert werden und deren weinbauliches und züchterisches Potential im Abgleich mit der weinbaulichen Literatur der letzten Jahrhunderte neu bewertet wird.

It was Peter Morio who started his comprehensive cross breeding programme 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 ca. 420 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 varieties, especially under consideration of the wide diversity of varieties in German viticulture;
- development of selection methods to assess characteristics such as resistance to noxious agents, and climatic stress factors (e.g. drought, frost), and the flavour and taste determining aroma components;
- research on the genome of grapevines;
- collection, maintenance, and evaluation of valuable germplasm of *Vitis*;
- since 43 years publication of the international periodical 'VITIS - Journal of Grapevine Research' and 'Viticulture and Enology Abstracts', supplement to the periodical 'VITIS', providing abstracts on grape and grapevine science from scientific literature published throughout

the world;

- documentation and database containing scientific literature of viticulture and enology.

### **Breeding**

Breeding of fungus resistant grapevine cultivars is a long-term goal of the institute. Meanwhile we succeeded in developing new cultivars with combined high wine quality and high fungus resistance. In 1994 and 1996, for the first time in the German history of fungus resistant cultivars, the cultivars 'Phoenix' (white) and 'Regent' (red) were classified for general growing purpose. Due to its high quality, stable yield and resistance features, 'Regent' has by now reached a high acceptance and is permitted to be grown in all German wine growing areas. In the meantime, 'Regent' is the first fungus-resistant grape variety which has received „Community Protection“ within the EU. Further promising fungus resistant cultivars are presently tested for their cultivation suitability.

The product wine demands a high status of quality, implicating extensive chemical, analytical and sensory examinations. Only wines, free of off-flavours, like strawberry flavour, undesired ageing tone, hybrid tone, are accepted by consumers. Routine analytic is applied to select suitable fungus resistant cultivars with a high wine quality.

### **Breeding research**

Considerable progress was achieved concerning the development of molecular markers for variety identification and genetic mapping. The Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof formed part of an international consortium (VMC, Vitis Microsatellite Consortium), who developed a high number of new microsatellite markers. In addition, AFLP (amplified fragment length polymorphisms) analysis with fluorolabelling and automated fragment detection was applied to study the segregation of a multitude of markers in the population derived from crossing 'Regent' x 'Lemberger' to improve the genetic map of these varieties. Markers derived from coding gene sequences were used for the first time in these mapping approaches. The genetic map of 'Regent' contains areas that correlate as QTLs (quantitative trait loci) to the phenotype of resistance to downy mildew (*Plasmopara viticola*) and other viticulturally important traits. Studies on the mechanism indicated that resistant varieties show early and fast defense responses. The „hypersensitive reaction“, a strictly localized and quick death of infected cells with the purpose to limit pathogen progression, was also found relevant in resistance. In the variety identification trials genotyping of a sample set of 40 rootstock varieties at 16 microsatellite loci yielded the corresponding profiles, offering the possibility to check such varieties based on molecular markers.

The release of genetically modified grapevine varieties started in 1999 has been continued at the Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof and at the Bavarian State Institute of Viticulture and Horticulture at Würzburg. No differences between GMOs and control plants were observed.

Investigations on drought resistance mechanisms of grapevine varieties indicated variety-specific stomatal reactions at low air and soil humidity. High leaf thickness was positively correlated with high rates of photosynthesis, electron transport and the xanthophyll pool which is known to play an important role in photoprotection.

Ampelographic investigations supported by molecular marker analysis were used to reevaluate the progenitors of cv. 'Müller-Thurgau'. There is evidence that 'Müller-Thurgau' is a descent of the offspring of a 'Riesling' and 'Madeleine Royale' hybridisation (Fig. 1).

Resistance of berries against *Botrytis* depends on the adhesive strength of spores at the surface of berries (Fig. 2). In contrast to non-resistant varieties, berries of resistant varieties, e. g. 'Regent', have a homogenous wax coating, which demonstrates the typical lotos effect until harvest, i.e. rain may wash off spores from the berry surface.

### **The genetic resources of *Vitis***

In our grapevine database 17.000 *Vitis* species, cultivars and breeding lines from all over the world are registered, comprising the most important features (passport-data, morphological and breeding-

relevant characteristics). The database (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>) is accessible via Internet. The grapevine collection of the Institute of Grapevine Breeding maintains 2862 genotypes, mainly fungus resistant cultivars. Further emphasis is laid on the survey, identification and conservation of old German cultivars, which are described and characterized by methods of modern ampelography and genetic finger printing (STMS-marker) to evaluate their viticultural and breeding potential in comparison with viticultural literature of the last centuries.

## 1. Resistenzforschung Research on resistance of grapevines

### 1.1. Untersuchung der Oberflächen von Beeren pilz-resistenter und nichtresistenter Rebsorten Investigation on the berry surface of resistant and non-resistant grape cultivars

Bachmann, O.

Zielsetzung/Aim:

*Botrytis*-Befall vermindert besonders bei roten Sorten die Most- und Weinqualität. Eine kühl-feuchte Witterung bietet dem Pilz optimale Lebensbedingungen. Deshalb wurden unter diesen Bedingungen die Abwehrmechanismen pilzresistenter Sorten gegen *Botrytis* untersucht.

Especially for red grape varieties *Botrytis cinerea* infection of grapes can lower must and wine quality distinctly. The defense mechanisms of fungus resistant vines against *Botrytis* were studied under cool, moist weather conditions which are most favorable for the development of *Botrytis cinerea*.

Ergebnisse:

Entsprechend der physikalisch-chemischen Eigenschaften des Wachsbelages der Traubenbeeren sind anhaftende Wassertropfen unterschiedlich geformt. Bei guter Benetzbarkeit verteilt sich der Wassertropfen auf eine größere Fläche der Beere, bei schlechter Benetzbarkeit haftet er dagegen nur auf einer kleinen Fläche der Beere, wobei die Verdunstungsgeschwindigkeit an der Beerenoberfläche zunimmt. Bei geringer Haftfläche des Tropfens ist der Tropfen leicht beweglich und reinigt die Beerenoberfläche („Lotos-Effekt“).

Die kurze Verfügbarkeit des Wassers und der Selbstreinigungseffekt reduzieren bei einigen resistenten Sorten das Wachstum von *Botrytis cinerea*. Bei der nichtresistenten Sorte ‘Morio Muskat’ nimmt die Benetzbarkeit im Verlaufe der Reife zu, während Beeren der Sorte ‘Regent’ auch kurz vor der Lese noch wasserabstoßend sind.

Bei drei Sorten mit unterschiedlicher Anfälligkeit wurde das Wachs der Beeren während der Beerenreife qualitativ und quantitativ analysiert. Die aufgetrennten Substanzen sollen der sortentypischen *Botrytis*-Resistenz zugeordnet werden.

Abstract:

Resistance to *Botrytis cinerea* infection of grape berries is associated with the self-cleaning effect of rain droplets on highly unwettable berry surfaces („Lotos effect“). Small droplets are fixed to the surface only by weak forces and are highly mobile carrying spores of fungi away. *Botrytis cinerea* needs the moist surface of grape skins after rain

or misty weather for germination of spores. Smaller water droplets evaporate faster and thus time is too short for germination of spores on highly water repellent surfaces of resistant cultivars like ‘Regent’. In contrast to susceptible varieties water repellent conditions of the skin surface of resistant varieties are robust during ripening. The wax layer on grape berries has been analysed during ripening and its composition will be related to *Botrytis* resistance.

(BAZ-5139)

### 1.2. 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.; Zyprian, E.

Zielsetzung/Aim:

*Plasmopara viticola*, der Falsche MehltauPilz, ist nach wie vor einer der wichtigsten Krankheitserreger im deutschen Weinbau. Durch konventionelle Züchtung gelang es in den vergangenen Jahrzehnten, neue feldresistente Rebsorten zu erzeugen und erste Erfolge am Markt zu erzielen. Die dabei beteiligten Resistenzmechanismen sind jedoch noch wenig verstanden. Daher ist es das Ziel dieser Arbeit, die grundlegenden Resistenzantworten aufzuklären.

*Plasmopara viticola*, the downy mildew fungus, is still one of the most important pathogens in German viticulture. Breeding efforts resulted in new field-resistant grapevine varieties and first results on the market. However, very little knowledge exists about the involved resistance mechanisms. Therefore, the project is aimed at the elucidation of the basic resistance response.

Ergebnisse:

Vergleichend wurden an anfälligen und resistenten Rebsorten cytologische Studien über den Verlauf der Plasmo-parainfektion durchgeführt. Neben einer erhöhten Enzyminduktion bei resistenten Weinreben war eine als „hypersensitive Reaktion“ (Abb. 1a und b) bekannte Abwehrreaktion zu beobachten, die zu einem frühzeitigen Absterben des Pilzes führt. Die Untersuchung der mit Hilfe der „Differential Display“-Technik identifizierten spezifisch induzierten Transkripte ergab, dass u.a. Gene, welche für PR („Pathogenesis related“) - Proteine kodieren, während der Abwehrreaktion früh im Infektionsverlauf bei resistenten Sorten aktiviert werden.

Projektförderung: Deutsche Forschungsgemeinschaft

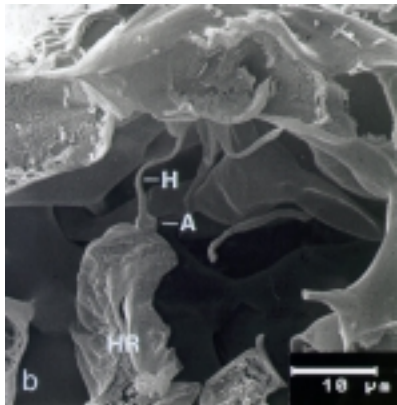
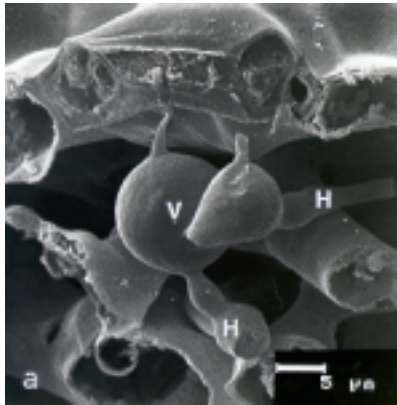


Abb. 1a: Rasterelektronenmikroskopische Darstellung eines infizierten Blatts der Rebsorte 'Riesling' (*Vitis vinifera*) einen Tag nach Infektion mit *Plasmopara viticola*. Ein volumenreiches substomatäres Vesikel (V) sowie cytoplasmareiche Hyphen (H) sind zu erkennen, was auf eine erfolgreiche Infektion schließen lässt. Balken = 5 µm.

Fig. 1a: Scanning electron micrograph of an infected leaf of cv. 'Riesling' (*Vitis vinifera*) one day after infection with *Plasmopara viticola*. Enlarged substomatal vesicles (V) and hyphae (H) containing a large volume of cytoplasm indicate successful infection. Bar = 5 µm.

Abb. 1b: Rasterelektronenmikroskopische Aufnahme eines Blattes einer resistenten Rebsorte (*Vitis riparia* cv. 'Gloire de Montpellier') einen Tag nach Infektion mit *Plasmopara viticola*. Obwohl Keimhyphen (H) und Appressorien (A) gebildet wurden, ist kein weiteres Wachstum des Pilzes festzustellen. Deutlich ist das frühzeitige Absterben (Hypersensitive Reaktion, HR) einer infizierten Parenchymzelle zu erkennen. Balken = 10 µm.

Fig. 1b: Scanning electron micrograph of the leaf of a resistant variety (*Vitis riparia* cv. 'Gloire de Montpellier') one day after infection with *Plasmopara viticola*. Although germ tubes (H) and appressoria (A) have been formed, no further growth is detectable. The early decline (hypersensitive reaction, HR) of an infected parenchymatic cell is clearly visible. Bar = 10 µm.

#### Abstract:

Cytological studies were performed to follow up the development of *Plasmopara* infections on susceptible and resistant grapevine varieties. Besides a highly efficient induction of enzymes, a specific response known as „hypersensitive reaction“ (cf. Fig. 1a and b) could be detected in the resistant grapevines. The investigation of specifically induced transcripts as revealed by „differential display“ techniques indicated that genes encoding PR (pathogenesis related) proteins are activated early during the infection of resistant varieties.

Funding: Deutsche Forschungsgemeinschaft

In Zusammenarbeit mit: Lehrstuhl für Weinbau, Universität Stuttgart-Hohenheim, Blaich, R. (BAZ-5130)

## 2. Stressphysiologie Stress physiology

### 2.1. Untersuchungen zur Trockenresistenz von Rebsorten Studies on drought resistance of grapevine varieties Düring, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Wassermangel führt bei Reben zu einer negativen Beeinträchtigung der Qualitätsbildung in den Weinbeeren. Da in Deutschland eine Bewässerung, abgesehen von wenigen Ausnahmen, nicht erlaubt ist, sollen zur Sicherung einer hohen Most- und Weinqualität trockenresistente Sorten zum Anbau gelangen. Zu ihrer Identifizierung werden Methoden entwickelt, die das sortenspezifische Widerstandsvermögen gegenüber Trockenstress erkennbar machen.

Drought has a negative influence on processes leading to a high quality of grape berries. Since irrigation, with a few exceptions, is not permitted to produce „quality wine“ the maintenance of high must and wine quality under drought conditions has to be achieved by drought-tolerant varieties. To identify drought-tolerant varieties methods are developed by which the variety-specific strategy of drought tolerance can be characterised.

#### Ergebnisse:

Eine Fortführung der Untersuchungen zum Einfluss geringer Luftfeuchtigkeit auf das Spaltöffnungsverhalten einzelner Rebsorten bestätigte Ergebnisse, nach denen zunehmender Wassermangel im Boden die stomatare Empfindlichkeit gegenüber abnehmender Luftfeuchtigkeit erhöht; hierbei war 'Riesling' etwas empfindlicher als 'Müller-Thurgau'. Die Spaltöffnungsreaktionen der Sorte 'Phoenix' waren dagegen deutlich geringer, hier setzte die Stomatenschließung erst bei sehr geringer Bodenfeuchte ein. Diese Ergebnisse zeigen, dass die bekannte hohe Trockenresistenz des 'Riesling' auf seiner Fähigkeit zur Vermeidung von Trockenstress beruht, während 'Phoenix' als trockenresistente Sorte eingestuft werden kann. - Untersuchungen der Chlorophyllfluoreszenz an Sorten

mit unterschiedlicher Blattdicke ('Müller-Thurgau' 1,20 mm, 'Riesling' 1,37 mm, 'Dornfelder' 1,51 mm) ließen erwartungsgemäß bei zunehmender Lichtintensität eine Abnahme der Quantenausbeute und einen Anstieg der Elektronentransportrate (ETR) erkennen. Hierbei zeigte 'Dornfelder' die höchste, 'Müller-Thurgau' die geringste ETR; 'Riesling' nahm einen mittleren Platz ein. In sonnenadaptierten Freilandblättern dieser drei Sorten korrelierte die ETR positiv mit der maximalen Photosyntheserate und dem Xanthophyll-Pool der Blätter (Violaxanthin + Antheraxanthin + Zeaxanthin). Diesem Pool wird bei hoher Strahlung eine Lichtschutzwirkung zugeschrieben. Gleichzeitig war die Rate an überschüssiger, photosynthetisch nicht genutzter Lichtenergie („excessive energy“) in Blättern von 'Müller-Thurgau' am höchsten, in 'Dornfelder'-Blättern am geringsten. Der Befund, dass Sorten mit dicken Blättern an eine hohe Strahlungsenergie besser angepasst sind bzw. diese besser nutzen als solche mit dünnen Blättern, ist möglicherweise als frühdiagnostisches Prinzip zur Selektion strahlungsresistenter Sorten nutzbar.

Abstract:

Further investigation on stomatal sensitivity of grape varieties to low air humidity confirmed earlier results indicating that low soil moisture content enhances stomatal sensitivity. In contrast to 'Riesling' (drought resistant) stomatal reactions of the newbred 'Phoenix' were shown to be fairly insensitive to a lowering of air humidity, even at a lower soil moisture content. Thus drought resistance of 'Riesling' is supposed to be due to drought avoiding while 'Phoenix' is tolerating drought. – Electron transport rates (ETR) and rates of maximum photosynthesis of three varieties differing in leaf thickness increased with increasing light intensity, thick leaves of 'Dornfelder' indicating higher rates than thin leaves of 'Müller-Thurgau'. Compared to 'Müller-Thurgau' leaves 'Dornfelder' leaves had a higher xanthophyll pool, which has been shown to play a decisive role in light protection. The relative high xanthophyll pool in 'Dornfelder' leaves was associated with its relative low rate of 'excessive' light, indicating a higher adaptation and efficiency of thicker leaves under high light conditions. This may possibly be a useful tool to identify radiation-resistant varieties during selection.

In Zusammenarbeit mit: CSIRO, Division of Plant Industry; Waite Univ. Adelaide, Australien, Loveys, B.R.; Dry, P.R.  
(BAZ-5108)

## 2.2. Untersuchungen von Werteigenschaften bei Rebsorten: Frosttoleranz

### Evaluation of important characters of grape varieties: winter hardiness

Düring, H.

Zielsetzung/Aim:

Vor allem in Gebieten mit kontinentalem Klima führen Winterfröste bei Reben zu Schäden; das Erfrieren einzelner Knospen oder ganzer Stöcke verursacht ein- bzw.

mehrfährige Ertragsausfälle. Zur Ermittlung der Frostresistenz alter und neuer Sorten werden deshalb Verfahren entwickelt, mit denen in einem möglichst frühen Stadium der Selektion die Abhärtungsbereitschaft von Rebknospen untersucht werden kann.

Especially in areas with continental climate, winter frost can damage grapevines, freezing of single buds or total vines leading to reductions or total losses of yield. To estimate the degree of winter hardiness of traditional and new varieties diagnostic principles have to be developed which enable the characterisation of the adaptability of grapevine buds to low temperatures as early as possibly during selection.

Ergebnisse:

Zur Absicherung der im Vorjahr gewonnenen Daten zur Frostresistenz alter Landsorten wurden 21 dieser Sorten sowie als Referenzsorten 'Riesling' (resistent) und 'Silvaner' (empfindlich) erneut untersucht. Nach Abhärtung und Testfrostungen bei  $-22$ ,  $-25$  bzw.  $-30$  °C wurde der im Vorjahr bestimmte Frostresistenzgrad für die Mehrzahl der Sorten bestätigt. So wiesen die Sorten 'Hängling blau', 'Räuschling weiß', 'Orangetraube', 'Putzschere' und 'Arbst blau' wie im Vorjahr eine ähnlich hohe oder höhere Frostresistenz als 'Riesling' auf, während 'Heunisch weiß', 'Fischtraube', 'Muskat St. Laurent', 'Seidentraube', 'Olber', 'Urban weiß' und 'Knipperle Ortliober spät' wiederum eine teilweise deutlich geringere Frostresistenz aufwiesen. Allerdings ergaben sich für eine Reihe von Sorten auch widersprüchliche Ergebnisse, so dass weitere Untersuchungen notwendig erscheinen.

Abstract:

Investigations on winter hardiness of 21 ancient landraces as well as 'Riesling' (frost resistant) and 'Silvaner' (frost sensitive) were repeated. The results indicate that for the majority of varieties the rates of winter hardiness resembled those obtained last year. Since some varieties differed in their degree of hardiness further investigations are planned.

(BAZ-5107)

## 3. Methodenforschung

### Methodological research

### 3.1. Entwicklung molekularer Marker für Pilzresistenz und andere züchterisch wertvolle Eigenschaften der Weinrebe, Kartierung und Genomanalyse

#### Development of molecular markers for fungal disease resistance and other agronomically important traits, mapping and genome analysis

Fischer, B.; Salakhutdinov, I.; 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. Der damit erforderliche regelmäßige



Einsatz von Fungiziden belastet jedoch die Umwelt. Deshalb ist es ein wichtiges Ziel der modernen Rebenzüchtung, neue resistente Qualitätssorten zu erzeugen. Molekulare Marker, welche mit züchterisch relevanten Eigenschaften wie der Resistenz korrelieren, erlauben eine frühe Einschätzung des genetischen Potentials für die zielgerichtete Auswahl geeigneter Pflanzen im Zuchtgang. 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. 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 modern grapevine breeding. Molecular markers correlating with inheritable traits such as resistance allow early evaluation of the genetic potential, focussing laborious scoring procedures on promising plant material (marker-assisted selection). In addition, such molecular markers provide experimental access to analyze the corresponding genes by positional cloning, which is a prerequisite for elucidation of their functions and their use in biotechnological applications to improve traditional grapevine cultivars.

#### Ergebnisse:

Die Entwicklung und Kartierung molekularer Marker erfolgt schwerpunktmäßig an der Testpopulation aus der Kreuzung von ‘Regent’ x ‘Lemberger’. Hierbei handelt es sich um die Kreuzungsnachkommenschaft einer im Feld mehrfach pilzresistenten Sorte ‘Regent’ mit dem anfälligen Parentaltyp ‘Lemberger’ (syn. ‘Blaufränkisch’). Insbesondere die Resistenz gegen den Erreger des Falschen Mehltaus, *Plasmopara viticola*, spaltet in der Nachkommenschaft deutlich als quantitatives Merkmal auf. Darüber hinaus liegen Felddoniturdaten aus mehreren Beobachtungsjahren zu 23 weiteren phänotypisch variierenden Merkmalen von agronomischer Bedeutung an dieser Population vor.

Die Analyse der genetischen Konstitution der 155 Einzelnachkommen erfolgt mit vier verschiedenen Markertypen: Neben RAPDs (Random amplified polymorphic DNAs), welche 278 polymorphe Marker lieferten, kommen jetzt bevorzugt AFLP (Amplified fragment length polymorphisms)-Marker und Mikrosatelliten (STMS, Sequence tagged microsatellite sites) als „anonyme“ genetische Marker zum Einsatz. Bei der AFLP-Analyse werden 20 verschiedene Primerkombinationen verwendet, die mehrere hundert polymorphe Marker schaffen, welche nach Fluoreszenzmarkierung in der Kapillarelektrophorese detektiert werden. Diese Daten sind zur Zeit in Auswertung. Bezüglich der STMS Marker wurde ein erheblicher Fortschritt dahingehend erreicht, dass im Rahmen eines internationalen Konsortiums (VMC, Vitis Microsatellite Consortium) gemeinsam mit 20 weiteren Arbeitsgruppen eine Vielzahl neuer STMS analysiert und so als locuspe-

zifische Marker verfügbar gemacht wurden. Derzeit sind 108 STMS Loci im Parentalscreening der Kartierungspopulation mit ihren experimentellen Kenndaten erfasst. Diese Erfahrungen werden auch im Rahmen anderer Projekte im Haus genutzt. 30 der STMS-Marker sind inzwischen über die Gesamtheit der Kartierungspopulation in ihrer Segregation der verschiedenen Allele untersucht. Zusätzlich zu diesen „anonymen“ Markertechniken wurde die genetische Analyse mit PCR-Amplifikaten aus bekannten kodierenden Genen der Weinrebe initiiert. Hierbei muss nach der originären Amplifikation eine Darstellung segregierender Polymorphismen, z. B. durch unterschiedliche Spaltbarkeit der Amplifikate von beiden Allelen mit Restriktionsenzymen versucht werden (Abb. 1).

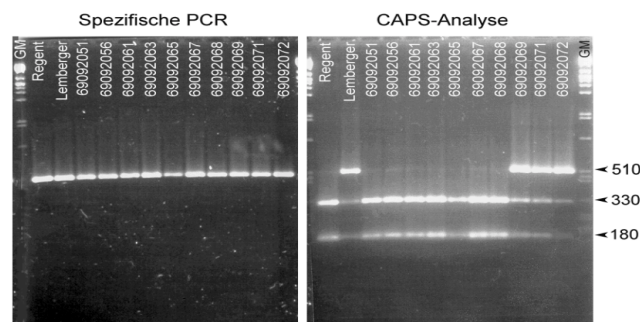


Abb. 1: Spezifische Amplifikation von Teilbereichen der kodierenden Sequenz für UFGT (UDP-Glucose-flavonoid-3-0-glucosyltransferase) in der linken Bildhälfte und Darstellung eines segregierenden Polymorphismus zwischen den beiden UFGT-Allelen nach Restriktion mit dem Restriktionsenzym *HpaII* im rechten Teil der Abbildung. Trennung der Amplifikate bzw. ihrer Restriktionsprodukte im 2 %-igen Agarosegel. ‘Regent’ und ‘Lemberger’ als Parentaltypen sowie 10 Nachkommen aus der Kreuzungspopulation. GM = Größenmarker. Die Länge der Amplifikate bzw. ihrer Restriktionsprodukte ist rechts am Bildrand in bp angegeben.

Fig. 1: Specific amplification of parts of the coding sequence for UFGT (UDP-Glucose-flavonoid-3-0-glucosyltransferase) in the left picture and demonstration of a segregating polymorphisms between the two UFGT alleles after restriction with *HpaII* on the right hand side. Amplificates and their restriction products were resolved on 2 % agarose gels. ‘Regent’ and ‘Lemberger’ paternal patterns as well as the allelic profiles of ten progenitors are shown. GM = size standard. The length of the amplificates is indicated in bp.

Von 12 Teilbereichen aus kodierenden Genen, welche als Amplifikate der Weinrebe erhalten werden konnten, zeigen bisher sechs segregierende Polymorphismen nach Restriktion (CAPS-Marker, cleaved amplified polymorphic sequences). Die unterschiedlichen (genetisch dominanten und codominanten) molekularen Marker werden über die Parentaltypen und die 155 Einzelindividuen der Nachkommenschaft in ihrer Segregation erfasst. Die Daten aus der so entstehenden Matrix werden anschließend mit geeigneten Programmen auf Kopplung und

Rekombination zur genetischen Kartierung verrechnet. Inzwischen wurde für 'Regent' eine Karte mit 24 Kopplungsgruppen und einer Größe von insgesamt 2158 cM erarbeitet. Der mittlere Markerabstand beträgt derzeit 19.4 cM und die mittlere Markerdichte liegt zur Zeit bei 4.9 Markern/Kopplungsgruppe. Durch die Integration der AFLP- und CAPS-Marker ist in Kürze eine wesentliche Verdichtung der Karte zu erwarten.

Der Abgleich der genetischen Kartierungsdaten mit den segregierenden phänotypischen Merkmalen in der QTL (Quantitative trait locus)-Analyse liefert mit der derzeitigen Karte von 'Regent' Korrelationen von definierten Regionen mit sieben züchterisch bedeutsamen Merkmalen, darunter der Plasmopararesistenz. Auffällig hierbei ist, dass die QTL-Analyse der Nekrosenbildung bei Plasmoparabefall weitgehend der Plasmopararesistenzbonitur insgesamt entspricht, was auf eine wichtige Rolle dieser Abwehrreaktion in der Resistenz hinweist.

Zusätzlich zu den Studien an der Kreuzungspopulation 'Regent' x 'Lemberger' wurden AFLP Analysedaten, welche im Vorjahr dank spezieller Unterstützung durch das Bundesministerium für Landwirtschaft und Forsten an einer weiteren Kreuzungsnachkommenschaft von 'Gf.Ga47-42' x 'Villard blanc' vorgenommen werden konnten, im Lauf des Jahres durch RAPD- und STMS-Analysen supplementiert. Diese Population spaltet phänotypisch für Pilzresistenzen und Aromakomponenten sowie weitere Merkmale auf. Durch die bisherige genetische Verrechnung in der Kopplungs-/Rekombinationsanalyse konnten 15 Kopplungsgruppen bei 'Gf.Ga47-42' und 18 Kopplungsgruppen für 'Villard blanc' definiert werden. In beiden parental Sätzen an Kopplungsgruppen konnten hier QTLs im Zusammenhang mit Resistenz gegen *Plasmopara viticola* lokalisiert werden.

Förderung: Deutsche Forschungsgemeinschaft sowie teilweise über die „Freunde und Förderer des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof“

#### Abstract:

Development and mapping of molecular markers is performed mainly on the population derived from the crossing of 'Regent' x 'Lemberger'. This population represents progeny of the multiple fungus-disease resistant cv. 'Regent' to the susceptible cv. 'Lemberger' (syn. 'Blaufränkisch'). Especially resistance to the downy mildew fungus *Plasmopara viticola* segregates clearly as quantitative trait in this progeny. Another 23 agronomic traits have been scored in their segregation over this population in the field.

The genotypes of the 155 individual progenitors are analyzed using four different marker types: Besides RAPDs (random amplified polymorphic DNA) that resulted in 278 markers, AFLP (amplified fragment length polymorphisms)- and microsatellite (STMS, sequence tagged microsatellite sites)- markers were preferentially used as „anonymous“ markers. In AFLP studies 20 different primer combinations were employed to generate several hundreds of markers, that are detected after fluorolabeling by capillary electrophoresis. This data is currently being processed. In regard to the STMS markers, considerable

progress was achieved by analyzing a plentitude of new STMS sequences to obtain locus-specific markers within the frame of an international consortium (Vitis microsatellite consortium, VMC) of this research team together with 20 other teams. Currently, 108 STMS loci have been used in parental screenings and scored with their experimental details. This new knowledge is also applied within other research projects of the institute. 30 of these STMS markers have been studied through the complete population recording segregation of their alleles.

In addition to these anonymous markers, the analysis of markers derived from known coding sequences of grapevine genes has been initiated. In these cases, the original amplification products have to be screened for their possibility to exhibit allelic polymorphisms, e.g. by demonstrating sequence variability through differential patterns obtained after cutting with restriction enzymes (CAPS, cleaved amplified polymorphic sequences). For six out of 12 gene fragments analyzed, polymorphisms could be detected (cf. fig. 1).

All the different markers (dominant and codominant ones) are recorded following their segregation over the complete population (including the parental genotypes). The data matrix thus generated is analyzed in genetic mapping with specific computer programs on the basis of linkage and recombination frequencies. Currently, the genetic map of 'Regent' comprises 2158 cM and exhibits 24 linkage groups with an average marker density of 4.9 markers/linkage group and 19.4 cM average marker distance. The integration of AFLP- and CAPS markers is expected to saturate the map to higher density shortly.

Comparison of the genetic constitutions of the individual progenitors to their phenotypes in QTL (quantitative trait analyses) studies revealed correlations between specific genetic regions and seven different agronomically important traits, including resistance to *Plasmopara viticola*. It seems noteworthy to mention that the necroses observed during *Plasmopara* infection correlate to the overall phenotype of *Plasmopara* resistance indicating that this defense reaction may play a significant role in the mechanism of resistance.

In addition to these studies on 'Regent' x 'Lemberger', we were able to supplement AFLP data, that could have been analyzed in the previous year due to special engagement through the German Federal Ministry of Agriculture and Forestry, on a second mapping population 'Gf.Ga47-42' x 'Villard blanc' by RAPD- and STMS markers. This mapping population comprising 155 individual progeny plants segregates phenotypically for fungus disease resistances as well as for the must contents in aroma compounds. Genetic analysis in linkage/recombination studies revealed 15 linkage groups for 'Gf.Ga47-42' and 18 linkage groups for 'Villard blanc'. QTLs correlating with resistance to *Plasmopara viticola* could be localised within both parental sets of linkage groups.

Funding: Deutsche Forschungsgemeinschaft and partially „Friends and Sponsors of the Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof“ (Fellowship for I. Salakhutdinov).

(BAZ-5115)

### 3.2. Entwicklung experimentell stabiler Marker zur Differenzierung von Unterlagssorten der Weinrebe

#### Development of experimentally stable molecular markers for the differentiation of rootstock varieties

Zyprian, E.; Töpfer, R.

##### Zielsetzung/Aim:

Seit der Reblauskrise im 19. 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 19th century scion cultivars of grapes are grafted onto Phylloxera-resistant rootstocks. These are derived from crosses of American wild *Vitis* species 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:

Die Analysen zur Differenzierung der Unterlagen wurden auf die Untersuchung der Polymorphismen an Mikrosatellitenloci (STMS, „Sequence tagged microsatellite sites“) konzentriert. 43 Unterlagssorten waren bereits 1998/99 erstmalig an 16 SSR („Simple sequence repeats“) Loci charakterisiert worden. Diese Daten wurden im Jahr 2000 anhand neu durchgeführter, unabhängiger DNA Extraktionen aus ampelographisch überprüfem Material verifiziert. Damit konnte ein Katalog der genotypischen Profile häufig verwendeter Unterlagssorten erstellt werden.

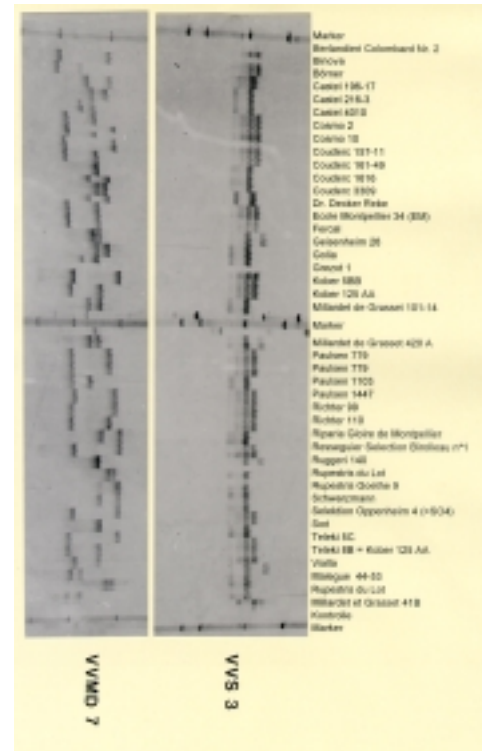


Abb. 1: Allellängenpolymorphismen an zwei Mikrosatellitenloci. Untersuchung zur Charakterisierung von Unterlagssorten. Trennung der allelischen PCR-Produkte im denaturierenden 6 % Polyacrylamid-Gel. Detektion mit Silberfärbung.

Fig. 1: Allele length polymorphisms at two microsatellite loci. Molecular study for the characterisation of rootstock cultivars. Separation of allelic PCR products in 6 % denaturing polyacrylamide gels. Detection by silver staining.

##### Abstract:

Assays aiming at the differentiation of rootstock varieties were focussed on investigations of the polymorphisms at microsatellite (STMS, sequence tagged microsatellite sites) loci. A sample set of 43 different rootstock varieties has been characterized initially at 16 SSR („simple sequence repeats“) loci in the years 1998/99. The genotypic profiles obtained were verified during the year 2000 using independently prepared DNA extractions from ampelographically confirmed collection material.

(BAZ-5135)

### 3.3. Erzeugung von embryogenem 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 embryogenem 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. Thus, a method for a seasonably independent availability of inflorescences for anther excision would be a great benefit to obtain large amounts of embryogenic material throughout the year.

#### Ergebnisse:

Die im Vorjahr für die erste Jahreshälfte ausgewerteten Versuche der Anzucht von Vieraugenstecklingen zur saisonunabhängigen Gescheinsinduktion wurden in der zweiten Jahreshälfte bei 4 Rebsorten von *Vitis vinifera* ('Riesling', 'Müller-Thurgau', 'Regent', 'Spätburgunder') fortgeführt, indem weiterhin in monatlichen Abständen Antheren von Stecklingsgescheinen präpariert wurden. Die Kultivierung der Antheren erfolgte nach den Resultaten der ersten 6 Monate nur noch auf halbkonzentriertem MS-Basalmedium mit unterschiedlichen Hormonbehandlungen. Die ersten vier Wochen der Kultur erfolgten auf halbkonzentriertem MS-Medium mit 2,4-D und BAP. Nach dieser Induktionsphase wurden die Explantate in vierwöchigen Intervallen auf ½ MS-Medium ohne oder mit reduzierter Hormongabe subkultiviert. 12 Wochen nach dem Auflegen der Antheren wurde die Induktionsrate der somatischen Embryogenese ermittelt. Grundsätzlich zeigte sich eine abnehmende Tendenz der Regenerationsfähigkeit der Antheren aus den an Stecklingen induzierten Gescheinen in der zweiten Jahreshälfte um durchschnittlich 50 %, mit Ausnahme der Rebsorte 'Müller-Thurgau', bei der eine gleichbleibende Regenerationskompetenz über das ganze Jahre hinweg festgestellt wurde. Die in den ersten sechs Monaten des Jahres 1999 ermittelten Ergebnisse einer besseren Regenerationsrate bei Subkultur auf hormonfreiem Basalmedium nach der Induktion konnten in den Versuchen der zweiten Jahreshälfte bestätigt werden.

Zur Verbesserung der Regenerationsraten der aus Stecklingsanzucht stammenden Antheren wurden zwei unterschiedliche Anzuchtvarianten mit den Rebsorten 'Riesling' und 'Dornfelder' untersucht. Im monatlichem Turnus wurden Stecklinge in der Sprühnebelkammer bei

durchschnittlich 15 °C (Nacht) bzw. 30 °C (Tag) und normalem Tageslicht sowie gleichzeitig im Gewächshaus ohne Sprühnebel, mit den selben Temperaturbedingungen, jedoch mit zusätzlicher Beleuchtung angezogen. Beide Varianten wurden mit Material von mehrjährigen Gewächshaus- und Freilandreben verglichen. Von allen vier Varianten wurden neben Antheren auch Fruchtknoten präpariert und kultiviert. Die Anzuchtdauer bis zur Induktion der Gescheine betrug im Durchschnitt beider Sorten und Anzuchtvarianten etwa 3 Wochen. Bei der Anzucht unter Sprühnebel konnten von den angezogenen Stecklingen bei Riesling 20 %, bei Dornfelder 12 % der Stecklinge zur Abernte von Antheren und Fruchtknoten verwendet werden. Ohne Sprühnebel und unter kontrollierten Lichtbedingungen waren bei beiden Sorten die Anzuchtsraten 4 % höher. Beim Vergleich der Regenerationsraten bei beiden Explantaten konnte in Abhängigkeit zur Herkunft des Materials ein deutlich zunehmender Gradient von der Anzucht von Stecklingen in der Sprühnebelkammer, Gewächshaus + Licht, Material von mehrjährigen Gewächshausreben bis hin zur Herkunft von Freilandreben festgestellt werden. Bei 'Riesling' wurden in der Antherenkultur Embryoinduktionsraten von 25 % (Stecklinge/Sprühnebel), 30 % (Stecklinge/Gewächshaus + Licht), 35 % (Gewächshausreben) und 37 % (Freilandreben) erzielt, bei der Sorte 'Dornfelder' 26, 30, 36 und 40 %. Die Qualität der Antheren bei einer Gescheinsinduktion im Gewächshaus unter Lichtbedingungen konnte mit Antheren mehrjähriger Gewächshaus- oder Freilandreben verglichen werden, hingegen mussten bei der Präparation von Antheren aus der Sprühnebelkammer viele Explantate verworfen werden, da durch die hohe Luftfeuchtigkeit das Gewebe stark aufgeweicht war. Eine ähnliche Abstufung der Induktionsraten in Bezug auf die Herkunft des Ausgangsmaterials ergab sich auch bei der Kultur von Fruchtknoten bei der Rebsorte 'Riesling' (26, 30, 36, 40 %), hingegen waren die Induktionsraten bei 'Dornfelder' deutlich schlechter (14, 14, 12, 10 %). Generell muss jedoch die Antherenkultur zur Induktion somatischer Embryogenese der Kultur von Fruchtknoten vorgezogen werden, da das Verhältnis von 1 Fruchtknoten zu 5 Antheren je Blütchen hinsichtlich Ausbeute und Präparationstechnik als deutlich aufwendiger eingestuft werden muss.

#### Abstract:

For a seasonal independent period for anther excision, 4-node-cuttings of 4 *Vitis vinifera* cultivars ('Riesling', 'Müller-Thurgau', 'Regent', 'Pinot noir') were cultured in the greenhouse and anthers were excised monthly according to the examinations of the first six months of 1999. The anthers were cultured on half-strength MS medium supplemented with 2,4-D and BAP for the first 4 weeks of cultivation. Subsequent cultivation was carried out in 4-week-intervals either on hormone-free basal medium or with reduced hormone concentrations. Embryogenesis was obtained on anthers of all tested genotypes and origins of starting material. The overall regeneration rate decreased in the second half of the year for all genotypes tested except for the cultivar 'Müller-Thurgau'. The results obtained in the first 6 months of 1999 by testing an influence of hormone treatment in subcultiva-

tion steps could be confirmed in the second half of the year 1999.

In 2000, further investigations were initiated to improve the induction of inflorescences on 4-node-cuttings with the cultivars 'Riesling' and 'Dornfelder'. The cuttings were either cultured under mist and daylight conditions or in the greenhouse with controlled light conditions. Flowers were harvested from the induced inflorescences and anthers, ovaries were excised as well and used as explants for the induction of somatic embryogenesis. At both tested varieties best induction rate and quality of anthers could be obtained on explants originating from inflorescences of cuttings which were cultured in the greenhouse under light. Comparable results could be determined on ovary culture of cv. 'Riesling' whereas ovaries of cv. 'Dornfelder' showed a very low induction rate. Due to the higher yield of 5 anthers/flower in comparison to 1 ovary/flower and the better excision of anthers than ovaries, the anther culture has to be recommended as suited starting material for somatic embryogenesis.

(BAZ-5116)

### **3.4. 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 interessante Rebsorten einzuschleusen. Das Ziel ist, eine Methode zur Übertragung von Genen in Explantate verschiedener Rebgenotypen und der Regeneration transformierter Pflanzen zu etablieren.

*Agrobacterium*-mediated plant transformation is the most frequently used method to obtain transgenic dicotyledonous plants. In grapevine as a natural host, *Agrobacterium tumefaciens* causes crown gall tumors. However, transformation remains a problem due to the difficulties in plant regeneration. A protocol for *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation of grapevine explants and plant regeneration after bacterial inoculation will be established.

Ergebnisse:

Für Transformationsversuche wurden somatische Embryonen aus Antherenausgangsmaterial und Suspensionskulturen von 'Dornfelder' und 'Riesling' sowie Blattscheiben von 'Seyval blanc' verwendet und mit dem Agrobakterienstamm LBA4404 für 2 Tage inokuliert. Es wurden binäre Vektoren genutzt, die sowohl Gene für eine Kanamycinresistenz,  $\beta$ -Glucuronidase, als auch Nutzgene (z. B. Chitinase/Glucanase sowie Chitinase/RIP) tragen. Nach der Kokultur wurden die somatischen Embryonen unter Selektionsbedingungen in Flüssigmedium bis zu einer Embryonengröße > 2 mm kultiviert. Noch

vorhandene Bakterien wurden mit Cefotaxim in 14tägigen Intervallen eliminiert. Die Weiterdifferenzierung zu intakten Pflanzen erfolgte auf hormonfreien, kanamycinhaltigen Festmedien.

Zum Nachweis der transgenen Reben wurden mit spezifischen Primern für das Kanamycinresistenzgen und den Nutzgenen molekulare Analysen wie PCR und Southern Blot durchgeführt. Die PCR-Nachweise zeigten die erwarteten Amplifikationsprodukte. Die Integration in genomische Reben-DNA konnten mit Southern Blots bestätigt werden. Es konnten bei den einzelnen transgenen Linien der Rebsorte 'Dornfelder' bis zu vier unterschiedliche Insertionen festgestellt werden. Bei 'Seyval blanc' konnten keine Mehrfachintegrationen detektiert werden. Von den transformierten 'Riesling'-Regeneraten des Vorjahres wurden Western Blots durchgeführt, um eine Aussage über die Expression der eingebrachten Nutzgene zu erhalten. Die Proteinextraktion erwies sich auf Grund der in der Rebe vorkommenden hohen Polyphenol- und Polysaccharidkonzentration als schwierig. Es konnten unterschiedliche Proteinexpressionen bei den getesteten transgenen Linien festgestellt werden.

Auf Grund der unterschiedlich guten Wüchsigkeit einiger transgener Linien unter *in-vitro*-Bedingungen musste im Frühjahr 2000 auf der Freisetzungsfläche des Instituts die im Vorjahr eingeleitete Freisetzung transgener Reben fortgesetzt werden. Gemäß den Vorschriften des GenTG und den Vorgaben des Genehmigungsbescheides des RKI von 1999 erfolgte eine Nachpflanzung in Anwesenheit der zuständigen Aufsichtsbehörde. Die vorgeschriebene Mantelpflanzung mit nicht-transgenen Reben erfolgte mit 816 Pfropfreben der Rebsorte 'Phoenix'.

Im Berichtszeitraum sollte das beschriebene Transformationsprotokoll auf weitere Genotypen übertragen werden. Ergänzend zu den bereits eingesetzten Genkonstrukten mit Nutzgenen wurden Plasmide mit einem neuen Vektorhintergrund verwendet. Bis zum Zeitpunkt der Berichterstattung konnten bislang nur embryogener Kallus und Keimlingsansätze auf Selektionsmedium bei 'Dornfelder' und 'Müller-Thurgau' kultiviert werden, da die Weiterentwicklung der Embryonen und Konversion der Keimlinge zu intakten Pflanzen im Regenerationsverlauf noch nicht optimiert werden konnte.

Abstract:

Anther-derived somatic embryos and embryogenic suspension cultures of 'Dornfelder', 'Riesling' and 'Müller-Thurgau' were used for transformation. Binary vectors containing genes for kanamycin resistance,  $\beta$ -glucuronidase and genes mediating fungal resistance were used. *In vitro*-plants originating from transformation experiments were checked with different molecular analyses like PCR and Southern blots as well as Western blots. Adaptation of transgenic *in vitro*-plants to greenhouse and field conditions were continued and field release of transgenic plants of three of the tested varieties ('Dornfelder', 'Riesling', 'Seyval blanc') and untransformed control plants was carried out in early summer.

Further investigations with other gene constructs and genotypes were initiated. Only embryogenic calli and germinating embryos could be cultured on selective medium due to the problems of insufficient regeneration of

somatic embryos and conversion of germinating embryos to intact plants.

(BAZ-5136)

### 3.5. Isolation und Charakterisierung von cDNAs für Enzyme aus dem Biosyntheseweg von Fettsäuren

#### Isolation and characterization of cDNAs encoding enzymes for the biosynthesis of fatty acids

Hausmann, L.; Syring-Ehemann, A.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Lipide kommen in allen Pflanzen und Pflanzenteilen vor und stellen eine Hauptgruppe des pflanzlichen Stoffwechsels dar. Die Funktionen der Lipide sind sehr unterschiedlich. Sie reichen von Membranbausteinen (z. B. Lecithin), Speicherstoffen (z. B. Triacylglyceride), Oberflächenenschutz (Cutin, Suberin, Wachse), Pigmenten (z. B. Xanthophyll), Antioxidantien (z. B. Vitamin A, E), Lock- und Abwehrstoffen (z. B. Terpene) bis hin zu Signaltransduktoren (z. B. Jasmonsäure, Diacylglycerin). Für viele dieser Lipide werden Fettsäuren als zentrale Grundbausteine verwendet. Die Aufklärung der Fettsäurebiosynthese ist deshalb die Voraussetzung für das Verständnis und die gezielte Veränderung nicht nur des eigenen, sondern auch der nachfolgenden Synthesewege. Im Rahmen eines Drittmittelprojektes werden in Zusammenarbeit mit der Universität Giessen molekularbiologische Arbeiten durchgeführt mit dem Ziel, relevante Gene der Fettsäurebiosynthese aus Wildarten der Gattung *Lindera* zu isolieren, die ungewöhnliche Fettsäuren in ihren Samenölen speichern. Im Mittelpunkt stehen dabei lösliche Desaturasen, die Doppelbindungen in mittelkettige Fettsäuren einbauen.

Lipids could be found in all plants and parts of plants. They form a large and diverse section of the plant metabolism with vast different functions: membrane compounds (e. g. lecithine), storage compounds (e. g. triacylglyceride), surface protection (cutin, suberin, wax), pigments (e. g. xanthophyll), antioxidants (e. g. vitamin A, E), attraction and defense compounds (e. g. terpene compounds), and signal transduction molecules (e. g. jasmonic acid, diacylglycerol). A lot of lipids are based on fatty acids as the central component. Therefore, the elucidation of the fatty acid biosynthesis is necessary for the understanding and modification of both the fatty acid biosynthesis and the following pathways. In a cooperative project with the University of Giessen a molecular approach will be followed to isolate important genes of the fatty acid biosynthesis, especially soluble desaturases, from uncultivated species of the *Lindera* genus storing unusual fatty acids in their seed oils.

Ergebnisse:

Ausgehend von den in internationalen Datenbanken zur Verfügung stehenden Desaturasesequenzen wurden degenerierte Oligonukleotide konstruiert und als Primer in PCR-Reaktionen eingesetzt. Als Matrizen-DNA diente dabei genomische DNA von *Lindera megaphylla* und *Lindera obtusiloba*. Nach Optimierung der Reaktionsbedingungen konnten zwei verschieden große spezifische

PCR-Produkte erhalten und kloniert werden (Klasse A und B). Die Sequenzierung bestätigte, dass es sich dabei um Desaturase-homologe Klone handelt. Für die Isolierung der vollständigen Gene wurde eine genomische Bank von *Lindera obtusiloba* hergestellt, indem partiell gespaltene DNA in den  $\lambda$ -FIXII-Vektor kloniert wurde. Das Screening dieser Bank mit den PCR-Produkten als DNA-Sonde resultierte in 17 kreuzhybridisierenden  $\lambda$ -Klonen, die alle aufgereinigt wurden. Die erste Charakterisierung der Klone aufgrund von Restriktionsanalysen, Bestimmung der Introngrößen und -sequenzen der Gene ergab, dass zwei Klone zur Klasse A und 15 Klone zur Klasse B gehören. Die Klone der Klasse B können wiederum in drei Subklassen aufgeteilt werden. Die Gene von vier  $\lambda$ -Klonen wurden subkloniert und die Sequenz von zweien ermittelt. Um die Substratspezifitäten der von diesen Genen kodierten Desaturasen *in vivo* zu untersuchen, werden Konstrukte für die Expression in *E. coli* und für die Transformation von Raps (Universität Giessen) vorbereitet.

Abstract:

Based on known sequences of desaturases in the databases degenerated oligonucleotides were designed. After PCR performed with genomic DNA two different products were obtained, cloned and sequenced. For isolating the corresponding genes a genomic  $\lambda$  library was constructed and screened using the PCR products as probes. 17 hybridizing clones were found, purified and divided in classes due to the restriction patterns and the lengths and sequences of the introns of the genes. The sequence of two genes was determined. To analyze the substrate specificity of the desaturases encoded by the isolated genes constructs will be prepared for the expression in *E. coli* and for transformation of rapeseed (University Giessen).

In Zusammenarbeit mit: Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung I, Universität Gießen, Friedt, W.; Lühs, W.; FNR-Projekt.  
(BAZ-5138)

## 4. Qualitätsforschung

### Quality research

#### 4.1. Die Bestimmung von Werteigenschaften bei Rebsorten: Beerenreife

##### Evaluation of valuable characters of grapevine varieties: berry ripening

Düring, H.

Zielsetzung/Aim:

Beginn und Dauer qualitätsbildender Entwicklungsprozesse in Weinbeeren sind klima- und sortenabhängig. Zur Beantwortung der Frage, ob neue Sorten unter den gegebenen klimatischen Bedingungen ausreichend hohe Most- und Weinqualitäten zu liefern vermögen, werden phänologische Analysen des Blühzeitpunktes, des Beginns der Beerenreife sowie der Geschwindigkeit der Zuckereinlagerung und des Säureabbaus durchgeführt.

The variety-specific onset and duration of developmental processes in grape berries determine must and wine quality. Whether new varieties are able to produce high must and wine quality under certain climatic conditions strongly depends therefore on phenological data, e.g. date of flowering, onset of ripening, velocity of sugar accumulation and degradation of acidity in berries.

#### Ergebnisse:

Im Jahre 2000 wurde der Blühzeitpunkt (Vollblüte) zwischen dem 3. und 11. Juni ermittelt, damit lag er früher als in den Vorjahren. Bei den meisten Sorten wurde die Vollblüte zwischen dem 5. und 8. Juni beobachtet, nur bei 'Gf.Ga-47-42' lag sie wie im Vorjahr früher (3.6.), bei 'Riesling' (11.6.) etwas später. Der Zeitraum Blüte-Reifebeginn (25 °Oechsle) lag wiederum bei den meisten pilzresistenten Neuzüchtungen bei etwa 52 d ('Regent'), nur die Zuchtstämme 'Gf.84-21-9', 'Gf.84-27-285' und 'Gf.Ga-47-42' erreichten diese Entwicklungsstufe bereits 9 d früher, während die Reifephase bei 'Müller-Thurgau' (58 d) und vor allem bei 'Riesling' mit 75 d deutlich verzögert einsetzte. Die Dauer der Zuckereinlagerung (25–65 °Oechsle) lag bei den meisten Sorten ähnlich wie im Vorjahr zwischen 30 und 35 d (Ausnahmen: 'Regent' (24 d), 'Gf.Ga-47-42' (43 d), 'Phoenix' (44 d) und 'Müller-Thurgau' (47 d). Die Dauer der Säureabnahme (Säuremaximum minus 20 ‰) differierte im Berichtsjahr erheblich: 'Regent' und 'Gf.86-2-56' 19 d, 'Müller-Thurgau' 53 d.– In der Population 'Villard blanc' x 'Gf.Ga-47-42' lag der Termin der Vollblüte zwischen dem 5. und 15. Juni ('Gf.Ga-47-42': 5. Juni, 'Villard blanc': 12. Juni); die Dauer Blüte-Beginn der Beerenreife betrug 42–87 d ('Gf.Ga-47-42': 50 d, 'Villard blanc': 83 d).– Eine Auswertung der Untersuchungen zur Stiellähmeempfindlichkeit in dieser Population ergab, dass 1999 von den 115 untersuchten Genotypen 37 %, darunter auch 'Gf.Ga-47-42', eine sehr geringe Xylemausbildung in Bereichen des Traubenstiels aufwiesen, während 63 %, darunter auch 'Villard blanc', eine gute bis sehr gute Xylemausbildung zeigten. Eine geringe Xylemausbildung gilt als Indikator einer erhöhten Stiellähmeanfälligkeit. Dieses Screening ist Teil einer markergestützten Genanalyse.

#### Abstract:

In 2000, full bloom occurred in the first decade of June, i.e. earlier than last year. The average duration of the developmental period bloom-veraison was 52 d; three varieties started ripening 9 d earlier, while 'Riesling' started more than 3 weeks later (75 d). The duration of sugar accumulation and of degradation of acidity varied between 24 and 47 d and between 19 and 53 d, respectively.– Within the population 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' the period bloom-veraison varied between 42 and 87 d, for comparison, 'Gf.Ga-47-42': 50 d, 'Villard blanc': 83 d. A first series of estimations concerning the susceptibility to bunch stem necrosis in this population indicated that 37 % out of 115 genotypes including 'Gf.Ga-47-42' had an underdeveloped xylem in certain areas of the peduncle while 63 % including 'Villard blanc' had a normally developed xylem system. This

screening is part of a marker-assisted gene analysis.

(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**

Töpfer, R.; Eibach, R.

#### Zielsetzung/Aim:

Im Rahmen der Entwicklung von molekularen Markern für züchterisch relevante Eigenschaften (Weinqualität, sortencharakteristische Aromastoffe) wird die Aromastoffzusammensetzung 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:

Neben der bereits im Vorjahr untersuchten Population aus der Kreuzungsnachkommenschaft von 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' wurden die Untersuchungen nunmehr auch auf eine zweite Nachkommenschaft aus der Kreuzung 'Regent' x 'Lemberger' ausgedehnt, die für andere Merkmale bereits im Projekt BAZ-5115 intensiv bearbeitet wird. Die sensorisch deutlich wahrnehmbaren Unterschiede zwischen den Elternsorten ('Gf.Ga-47-42' buketiert; 'Villard blanc' neutral) zeigen sich auch im Aromagramm: im Vergleich zu 'Villard blanc' ist bei der Sorte 'Gf.Ga-47-42' die Anzahl der gaschromatographisch festgestellten Aromastoffe etwa um das Dreifache höher. Bei den in beiden Elternsorten auftretenden Aromakomponenten gibt es keine eindeutige Tendenz hinsichtlich quantitativer Unterschiede zwischen den Sorten. In der Nachkommenschaft ist eine breite Aufspaltung der Aromastoffzusammensetzung zu erkennen. Die Verrechnung der Ergebnisse zusammen mit den Daten aus der genetischen Analyse steht noch aus.

#### Abstract:

Sensory differences between the parental varieties ('Gf.Ga-47-42' aroma pronounced; 'Villard blanc' neutral) can be verified by gaschromatographical analysis: compared to 'Villard blanc' the amount of aroma compounds of 'Gf.Ga-47-42' is about threefold. Concerning the amount of aroma content for those compounds which can be found in both parents no clear tendency can be observed. Within the offspring there exists a broad splitting for the content of the aroma compounds.

In Zusammenarbeit mit: Universität Karlsruhe, Institut für Lebensmittelchemie, A. Rapp  
(BAZ–5123)

## 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, 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 84 Kreuzungskombinationen durchgeführt, wovon 74 zu einem Samenansatz und einer Ernte von ca. 35.000 Samen führten. Von den 47 verwendeten Elternsorten wurden 27 Kreuzungseltern aus der am Institut vorhandenen Rebsortensammlung ausgewählt, was die Bedeutung der durchgeführten Arbeiten zur Erhaltung und Evaluierung der genetischen Ressourcen (s. BAZ-5105, 5106) unterstreicht.

Für die Entwicklung molekularer Marker wurden Kreuzungskombinationen zur Erstellung von Testpopulationen, die eine breite genetische Aufspaltung in der Nachkommenschaft erwarten lassen, durchgeführt. Da für die genetischen Analysen hinsichtlich spaltender Merkmale vor allem Resistenzeigenschaften im Vordergrund des Interesses stehen, wurden vorwiegend Kreuzungen zwischen der pilzanfälligen *V. vinifera*-Sorte 'Riesling' und verschiedenen pilzresistenten Genotypen amerikanischer Wildarten durchgeführt. Insgesamt konnten für diese geplanten Projekte ca. 2.500 Samen erzeugt werden.

Die im Berichtsjahr angezogenen Sämlinge (n ~ 11.000) wurden nach künstlicher Infektion auf ihre Resistenzeigenschaften zunächst gegenüber dem Falschen Mehltau und anschließend gegenüber dem Echten Mehltau selektiert. Etwa 1.000 Sämlinge genügten den Selektionskriterien (kein oder geringer Befall), was einer gesamten Selektionsrate für beide Mehltaukrankheiten von 9,1 %

entspricht. Neben der routinemäßigen Selektion dienen die Ergebnisse der Befallserhebungen auch für populationsgenetische Untersuchungen im Hinblick auf die Vererbung der Mehltauresistenz und damit zur Optimierung der Auswahl geeigneter Kreuzungseltern.

Aus den Kreuzungen der Vorjahre wurden nach entsprechender Vorselektion auf Oidium- bzw. Plasmopararesistenz ca. 1.000 Sämlinge auf dem Geilweilerhof ausgepflanzt. Unter Berücksichtigung der Resistenzeigenschaften, der Leistungsdaten und weiterer wertbestimmender Eigenschaften wurden 10 neue Zuchtstämme in die Vorprüfung übernommen.

Drei Zuchtstämme (1 x rot, 2 x weiß) wurden auf Basis der über die drei durchlaufenden Zuchtstufen ermittelten Leistungsdaten, Resistenzeigenschaften sowie der analytischen und sensorischen Prüfungsergebnisse beim Bundessortenamt für den Sortenschutz angemeldet und die Anbaueignungsprüfung in Zusammenarbeit mit den staatlichen Stellen und der weinbaulichen Praxis eingeleitet.

Für die Verwaltung und Auswertung der in großer Menge anfallenden Zuchtdaten wurde in Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe EDV der BAZ die Entwicklung einer Datenbankanwendung fortgeführt. Ein Modul zur Erfassung und Auswertung des mengenmäßig größten Datenumfanges (Kreuzungsdaten und Sämlingszuchtstufe) wird zwischenzeitlich eingesetzt und führt zu einer wesentlichen Effizienzsteigerung des Datenmanagements.

Im Rahmen der bilateralen Kooperation mit der Bayerischen Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau (LWG) werden Frostresistenzprüfungen von aussichtsreichem Zuchtmaterial an hierfür besonders geeigneten Standorten der LWG durchgeführt. In Zusammenarbeit mit der LWG und der Universität Hohenheim wurde eine Gewächshausmethode zur Überprüfung der Reblausresistenz an der Wurzel etabliert. Im Hinblick auf die Entwicklung molekularer Marker wurde mit dem Screening einer Kreuzungsnachkommenschaft nach dieser Methode begonnen. In Zusammenarbeit mit den staatlichen Kreuzungszüchtern der Bundesländer wurden ausgewählte Kreuzungspopulationen nach weitestgehend einheitlichem Schema evaluiert und die Ergebnisse ausgetauscht.

#### 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 35.000 seeds could be harvested from the crossing combinations carried out. For selection of suitable parental varieties the existing and evaluated outdoor collection is the most important source. After artificial inoculation about 11.000 seedlings were screened in two following steps for their downy and powdery mildew resistance. About 1.000 seedlings proved to be sufficiently resistant against both mildews. This means a total selection rate of about 9,1 %. Based on the mildew screening results in 1999 about 1.000 seedlings were planted for field trials. According to the performances and resistance characteristics evaluated for several years 10 breeding lines were propagated and subsequently planted for further tests.



Three breeding strains (one red variety, two white varieties) which proved to be superior considering resistance and performance as well as analytical and sensory tests were selected for application for variety protection.

In Zusammenarbeit mit: Forschungsanstalt für Reben und ihre Verarbeitungsprodukte, Magarach, Ukraine, Troshin, L.; Forschungsinstitut für Weinbau und Weinbereitung, Novoherkassk, Russland, Muzichenko, B.; Landesanstalt für Rebenzüchtung, Alzey, Hofäcker, W.; Staatliches Weinbauinstitut, Freiburg, Becker, N.; Forschungsanstalt Geisenheim, Rühl, E.H.; Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau, Weinsberg, Hill, B.; Bayerische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau, Würzburg, Becker, A.

(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 in phytosanitären Tests auf Virus- und Bakterienkrankheiten untersucht. 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. 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 varieties 'Regent' as well as other promising new breeding strains. The material will be used for establishing propagation plots.

Ergebnisse:

Mit Ausnahme von Sachsen ist die Rebsorte 'Regent' zwischenzeitlich in allen deutschen weinbautreibenden Bundesländern klassifiziert. Die Nachfrage nach Pflanzgut ist nach wie vor hoch und die im Jahr 2000 produzierten Pfropfreben (ca. 800.000 eingeschulte Reben) dürfte den Bedarf für die kommende Pflanzperiode nicht abdecken. Züchterisch selektioniert und von den entsprechenden Anerkennungsstellen der Länder anerkannt wurden 'Regent'-Vermehrungsflächen von insgesamt ca. 16 ha. Erstmals konnte im Berichtsjahr in größerem Umfang Pflanzgut hergestellt werden, das auf virusgetestete Einzelstöcke zurückgeht und nun für die Erstellung von Basis-Vermehrungsanlagen zur Verfügung steht.

Die Prüfung von selektionierten Klonen pilzresistenter Neuzüchtungen des Instituts wurde fortgesetzt. Die in Kürze zu erwartende Novellierung der rechtlichen Rahmenbedingungen zur Pflanzgutproduktion in der Europäi-

schen Gemeinschaft sieht als Neuerung u.a. eine obligatorische Anerkennung von Vorstufenvermehrungs-Anlagen vor, die wiederum eine phytosanitäre Überprüfung des Ausgangsmaterials erfordert. Daher wurden für alle beim Bundessortenamt eingetragenen bzw. angemeldeten pilzresistenten Sorten phytosanitäre Tests auf Einzelstockbasis sowie deren parallele *in vitro*-Überführung und Vermehrung eingeleitet.

Abstract:

Fungus resistant new varieties of our maintenance breeding program are subjected to tests concerning health and performance. Single plants of advanced breeding strains, which have been tested for their phytosanitary status are transferred *in vitro* and propagated in order to establish propagation plots. Because of the continuously increasing demand of planting vineyards with the new cultivar 'Regent', additional propagation plots which fulfil the legislative requirements were established. The production of graftings in 2000 will probably not fulfil the expected demand.

(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 im Besitz eines Rebsortimentes sind, wurde fortgeführt. Weitere Angaben bezüglich der geographischen Lage, der Klimadaten, der Zusammensetzung des Rebsortimentes, der Erhaltungsformen, der Dokumentationsverfahren und der Bereitschaft zum Materialaustausch werden ebenfalls erfasst. Die Datenbank der Rebe mit IPGRI-Passport-Daten von 18.480 Rebarten und -sorten wurde fortlaufend aktualisiert und erweitert. Eine recherchierbare 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.dainet.de/genres/idb/vitis>). Wertvolle Sorten bzw. Zuchtstämme werden parallel *in vitro* kultiviert. Der weitere Ausbau berücksichtigt vor allem Genotypen mit züchterisch wertvollen Eigenschaften.

Compilation of viticultural institutes (worldwide) with grapevine collections is in progress. Furthermore, address, geographic sites, climatic data, composition of the grapevine collections, conservation methods, etc. are specified. The database for grapevines at our Institute is provided with the IPGRI-passport data of 18.480 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 of Genetic Resources

ces (ZADI/IGR) and is available on Internet (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>). In parallel, important cultivars or strains are cultivated *in vitro*. A further extension considers all genotypes showing important breeding characteristics.

#### Ergebnisse:

Die Datenbank der Rebe umfasst derzeit 18.480 verschiedene Rebarten und -sorten, die mit den IPGRI-Passport-Daten versehen sind. Außer den üblichen Aktualisierungen wurden vor allem Resistenzträger (ca. 1000 französische Kreuzungen) hinzugefügt. Mit der Eingabe detaillierter Abstammungen wurde begonnen, 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.dainet.de/genres/idb/vitis>). Fortgesetzt wurde die Beschreibung der ca. 300 alten Landrebsorten. Neben der Erfassung der sortentypischen Merkmale (Deskriptoren) des Triebs (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 53 Akzessionen), ihre Qualität beurteilt und alte Literaturquellen aufgearbeitet. Außerdem wird im Weinanbaugebiet Pfalz nach alten Sorten gesucht, um die genetische Basis der ausschließlich in Rebsortimenten vorkommenden Sorten zu erweitern. Ziel ist es, robuste Genotypen mit hohen Qualitätseigenschaften aufzufinden, zu erhalten und für die Züchtung nutzbar zu machen.

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 2673 Genotypen (1102 *V. vinifera*-Sorten, 1442 Sorten aus sogenannten interspezifischen Kreuzungen und 129 Genotypen von verschiedenen *Vitis*-Arten).

Mit der Feststellung der Sortenechtheit wurde im Berichtsjahr fortgefahren. Die Identität wurde durch Vergleich mit herbarisierten Blättern und ampelographischen Publikationen bestimmt. Bisher wurden 1016 der 2673 Akzessionen überprüft. Davon erwiesen sich 923 als sortenecht. Die Identität der übrigen Sorten wird in den nächsten Jahren untersucht.

Im *in vitro*-Sortiment des IRZ befinden sich 14 Genotypen von Wildarten, 14 *V. vinifera*-Sorten, 3 Unterlagssorten und 12 pilzwiderstandsfähige Keltertraubensorten. Sie werden unter reduzierten Wachstumsbedingungen (+8 °C, 10 h Lichtphase, 10  $\mu\text{mol quantum}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ ) mit jeweils 8 bis 40 Exemplaren je Genotyp erhalten.

#### Abstract:

In the grapevine database 18.480 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.dainet.de/genres/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 in the Palatinate area to enlarge the genetic base of those ancient landraces which are existing exclusively in grapevine collections and to maintain robust cultivars with high quality for breeding purposes. In the grapevine collection, comprising 2673 accessions, checking of the true to typeness was continued. Identity was analysed by comparison with leaf specimen and ampelographical publications. From the 1016 checked accessions, 923 were true to type. The identity of the remaining accessions has to be confirmed in the next years.

(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:

Die Abstammung der Rebsorte 'Müller-Thurgau' (früher: 'Riesling x Silvaner'; 1994: 'Riesling' x ?; 1996: 'Riesling' x 'Chasselas'-Typ; 1997: 'Riesling' x 'Chasselas de Courtiller'; 2000: 'Riesling' x 'Madeleine Royale') konnte endgültig aufgeklärt werden. Dass es sich um das Kreuzungsprodukt 'Riesling' x 'Chasselas de Courtiller' handelte wurde wegen fehlender Ähnlichkeit zwischen 'Müller-Thurgau' und 'Chasselas de Courtiller' bezweifelt. Anhand der Blätter der 1997 in Klosterneuburg/Österreich untersuchten Chasselas de Courtiller konnte festgestellt werden, dass es sich dort um die Reb-

sorte Madeleine Royale handelte, eine frühreife, im 18. Jahrhundert gezüchtete Tafeltraube. Mikrosatellitenanalysen bestätigten den Befund.

Zur Unterscheidung und Identifizierung von Rebsorten mit Hilfe morphologischer Merkmale (Trieb, Blätter, Beeren) wurde mit der Datensammlung und -bearbeitung fortgefahren. Es liegt eine mehrortige Beschreibung von ca. 900 verschiedenen Rebsorten vor. Im Rahmen des EU-Projekts GENRES CT96 No81 wurden 71 Sorten (30 einheimische alte Rebsorten und 41 pilzfeste Rebsorten) bewertet mit 46 Boniturmerkmalen und 21 ampelometrischen Merkmalen. In Zusammenarbeit mit ZADI/IGR erfolgte die Neukonzeption der EU-*Vitis*-Datenbank, in der die Daten der 19 Projektteilnehmer abgelegt sind. Sie ist im Internet als recherchierbare Datenbank zugänglich (<http://www.dainet.de/eccdb/vitis/>).

Die Verwendung molekularer Marker ist beabsichtigt. Zur Sortendifferenzierung kommen vor allem sog. STMS (sequence tagged microsatellite sites)-Marker zum Einsatz, welche durch Amplifikation hochpolymorpher repetitiver Mikrosatelliten-DNA erzeugt werden. Um die Anzahl der verfügbaren STMS-Marker zu erhöhen, wurden im Rahmen eines internationalen Konsortiums Sequenzierarbeiten geleistet. Aus diesen sind bisher 15 neue Marker vom Institut hervorgegangen, die derzeit auf ihren Informationswert an verschiedenen Rebsorten getestet werden.

Die Entwicklung eines Identifikationsverfahrens basierend auf morphologischen Merkmalen und Allellängen ist geplant. Die Zuverlässigkeit dieses Identifikationsverfahrens ist dann gewährleistet, wenn die Untersuchungsergebnisse reproduzierbar sind. Die Arbeiten, die bezüglich der STMS-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 Rebsortenmarkern als Standards vorsieht. Partner aus 7 Ländern beteiligen sich an dem Versuch. Erste Ergebnisse mit 16 Sorten und 6 Mikrosatellitenprimern, untersucht von 9 Instituten bestätigen, dass übereinstimmende Ergebnisse möglich sind, unabhängig von Labor, Ausstattung und Verfahrensweise, vorausgesetzt Rebsorten werden als Größenmarker eingesetzt. Mit der Entwicklung von Deskriptoren für STMS-Marker wurde begonnen. Da bisher nur Allellängen von *Vitis vinifera*-Sorten bestimmt wurden, sind die Deskriptoren noch als vorläufig einzustufen. Die Bestimmung der Allellängen von Unterlagen (= interspezifische Kreuzungen) innerhalb des EU-Projekts ist für 2001 vorgesehen. Das vom Institut eingerichtete Herbarium umfasst 5320 Exemplare (Blätter, Samen, Triebspitzen) von 1660 verschiedenen Rebsorten.

#### Abstract:

True to type parentage of 'Müller-Thurgau' as a descent of a cross between 'Riesling' x 'Madeleine Royale' was initially found through leaf-check and finally confirmed by DNA fingerprints. For distinction and identification of grapevine cultivars by morphological descriptors gathering and compilation of data was continued. Altogether about 900 cultivars were described at several sites. In the scope of the EU-project GENRES CT 96 No 81, 71 culti-

vars were described and the layout of the EU-*Vitis*-database (<http://www.dainet.de/eccdb/vitis>) was revised and improved, together with ZADI/IGR.

In addition to the differentiation of grapevine varieties with morphological descriptors the techniques for cultivar identification by molecular markers have been improved. To this purpose, mainly STMS (sequence tagged microsatellite sequences) are used. In order to increase the number of available markers, the institute participated in an international consortium. 15 new markers are currently being tested with several grapevine varieties to determine their informativity.

In the scope of the EU-project GENRES CT 96 No 81 6 STMS-markers were applied on 16 varieties. By using varieties as length markers, allele length of varieties can be compared independent of laboratories, equipment and protocol. The development of descriptors is under way. The grapevine herbarium comprises 5320 specimens from 1660 different cultivars.

In Zusammenarbeit mit: AG EDV, BAZ Quedlinburg; Kecke, S.; Marx, G.; Vitis Microsatellite Consortium (VMC) und im Rahmen des EU-Projektes GENRES CT96 No81: Abracheva, P., Institute of Viticulture and Enology, Plevna, Bulgarien; Boursiquot, J.-M., UFR Viticulture, ENSAM. N, Montpellier, Frankreich; Sanikidse, R., Tschchartischwili, N., Wissenschaftliches Forschungsinstitut für gartenbauliche Pflanzenzüchtung und Weinbau, Tiflis, Georgien; Mattheou, A., National Agricultural Research Foundation, Agricultural Research Center of Makedonia and Thrace Greek Gene Bank, Thessaloniki, Griechenland; Pitsoli, D., NAGREF Vine Institute, Lykovrissi, Griechenland; Costacurta, A., Istituto Sperimentale per la Viticoltura, Sez. Ampelografia e Miglioramento Genetico, Susegana, Italien; Grando, S., Istituto Agrario di San Michele all'Adige, Italien; Peterlunger, E., Università degli Studi di Udine, Dipartimento di Produzione Vegetale e Technologie 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 of 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., Biotehniška 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; Hubáčková, M., Research Station for Viticulture, Karlstein, Tschechische Republik; Diofasi, L., FM Zsölézet és Borászati Kútató, 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.dainet.de/genres/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.dainet.de/genres/idb/vitis.htm>).

Ergebnisse:

Die Untersuchungen zur Mehltau- und Botrytisresistenz in der Rebsortensammlung am Geilweilerhof wurden fortgesetzt. Seit 1989 wird der Befall mit Falschem Mehltau bei den vorhandenen Genotypen verschiedener *Vitis*-Arten sowie den aus sogenannten interspezifischen Kreuzungen hervorgegangenen Rebsorten und Zuchtstämmen (I.C.-Sorten) jährlich ermittelt. Für den Falschen Mehltau besonders günstige Witterungsbedingungen in entscheidenden Phasen der Beerenentwicklung führten insgesamt zu einem deutlich höheren Befall im Berichtsjahr. Dies ermöglichte ein effektives Screening auf die Plasmopara-Resistenz der Beeren, ein Merkmal, für dessen Quantifizierung bisher keine alternativen Labortests zur Verfügung stehen. Daten zu den Resistenzeigenschaften liegen für ca. 1.500 Genotypen vor. Sie sind im Zusammenhang mit weiteren Erhebungen zu Leistungs- und Qualitätseigenschaften eine wesentliche Entscheidungsgrundlage für die züchterische Nutzung des Materials. Basierend auf diesen Erhebungen werden 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. High infection pressure of downy mildew in susceptible phases of berry development in 2000 caused a high degree of infection. Thus an effective screening for downy mildew resistance of the berry was possible, which is of especially high value because alternative diagnostic procedures in the lab are not existing.

In the meantime evaluation data for fungus resistance are collected from about 1.500 genotypes. Based on these data and combined with additional evaluated performance and quality characteristics new genotypes were incorporated again into the breeding program in 2000 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 now available *via* Internet (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>).

(BAZ-5105)

### 6.4. Evaluierung von *Vitis*-Arten auf Resistenzeigenschaften

#### Evaluation of *Vitis* species on resistance characteristics

Eibach, R.

Zielsetzung/Aim:

Erschließung der genetischen Ressourcen der Rebe im Hinblick auf die Schaffung einer breiteren genetischen Basis für die Resistenzzüchtung. Zu einer möglichst vollständigen Erfassung der genetischen Variabilität innerhalb der Arten wird Material (Holz, Samen) aus über die *Vitis*-Datenbank zu erschließenden Quellen sowie aus *in situ*-Beständen von verschiedenen Orten des Verbreitungsgebietes gesammelt. Weiterhin werden ausgewählte Genotypen von Wildarten für intraspezifische Kreuzungen zur Schaffung genetischer Variation genutzt. Das Material wird evaluiert und geeignete Formen werden für die Züchtung zur Verfügung gestellt bzw. für genetische Analysen mit dem Ziel einer Isolierung von Resistenzgenen genutzt.

Objectives focus on collecting and evaluating genetic resources for the use within resistance breeding. Plant material of *Vitis* species (wood, seed) will be collected, basing upon the *Vitis* database regarding sources and *in situ* collections of various native distribution areas. Furthermore selected genotypes of *Vitis* species are used for intraspecific crossings in order to create genetic variability. The material will be evaluated and made available for breeding purposes and isolation of resistance genes within genetic analyses.

Ergebnisse:

Das vorhandene genetische Material aus dem Vorjahr (Samen intraspezifischer Kreuzungen von ausgelesenen Genotypen verschiedener *Vitis*-Arten, Samen verschiedener *Vitis*-Arten aus *in situ*-Beständen Nordamerikas) wurde angezogen und nach hohem Mehltau-Infektionsdruck selektioniert. Ca. 500 Genotypen – dies entspricht etwa 20 % des Ausgangsmaterials – zeigten eine gute bis sehr gute Resistenz und wurden für weitere

Prüfungen in den nächsten Jahren erhalten. Durch weitere Kreuzungen zwischen ausgelesenen Genotypen verschiedener Wildarten wurden zusätzlich ca. 4.500 Samen gewonnen. Von der asiatischen Wildart *V. amurensis* steht erfreulicherweise aus dem ursprünglichen Verbreitungsgebiet eine größere Samenmenge für Evaluierungsarbeiten zur Verfügung.

Abstract:

Collected genetic material from 1999 was artificially infected with mildew and screened afterwards. Around 500 genotypes with good resistance characteristics were kept for additional tests in the following years. New seeds were produced by intraspecific crossings between suitable genotypes. A considerable number of seeds of the Asian species of *Vitis amurensis* was obtained from its endemic area and is now available for evaluation.

(BAZ-5137)

## 7. Dokumentation der Weinbauforschung

### Documentation of viticulture

Klenert, M.

Etwa 300 fachwissenschaftliche Zeitschriften in über 20 Sprachen wurden regelmäßig gesichtet und die relevanten Publikationen (Forschungsergebnisse aus Weinbau, Rebenzüchtung und Kellerwirtschaft) erfasst; dies waren im Berichtsjahr ca. 1400 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. 500 dieser DEs im seit 2000 halbjährlich erscheinenden Beiheft zur Zeitschrift „VITIS - Berichte über Rebenforschung mit Dokumentation der Weinbauforschung“ publiziert.

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 150 in- und ausländische Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler. Einige von ihnen werten darüber hinaus eine Reihe von Fachzeitschriften, die wir aus Kostengründen nicht selbst beziehen, in eigener Verantwortung aus und ermöglichen uns auch den Zugang zur sog. grauen Literatur. Es handelt sich dabei hauptsächlich um Publikationen aus dem osteuropäischen und asiatischen Raum (Indien, China). Durch regelmäßige Sichtung von Sekundärliteratur (gedruckte Dienste, Disketten) und gezielte Recherchen in einschlägigen Datenbanken (hauptsächlich BIOSIS) konnte die Literaturerfassung vervollständigt werden.

Die Datenbank VITIS-VEA enthält heute über 42.000 DEs. Sie wird durch die ZADI (Zentralstelle für Agrardokumentation und -information) über das DAINet im In-

ternet angeboten und ist unter folgender URL nutzbar: <http://www.fiz-agrar.de/VITIS-VEA>.

Im Berichtszeitraum wurden über den online-Anschluss zu DIMDI und STN sowie im Internet Recherchen für Wissenschaftler im Hause und für Dritte durchgeführt. Recherchen in der eigenen Datenbank VITIS-VEA gingen bedingt durch deren freie Verfügbarkeit im Internet zurück; andere genutzte Datenbanken waren vor allem BIOSIS, FSTA, Agricola, CAB und Phytomed sowie Chemical Abstracts (bei STN).

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) including the bibliographic data. Annual input is ca. 1,400 literature citations (quarterly updating). VITIS-VEA contains from 1969 to present ca. 42,000 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). 4. Online-searching in different literature databases (Worldwide Web and hosts: DIMDI, Köln and STN, Karlsruhe) carried out for scientists on request.

# V. Forschungsprojekte 2001\*

## Research Projects 2001

---

### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

Debener, T.

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.

Charakterisierung und Isolierung von wirtschaftlich wichtigen Genen aus *Rosa* sp.

Characterisation and isolation of economically important genes from *Rosa* sp.

Beginn: 01.01.1993    Ende: 01.12.2004

BAZ-6114

Debener, T.

Erschließung neuer Resistenzquellen gegenüber dem Erreger des Sternrußtaus an Rosen

Evaluation of wild rose species as sources of resistance against black spot

Beginn: 01.01.1996    Ende: 01.05.2002

BAZ-6134

Debener, T.; Fahl, E.

Genetische und molekularbiologische Analyse von Resistenzgenen in *Arabidopsis thaliana* gegen Isolate von *Peronospora parasitica*

Genetic and molecular analyses of resistance genes in *Arabidopsis thaliana* against isolates of *Peronospora parasitica*

Beginn: 01.12.1995    Ende: 01.12.2002

BAZ-6133, gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

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

Dohm, A.; Ludwig, C.; Debener, T.

Induktion von Resistenzen gegenüber pilzlichen Schaderregern in Rosen durch Transformation

Induction of resistance against fungal diseases in roses via transformation

Beginn: 01.01.1995    Ende: 01.12.2002

BAZ-6128, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen "Otto v. Guericke" e.V. (AiF)

Dohm, A.; Ludwig, C.; Debener, T.

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

---

\* Stand/As of: 31.01.2001

Dunemann, F.

Erstellung einer gesättigten Genkarte beim Apfel als Grundlage für die Entwicklung von effizienten Zuchtverfahren zur Schaffung von qualitativ hochwertigen, krankheitsresistenten Apfelsorten  
Construction of a saturated linkage map in apple as a basis for efficient breeding of high-quality disease resistant varieties

Beginn: 01.01.1993    Ende: 01.12.2004

BAZ-6111, gefördert durch EU

Dunemann, F.

Molekulargenetische Charakterisierung von Resistenzgenen beim Apfel

Molecular genetic characterisation of resistance genes in apple

Beginn: 01.02.1993    Ende: 01.12.2004

BAZ-6112; gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

Dunemann, F.; Illgner, R.; Stange, I.

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.; Illgner, R.; Stange, I.; 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

Dunemann, F.; Illgner, R.; Chaaanin, A.

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.; Urbanietz, A.

Genetische und molekulargenetische Charakterisierung der Mehlttauresistenz des Apfels

Genetic and molecular characterization of powdery mildew resistance in apple

Beginn: 01.01.1997    Ende: 01.01.2004

BAZ-6140

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 Gesellschaft der Freunde der Fachbereiche Gartenbau und Landespflege der Universität Hannover

Junge, H.; Preil, W.

Steuerung der somatischen Embryogenese in Bioreaktoren: Kinetik von Phytohormonen und Nährstoffen in embryogenen Zellsuspensionskulturen

Control of somatic embryogenesis in bioreactors: Kinetics of phytohormones and nutrients in embryogenic cell suspension cultures

Beginn: 01.01.1993    Ende: 01.12.2002

BAZ-6103

Krüger, J.

Grundlagen zur Züchtung auf Mehlttauresistenz (*Sphaerotheca pannosa*) bei Rosen

Basic research on breeding roses for mildew resistance (*Sphaerotheca pannosa*)

Beginn: 01.01.1993    Ende: 01.12.2004

BAZ-6115

Krüger, J.; Stielau, E.; Gasché, B.

Infektion von Cyclamen mit *Fusarium oxysporum* f. sp. *cyclaminis* und Nachweis des Pilzes in der Pflanze

Infection of cyclamen with *Fusarium oxysporum* f. sp. *cyclaminis* and evidence of the fungus in plants

Beginn: 01.01.1997 Ende: 01.01.2002

BAZ-6141

Krüger, J.; Gasché, B.; Stielau, E.

Kreuzungen mit *Rosa multiflora* und Auslese auf Resistenz gegen Mehltau (*Sphaerotheca pannosa*)

Crosses with *Rosa multiflora* and selection to mildew resistance (*Sphaerotheca pannosa*)

Beginn: 01.03.1997 Ende: 31.12.2004

BAZ-6145

Ludwig, C.; Dohm, A.

Nutzung der somatischen Embryogenese für die Massenvermehrung von Rosen in vitro

Utilization of somatic embryogenesis for the mass propagation of roses in vitro

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2001

BAZ-6144

Preil, W.

Entwicklung von kalktoleranten Genotypen bei wirtschaftlich wichtigen Gattungen der Familie der *Ericaceae*

Development of lime-tolerant genotypes in economically important genera of the *Ericaceae* family

Beginn: 01.11.1994 Ende: 01.10.2002

BAZ-6125, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen "Otto v. Guericke" e.V. (AiF)

Preil, W.

Grundlagen der Züchtung neuer Zierpflanzen

Principles of breeding new ornamental plants

Beginn: 01.01.1992 Ende: 01.12.2002

BAZ-6107

Preil, W.

Molekulare Identifizierung eines morphogenetisch wirksamen Agens bei der wirtschaftlich bedeutenden

Zierpflanze *Euphorbia pulcherrima*

Molecular identification of an agent influencing the morphology of the economically important ornamental plant

*Euphorbia pulcherrima*

Beginn: 01.01.1996 Ende: 01.12.2002

BAZ-6138, gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

Preil, W.; Krüger, J.

Grundlagen der Züchtung von *Erica gracilis*: Untersuchungen zur Resistenz gegenüber *Cylindrocladium scoparium*

Principles of breeding *Erica gracilis*: Investigations on resistance to *Cylindrocladium scoparium*

Beginn: 01.01.1990 Ende: 01.12.2002

BAZ-6106

Schum, A.

Protoplastenkulturen zur Erweiterung der Zuchtmethodik bei Rosen

Protoplast cultures as modern tools in breeding of roses

Beginn: 01.01.1994 Ende: 01.12.2002

BAZ-6124

Schum, A.; Lietz, C.

Entwicklung von Methoden zur Herstellung von homozygotem Ausgangsmaterial und dessen Integration in die Sortenentwicklung von generativ vermehrten Zierpflanzen

Development of methods for production of homozygous material and its integration in breeding of generatively propagated ornamental species

Beginn: 01.01.1995 Ende: 01.12.2002

BAZ-6135, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)



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

Ehrig, F.

Rasterelektronenmikroskopische Untersuchungen zum Nachweis chemischer Veränderungen in Pflanzenzellen als Antwort auf die Pathogenwirkung bei pflanzenpathogenen Pilzen mit Hilfe der ESEM-Technik und der Röntgenmikroanalyse

Scanning electron microscopic investigations for the detection of chemical modifications in plant cells as a result of pathogenic influence at plant pathogenic fungi using ESEM-technique and X-ray microanalysis

Beginn: 01.07.2000 Ende: 30.06.2002

BAZ-2157

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

Gabler, J.

Entwicklung neuer Dill- und Majoransorten mit *Fusarium*- und *Alternaria*-Resistenz (Teilvorhaben)

Development of new cultivars of dill and marjoram with resistance to *Fusarium* and *Alternaria*

Beginn: 01.09.1998 Ende: 30.08.2001

BAZ-2147, gefördert durch Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen "Otto v. Guericke" e.V. (AiF)

Gabler, J.

Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenerkrankungen des Arzneifenchels. Teilvorhaben 2:

Nutzung natürlicher Resistenzen

Development of methods to control umbel diseases of pharmaceutical fennel. Part 2: Use of genetic resources

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2001

BAZ-2148, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Gabler, J.

Entwicklung von Methoden zur Prüfung von einjährigem Kümmel auf Resistenz gegen *Phomopsis diachenii* und *Alternaria* spp.

Development of methods to screen annual caraway for resistance to *Phomopsis diachenii* and *Alternaria* spp.

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2002

BAZ-2155

Kastirr, U.

Untersuchungen zur quantitativen Resistenz des Weizens gegen *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel) Schroeter

Investigation of quantitative resistance of wheat to *Mycosphaerella graminicola* (Fuckel) Schroeter

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2001

BAZ-2144

Kastirr, U.; Berestetski, A.

Erarbeitung von Methoden zur Selektion auf Resistenz gegenüber *Laetisaria fuciformis* am Deutschen Weidelgras und Rotschwingel

Development of methods for resistance screening of turf grasses against *Laetisaria fuciformis*

Beginn: 01.11.1996 Ende: 28.02.2001

BAZ-2132 gefördert durch Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen "Otto v. Guericke" e.V. (AiF)

Kühne, T.

Molekulargenetische Analyse der Resistenz von Kreuzungsnachkommen aus *Hordeum spontaneum* und *Hordeum vulgare* gegen *Drechslera teres*

QTL analysis of crossing populations of *Hordeum spontaneum* and *Hordeum vulgare* for resistance to *Drechslera teres*

Beginn: 01.01.1997    Ende: 31.12.2001

BAZ-2139

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 serologischer Nachweisverfahren für *Fusarium*-Arten in Gerstenkörnern

Development of serological methods for the detection of *Fusarium* species in barley grains

Beginn: 01.07.1999    Ende: 31.12.2001

BAZ-2152

Rabenstein, F.

Untersuchungen zur Ätiologie von Blattnekrosen an Lagerkohl und Entwicklung von Nachweismethoden

Investigation on the aetiology of leaf necrosis on stored white cabbage and development of detection methods

Beginn: 01.07.1999    Ende: 31.12.2001

BAZ-2153

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

Schubert, J.

Herstellung von Konstrukten für die Resistenzherzeugung gegen das turnip mosaic virus

Development of constructs for induction of resistance to turnip mosaic virus

Beginn: 01.01.1999    Ende: 31.12.2000

BAZ-2149

Schubert, J.

Einsatz des PVY-NIb für die Virusresistenzmanipulation

Use of PVY-NIb for virus resistance manipulation

Beginn: 01.01.1999    Ende: 31.12.2001

BAZ-2150

Schubert, J.

Erzeugung monoklonaler Antikörper gegen konservative Abschnitte viraler Polymerasen

Production of monoclonal antibodies to conservative regions of viral polymerases

Beginn: 01.01.1999    Ende: 31.12.2001

BAZ-2151, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und Bundesministerium für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL)

Schubert, J.

Einfluss gentechnisch veränderter virusresistenter Kartoffellinien auf die Population von Krankheitserregern unter Anbaubedingungen sowie der Häufigkeit von Rekombinationen zwischen Transgen und Virus

Influence of transgenic potato lines with resistance to PVY on populations of pathogens and their vectors under field conditions as well as the risk for recombination between the transgene transcript and the virus

Beginn: 01.06.2000    Ende: 30.11.2003

BAZ-2158, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Institut für Epidemiologie und Resistenz  
Institute of Epidemiology and Resistance  
Aschersleben

Griesbach, E.

Epidemiologische und Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen-System Pelargonie/*Xanthomonas hortorum pelargonii*  
Epidemiological and resistance studies on the host/pathogen system Pelargonium/*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*

Beginn: 01.01.1995 Ende: offen

BAZ-2328

Griesbach, E.

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: offen

BAZ-2329

Habeck, A.; Proeseler, G.

Bewertung 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: offen

BAZ-2301

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: 01.01.1992 Ende: offen

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: offen

BAZ-2304

Kopahnke, D.

Charakterisierung der Resistenz im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes für die Wirt-/Pathogenkombinationen Winter- und Sommergerste/*Puccinia hordei* sowie Winter- und Sommerweizen/*Puccinia recondita*

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* and winter and spring wheat/*Puccinia recondita*

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

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: offen

BAZ-2336

Krämer, I.; Kopahnke, D.; Proeseler, G.

Molekulargenetische Charakterisierung von Krankheitsresistenzen bei Kultur- und Wildgersten

Molecular genetic characterization of disease resistance in cultivated and wild barley

Beginn: 01.01.1997 Ende: offen

BAZ-2335

Leistner, H.-U.

Identifizierung und Lokalisierung von Resistenzgenen bei Gerste mittels PCR-gestützter Markeranalyse

Identification and localisation of resistance genes from barley by means of PCR-assisted marker analysis

Beginn: 01.01.1999 Ende: offen

BAZ-2343

Leistner, H.-U.; Schliephake, E.; Habekuß, A.

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: offen

BAZ-2334

Lind, V.

Charakterisierung der Resistenz im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes für die Wirt- / Pathogenkombinationen Winter- und Sommerweizen / *Puccinia recondita*

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 wheat / *Puccinia recondita*

Beginn: 01.01.2001 Ende: offen

BAZ-2303

Lind, V.

Virulenzanalyse und Evaluierung von resistentem Ausgangsmaterial bei der Wirt- / Pathogenkombination Weizen / *Puccinia recondita*

Virulence analysis and evaluation of resistant material in the host / pathogen-combination wheat / *Puccinia recondita*

Beginn: 01.01.2001 Ende: offen

BAZ-2305

Lind, V.

Evaluierung von genetischen Ressourcen auf Resistenz gegen *Pseudocercospora herpotrichoides*

Evaluation of genetic resources for resistance to *Pseudocercospora herpotrichoides*

Beginn: 01.01.2001 Ende: offen

BAZ-2307

Proeseler, G.; Habekuß, A.; Ruge, B.

Charakterisierung der Resistenz gegen den Gerstengelmosaikvirus-Komplex (BaMMV, BaYMV-1 + -2) und das Gerstengelverzweigungsvirus (BYDV) aus *Hordeum bulbosum* nach Übertragung in die Kulturgerste

Characterization of resistance to barley yellow mosaic virus-complex (BaMMV, BaYMV-1 + -2) and barley yellow dwarf virus (BYDV) from *Hordeum bulbosum* after transmission in *H. vulgare*

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2001

BAZ-2342

Proeseler, G.; Kopahnke, D.

Virulenzanalyse von *Puccinia recondita*

Virulence analysis of *Puccinia recondita*

Beginn: 01.01.1993 Ende: offen

BAZ-2306

Proeseler, G.; Graichen, K.

Entwicklung von ertragreichen Winterrapslinien mit stabiler Resistenz gegen das Wasserrübenvergilbungsvirus (Turnip yellows luteovirus, TuYV) für die Gewinnung von nachwachsenden Rohstoffen

Beginn: 01.03.2001 Ende: 28.02.2004

BAZ-2310, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) und Gemeinschaft zur

Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP)

Richter, K.; Fischer, C.

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: offen

BAZ-2323

Richter, K.; Fischer, C.

Selektion von Genotypen des Obstes mit Resistenz gegen *Nectria galligena*

Selection of fruit genotypes with resistance to *Nectria galligena*

Beginn: 01.01.1995 Ende: offen

BAZ-2324

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. Registering 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: offen

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: offen

BAZ-2331

Schliephake, E.

Entwicklung eines nationalen Evaluierungsprogramms pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide (EVA II)

Development of a national evaluation programme from plant genetic resources of cereals (EVA II)

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2003

BAZ-2308

## Genbank Gene Bank Braunschweig

Frese, L.

GABI-BEET: Genomanalyse der Zuckerrübe, Teilprojekt „Spaltende Populationen“.

GABI-BEET: Genome analysis of sugar beet, subproject “segregating populations”.

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2002

BAZ-8009

Frese, L.; Baars-Hibbe, O.

Sammlung, Erhaltung und Austausch pflanzengenetischer Ressourcen

Collection, maintenance and exchange of plant genetic resources

Beginn: 01.08.1970 Ende: offen

BAZ-8001

Frese, L.; Baars-Hibbe, O.

Evaluierung und Erhaltung genetischer Ressourcen der Gerste zur Verbesserung der Verfügbarkeit für Pflanzenzüchter in Europa

Evaluation and conservation of barley genetic resources to improve their accessibility to breeders in Europe

Beginn: 01.04.1999 Ende: offen

BAZ-8005, gefördert durch EU

Frese, L.; Baars-Hibbe, O.

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

Frese, L.; Ziegler, D.; Baars-Hibbe, O.

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.; Ziegler, D.; Germeier, C.

Evaluierung und Verbesserung von Sammlungen der *Beta*-Rübe für die Extensivierung landwirtschaftlicher Produktion

Evaluation and enhancement of *Beta* collections for extensification of agricultural production

Beginn: 01.06.1996 Ende: 01.06.2001

BAZ-8004, gefördert durch EU

Germeier, C.

Dokumentation und Controlling

Documentation and controlling

Beginn: 01.08.1970 Ende: offen

BAZ-8002

Germeier, C.; Frese, L.; Baars-Hibbe, O.

Evaluierung und Verbesserung 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

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

Dathe, B.

Erstellung von resistentem Basismaterial bei Erdbeere mit Resistenz gegen *Phytophthora fragariae* Hickman, *Phytophthora cactorum* (Leb.&Cohn) Schroet., *Verticillium dahliae* Kleb. sowie mit hoher Fruchtqualität

Breeding of basic material of strawberry with resistance to *Phytophthora fragariae* Hickman, *Phytophthora cactorum* (Leb.& Cohn) Schroet., *Verticillium dahliae* Kleb. and with high fruit quality

Beginn: 01.01.1992 Ende: 31.05.2001

BAZ-4103

Dathe, B.

Erstellung von Basismaterial bei Himbeere mit Resistenz gegen *Phytophthora fragariae* var. *rubi* und hoher Fruchtqualität

Production of basic material of raspberry with resistance to *Phytophthora fragariae* var. *rubi* and with high fruit quality

Beginn: 01.01.1993 Ende: 31.05.2001

BAZ-4104

Fischer, C.

Entwicklung von Apfelsorten mit hoher Resistenz gegen *Venturia inaequalis*, *Podosphaera leucotricha*, *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae* und *Panonychus ulmi* in Kombination mit hoher Produktqualität und hoher Verträglichkeit für abiotische Schadfaktoren

Development of apple varieties with high resistance to *Venturia inaequalis*, *Podosphaera leucotricha*, *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae* and *Panonychus ulmi* combined with high product quality and high compatibility for abiotic factors

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-4101

Hanke, V.

Erstellung transgener Pflanzen bei ausgewählten Apfelsorten und -unterlagen unter Nutzung von Genkonstrukten zur Induktion von Resistenz gegenüber Phytopathogenen

Creation of transgenic plants of apple scion and rootstock genotype by gene constructs inducing resistance to phytopathogenes

Beginn: 01.09.1997 Ende: 31.12.2002

BAZ-4129

Höfer, M.; Fischer, C.; 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

Schönfeld, R.-M.; Fischer, C.; Schuster, M.

Entwicklung von DNA Markern für Schorf- und Mehlttauresistenzgene in Apfel

Development of DNA markers for resistance genes to scab and mildew in apple

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2002

BAZ-4133

Schuster, M.

Erarbeitung und Anwendung cytogenetischer Methoden zur Genomuntersuchung bei Obst

Development and application of cytogenetic methods for description of fruit genomes

Beginn: 01.01.1998 Ende: 31.12.2001

BAZ-4132

Schuster, M.

Entwicklung ertragreicher Sauerkirschensorten mit hoher Produktqualität und Resistenz gegen pilzliche und bakterielle Schaderreger (*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

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-4102

Schuster, M.

Entwicklung von ertragreichen, wenig platzempfindlichen Süßkirschensorten mit hoher Produktqualität und Resistenz gegen Krankheiten (*Cytospora* sp., *Pseudomonas syringae*) sowie Spätfrosttoleranz

Development of productive sweet cherry cultivars with high fruit quality, resistance to diseases (*Cytospora* sp., *Pseudomonas syringae*) and tolerance to spring frost

Beginn: 01.01.1995 Ende: offen

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.

Verbesserung der quantitativen *Phytophthora*-Resistenz der Kartoffel für Entwicklungsländer

Improvement of quantitative resistance to late blight of potato for developing countries

Beginn: 01.01.1998    Ende: 31.12.2000

BAZ-3133, gefördert durch Bundesministerium für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (BMZ)

Darsow, U.

Genetische Optimierung der Kartoffel als dominierender Stärkeliieferant 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.

Erstellung von Basismaterial mit hoher Nematoden- und Virusresistenz sowie Produktqualität in Form von 24-chromosomigen Kartoffeln unter Nutzung der somatischen Hybridisierung

Breeding of basic material with product quality and high resistance to nematodes and viruses in 24-chromosome potatoes by use of somatic hybridization

Beginn: 01.01.1998    Ende: offen

BAZ-3130

Hackauf, B.

Erstellung definierter Inkompatibilitätsgenotypen bei Roggen

Development of defined self-incompatibility genotypes in rye

Beginn: 01.01.1995    Ende: offen

BAZ-3116

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

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: offen

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

Roux, S.R.

Erstellung von Basismaterial mit kombinierter Mehltau- und Braunrostresistenz beim Roggen

Selection of basic material resistant to powdery mildew and leaf rust in rye

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3117

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 on 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: offen

BAZ-3129

Rudloff, E.

Untersuchungen zur Erweiterung der genetischen Basis bei Winterraps und Erzeugung von Basismaterial für den Food- und Non-Food-Bereich

Investigations on the improvement of the genetic basis in winter rape and production of basic material for food and non-food utilization

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3109

Rudloff, E.

Genetisch-züchtmethodische Untersuchungen zur Etablierung eines praktikablen Funktionssystems für die Nutzung von Heterosis bei Winterraps (*B. napus*) auf Basis der sporophytischen Selbstinkompatibilität.

Investigations on the utilization of self-incompatibility for hybrid seed production in *B. napus*

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3120

Ruge, B.

Die Übertragung von Resistenzen gegen BaMMV, BaYMV und BaYDV aus *Hordeum bulbosum* in die Kulturgerste und ihre Identifizierung durch molekulare Marker

Introgression of resistances to BaMMV, BaYMV and BaYDV from *Hordeum bulbosum* into barley and their identification with molecular markers

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3115

Ruge, B.

Die Übertragung von Resistenzen gegen das Gelbverzwergungsvirus aus *H. bulbosum* in die Kulturgerste und die Identifikation durch molekulare Marker

Introgression of resistances to BaYDV from *H. bulbosum* into *H. vulgare* and their identification with molecular markers

Beginn: 01.01.1997 Ende: offen

BAZ-3134

Ruge, B., Linz, A.

Optimierung und Anwendung von Züchtungsmethoden für die Einführung neuer Resistenzgene gegen Gelbmosaikviren in die Kulturgerste

Development of breeding methods for the introgression of novel resistance genes toward the yellow mosaic virus complex

Beginn: 01.07.1999 Ende: 01.07.2001

BAZ-3139, gefördert durch I.G.S. Biotech GmbH

Sonntag, K.

Somatische Hybridisierung ausgewählter *Brassicaceae* zur Bereitstellung von wertvollem Basismaterial mit verbesserten Eigenschaften

Somatic hybridization of selected *Brassicaceae* for the development of novel breeding material with improved traits

Beginn: 01.06.1997 Ende: 31.07.2002

BAZ-3132, 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: offen

BAZ-3128

Wehling, P.; Darsow, U.

Freisetzungsversuch für Untersuchungen zum Einfluß transgener T4-Lysozym produzierender Kartoffellinien auf Nicht-Ziel-Mikroorganismen

Investigation on the impact of transgenic T4 lysozyme-producing potatoes on non-target microorganisms in a field release experiment

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2001

BAZ-3135, 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: offen

BAZ-3111

Wehling, P.; Hackauf, B.

Entwicklung molekularer Marker für die Roggenzüchtung

Development of molecular markers for rye breeding

Beginn: 01.06.1996 Ende: offen

BAZ-3136

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.; Linz, B.

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.; Makarova, N.

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 Fettsäurezusammensetzung

Field release and breeding of oilseed rape (*Brassica napus* L.) with genetically engineered fatty acid composition

Beginn: 01.01.1996 Ende: offen

BAZ-3121

Wehling, P.; Ruge, B.

Entwicklung eines PCR-Assays zur schnellen Identifizierung transgener Rapsgeotypen

Development of a PCR assay for quick identification of transgenic rape genotypes

Beginn: 01.06.1996 Ende: offen

BAZ-3131

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

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

Balko, C.

Trockentoleranz *in vitro* selektierter Kartoffellinien

Drought tolerance of *in vitro* selected potato lines

Beginn: 01.04.1997 Ende: 01.04.2001

BAZ-3331

Balko, C.

Frostresistenz und Winterhärte *in vitro* selektierter Wintergerstenlinien

Frost resistance and winter hardiness of winter barley lines selected *in vitro*

Beginn: 01.07.1998 Ende: 30.06.2001

BAZ-3337, gefördert durch Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen "Otto v. Guericke" e.V. (AiF)

Flamme, W.; Jansen, G.

Einzelsamencharakteristik - züchtungsrelevante Analyse von Inhaltsstoffen, Farbe, Härte und Image an Getreidekörnern

Single seed characterization - breeding relevant analysis of contents, colour, hardness, and image on cereal grains

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-3341

Jansen, G.; Flamme, W.

Rheologische Untersuchungen von Stärken und Nichtstärkepolysacchariden von Kartoffeln und Getreide

Rheological investigations of starch and non-starch polysaccharides of potatoes and cereals

Beginn: 01.09.1999 Ende: 31.12.2002

BAZ-3338

Jürgens, H.-U.

Charakterisierung der Stärkezusammensetzung (Amylose, Amylopektin) heimischer landwirtschaftlicher Nutzpflanzen mittels HPLC

Characterization of starch composition (amylose, amylopectin) of indigenous agricultural plants by means of HPLC

Beginn: 01.01.1998 Ende: 31.12.2002

BAZ-3335

Seddig, S.; Balko, C.; Jansen, G.

Veränderung der Stickstofffraktionen in verschiedenen Teilen der Kartoffelpflanze unter Einwirkung von Trockenstress

Changes of nitrogen fractions in different parts of potato plants under drought stress

Beginn: 01.01.1998 Ende: 31.12.2001

BAZ-3336

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

Wegener, C.

Induktion von Abwehrmechanismen in transgenen Pflanzen zwecks Veränderung der Zellwandstruktur und zur Anhebung des Resistenzniveaus

Induction of plant defense mechanisms in transgenic plants to change the cell wall structure and to improve the resistance level

Beginn: 01.09.1998 Ende: 01.09.2002

BAZ-3332

Wegener, C.

Untersuchung von transgenen Kartoffelpflanzen im Hinblick auf die Expression eines Pektatlyase-Gens und deren Auswirkungen auf Zellwand sowie Geweberesistenz unter Feldbedingungen

Investigation of transgenic potato plants with respect to the expression of a pectate lyase gene and its effect on cell wall and tissue resistance under field conditions

Beginn: 01.04.1997 Ende: 01.04.2002

BAZ-3334

Wegener, C.

Untersuchung des Einflusses des genetischen Hintergrunds auf die durch eine *Erwinia*-Pektatlyase induzierte Resistenz in transgenen Kartoffeln unterschiedlicher Sorten.

Investigation of the influence of the genetic background on the resistance induced by an *Erwinia* pectate lyase in transgenic potatoes of different cultivars.

Beginn: 01.07.1999 Ende: 31.12.2003

BAZ-3339

## Institut für gartenbauliche Kulturen Institute of Horticultural Crops Quedlinburg

Klocke, E.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Schumann, G.

Agrobakterien-vermittelter Transfer der TuMV-Virushüllprotein- und NIB-Gene in *Brassica oleracea* var. *capitata* und Prüfung der TuMV-Resistenz der transgenen Linien

*Agrobacterium* mediated gene transfer of the TuMV coat protein and the NIB in *Brassica oleracea* var. *capitata* and evaluation for resistance against TuMV of the transgene lines

Beginn: 01.01.1999 Ende: 01.04.2002

BAZ-1140

Krämer, R.; Marthe, F.; Klocke, E.; Ryschka, U.; Schumann, G.

Charakterisierung und Bewertung der Turnip mosaic virus (TuMV)-Resistenz in Linien und Kreuzungsnachkommenschaften 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.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Klocke, E.; Schumann, G.; Kecke, S.  
Erschließung neuer Variabilität für den Gemüsekohl (*Brassica oleracea*) aus Regeneraten somatischer Hybriden sowie sexuell erzeugten Art- und Gattungsbastarden innerhalb der Familie *Brassicaceae*  
Acquirement of new variability for cabbage (*Brassica oleracea*) from interspecific and intergeneric somatic hybrids as well as sexually developed bastards in *Brassicaceae*  
Beginn: 01.01.1999    Ende: 01.12.2001  
BAZ-1139

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.; Frese, L.  
Die Zukunft der europäischen Möhre: ein Programm zur Konservierung, Charakterisierung, Evaluierung und Sammlung von Möhren und Wildarten  
GenRes-CT99-105  
The Future of the European Carrot: a programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild species  
GenRes-CT99-105  
Beginn: 01.01.2000    Ende: 31.12.2003  
BAZ-1152.gefördert durch EU

Pank, F.  
Entwicklung von Basismaterial für die Züchtung von Arzneifenichel (*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.; 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)

Peterka, H.; Budahn, H.  
Entwicklung von alloplasmatischem Porree  
Development of alloplasmic leek  
Beginn: 01.01.1999    Ende: 31.12.2002  
BAZ-1147

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 family *Brassicaceae* by using of the somatic cell hybridization  
Beginn: 01.01.2000    Ende: 01.01.2003  
BAZ-1150

Scholze, P.; Marthe, F.  
Vererbung der Kohlhernie (*Plasmodiophora*)-Resistenz ausgewählter Herkünfte von *Brassica oleracea*  
Inheritance of resistance to clubroot (*Plasmodiophora*) in selected accessions of *Brassica oleracea*  
Beginn: 01.10.1999    Ende: 31.10.2002  
BAZ-1141

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

Schrader, O.; Budahn, H.; Ahne, R.; Peterka, H.  
Karyotypanalyse somaklonaler Varianten eines Bastardes von *Allium cepa* x *A. ampeloprasum*  
Karyotype analysis of somaclonal variants of an *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* hybrid  
Beginn: 01.01.1999    Ende: 31.12.2002  
BAZ-1146

Schumann, G.; Ryschka, U.  
Weiterentwicklung von Zell- und Gewebekulturtechniken als Voraussetzung für die somatische Hybridisierung in der Gattung *Allium*  
Further development of cell and tissue culture techniques for somatic hybridization in the genus *Allium*  
Beginn: 01.01.1997    Ende: 01.12.2001  
BAZ-1137

## Institut für Qualitätsanalytik Institute of Quality Analysis Quedlinburg

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

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: 30.04.2002  
BAZ-1229

Quilitzsch, R.; Hoberg, E.; Schulz, H.; Ulrich, D.  
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  
Beginn: 01.03.1997    Ende: 01.12.2002  
BAZ-1223

Quilitzsch, R.; Schulz, H.

Evaluierung spezieller MIR-spektroskopischer Probentechniken sowie Anwendungen der Raman-Spektroskopie zur Analyse von Pflanzenbestandteilen und -extrakten

Evaluation of special MIR spectroscopical sampling techniques as well as application of Raman Spectroscopy for the analysis of plant materials and extracts

Beginn: 01.06.2000 Ende: 31.12.2002

BAZ-1231

Schulz, H.; Steuer, B.; Krüger, H.; Schütze, W.

Möglichkeiten und Grenzen der NIR-Spektroskopie bei der Bestimmung phenolischer Inhaltsstoffe in ausgewählten Modellpflanzen

Possibilities and limits of NIR spectroscopy for the determination of phenolic substances in selected model plants

Beginn: 01.08.1998 Ende: 30.04.2001

BAZ-1226; gefördert durch die Adalbert-Raps-Stiftung, Kulmbach

Schulz, H.; Steuer, B.; Schütze, W.; Krüger, H.

Aufbau eines NIRS-Netzwerkes für Medizinal- und Gewürzpflanzen einschließlich der daraus hergestellten industriellen Rohstoffe

Development of a NIRS-network for medicinal and spice plants including the relating industrial raw materials

Beginn: 01.08.1999 Ende: 31.01.2002

BAZ-1227, gefördert durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V.

Straka, P.; Nothnagel, T.

Entwicklung charakterisierter zum Anbau geeigneter Mohnformen (*Papaver somniferum* L.) und molekulare Analyse der Vererbung ihres Alkaloidgehaltes.

Development of characterized arable poppy forms (*Papaver somniferum* L.) and molecular analysis of the genetics of their alkaloids.

Beginn: 01.01.1998 Ende: 30.06.2001

BAZ-1232, gefördert durch das Land Sachsen-Anhalt

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.; Fischer, C.; 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

## Arbeitsgruppe Elektronische Datenverarbeitung Data Processing Unit Quedlinburg

Kecke, S.; Marthe, F.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Klocke, E.; Schütze, W.

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

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2002

BAZ-9001

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: 31.12.2002

BAZ-9002

## 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.

Evaluierung von *Vitis*-Arten auf Resistenzeigenschaften

Evaluation of *Vitis* species on resistance characteristics

Beginn: 01.01.1999 Ende: offen

BAZ-5137



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.; Harst, M.  
Die Erhaltungszüchtung neuer Rebsorten  
Maintenance breeding of vine varieties  
Beginn: 01.01.1970 Ende: offen  
BAZ-5102

Harst, M.  
Erzeugung von embryogenem Gewebe über die Antherenkultur  
Production of embryogenic tissue from anther culture  
Beginn: 01.01.1990 Ende: offen  
BAZ-5116

Hausmann, L.; Syring-Ehemann, A.; Töpfer, R.  
Isolation und Charakterisierung von cDNAs für Enzyme aus dem Biosyntheseweg von Fettsäuren  
Isolation and characterization of cDNAs encoding enzymes for the biosynthesis of fatty acids  
Beginn: 01.09.1997 Ende: 01.08.2000  
BAZ-5138

Hausmann, L.; Töpfer, R.  
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 die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Hausmann, L.; Töpfer, R.  
Einsatz der DNA-Microarray-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: 02.09.2000 Ende: 31.08.2003  
BAZ-5141, gefördert durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Kortekamp, A.; Zyprian, E.  
Untersuchungen der Interaktion von *Plasmopara viticola* mit toleranten und anfälligen Rebsorten  
Investigation of the interaction of *Plasmopara viticola* with tolerant or susceptible grapevine cultivars  
Beginn: 01.01.1996 Ende: offen  
BAZ-5130

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)

Zyprian, E.

Physikalische Kartierung des Rebgenoms

Physical mapping of the grapevine genome

Beginn: 01.01.1996 Ende: offen

BAZ-5133

Zyprian, E.; Eibach, R.; Salakhutdinov, I.; Töpfer, R.; Fischer, B.

Entwicklung molekularer Marker für Pilzresistenz und andere züchterisch wertvolle Eigenschaften der

Weinrebe, Kartierung und Genomanalyse

Development of molecular markers for fungal disease resistance and other agronomically important traits, mapping and genome analysis

Beginn: 01.01.1993 Ende: offen

BAZ-5115

Zyprian, E.; Töpfer, R.; 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

# 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.

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.

### 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>Arabidopsis 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	

<b>Familie/Family</b>	<b>Gattung/Genus</b>	<b>Art/Species</b>	<b>Anzahl Isolate/ Number of Isolates</b>
<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 wheat 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.

<b>Gattung/Genus</b>	<b>Art/Species</b>	<b>Unterart/Subspecies</b>	<b>Anzahl Isolate/ Number of Isolates</b>
<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>		7
<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>	5
<i>Xanthomonas</i>	<i>hortorum</i>	<i>pelargonii</i>	3

## 3. Pilzsammlung/Fungi Collection

fakultative Pilze/facultative fungi

Betreuer/Curator: Kopahnke, D.

<b>Gattung/Genus</b>	<b>Art/Species</b>	<b>Anzahl Isolate/ Number of Isolates</b>
<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>	2
<i>Drechslera</i>	<i>teres</i> f. <i>teres</i>	50
<i>Drechslera</i>	<i>teres</i> f. <i>maculata</i>	2
<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>	22
<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>Mastigospodium</i>	<i>muticum</i>	12
<i>Mycosphaerella</i>	<i>pinodes</i>	5
<i>Phoma</i>	<i>lingam</i>	4
<i>Phoma</i>	<i>medicaginis</i> var. <i>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>recondita</i>	7	25

**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, Institute 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 Institutes of Resistance Research and Pathogen Diagnostics, Aschersleben, maintain 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)

#### 1.1. Viren/Viruses

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

*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*

#### 1.3. Pilze/Fungi

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

*Drechslera teres*  
*Fusarium culmorum*

#### 1.4. Synthetische Peptide und andere Antigene/ Synthetic peptides and other antigens

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

Nib Region von Potyviren  
Thaumatococcus-like Protein (T8)  
c-myc-746  
Luteo-ORF-1B

#### 1.2. Bakterien/Bacteria

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

*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)

#### 2.1. Viren/Viruses

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

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*

Genus *Carlavirus*  
*Chrysanthemum virus B*  
*Poplar mosaic virus*  
*Potato virus M*  
*Potato virus S*  
Genus *Carmovirus*  
*Carnation mottle virus*  
*Pelargonium flower break virus*  
Genus *Closterovirus*  
*Beet yellows virus*  
Genus *Comovirus*  
*Broad bean stain virus*  
*Red clover mottle virus*

## 2.1. Viren/Viruses

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 wheat mosaic virus*

Genus *Hordeivirus*  
    *Barley stripe mosaic virus*

Genus *Iilarvirus*  
    *Apple mosaic virus*  
    *Prune dwarf virus*  
    *Prunus necrotic ringspot virus*

Genus *Luteovirus*  
    *Barley yellow dwarf virus PAV*

Genus *Necrovirus*  
    *Tobacco necrosis virus*

Genus *Nepovirus*  
    *Arabis mosaic virus*  
    *Cherry leafroll virus*  
    *Grapevine fanleaf virus*  
    *Raspberry ringspot virus*  
    *Strawberry latent ringspot virus*  
    *Tomato black ring virus*

Genus *Polerovirus*  
    *Beet mild yellowing virus*  
    *Beet western yellows virus*  
    (Syn. Turnip yellows virus)  
    *Beet western yellows virus*  
    (Syn. Turnip yellows virus)  
        ORF 0  
        ORF 1B  
    *Potato leafroll virus*

Genus *Potexvirus*  
    *Hydrangea ringspot 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*  
    *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*  
    *Oat necrotic mottle 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 virus*  
    *Wheat streak mosaic virus*

Genus *Tymovirus*  
    *Erysimum latent virus*  
    *Turnip yellow mosaic virus*

nicht gruppiert  
    *Cucumber leaf spot virus*

## 2.2. Bakterien/Bacteria

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

*Clavibacter michiganensis* subsp.  
    *michiganensis*  
*Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus*  
*Erwinia amylovora*  
*Erwinia carotovora* subsp. *atroseptica*  
*Erwinia carotovora* subsp. *carotovora*

*Erwinia chrysanthemi*  
*Erwinia herbicola*  
*Pseudomonas savastanoi* pv. *glycinea*  
*Pseudomonas savastanoi* pv. *phaseolicola*



## 2.2. Bakterien/Bacteria

*Pseudomonas syringae* pv. *tomato*  
*Ralstonia solanacearum*  
*Xanthomonas axonopodis* pv. *begoniae*  
*Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis*  
*Xanthomonas axonopodis* pv. *vignicola*  
*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*  
*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*  
*Xanthomonas translucens* pv. *translucens*  
*Xanthomonas translucens* pv. *undulosa*

## 2.3. Pilze/Fungi

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.; Gabler, J.

*Alternaria* f. sp. *dauci*  
*Drechslera teres*  
*Fusarium culmorum*  
*Fusarium graminearum*  
*Fusarium oxysporum* f. sp. *lisi*  
*Laetisaria fuciformis*  
*Limonomyces roseipellis*  
*Mastigospodium muticum*

*Microdochium nivale*  
*Passalora puncta*  
*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

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

Glucuronidase  
Lävansucrase  
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/Probetyp	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  
Dr. Eckhardt  
Aufgabe: Transformation von Rhododendron  
Projekt: BAZ-6144

#### **Dresden**

Hochschule für Technik und Wirtschaft, Abt. Botanik/Ökologie  
Prof. Dr. Drewes- Alvarez  
Aufgabe: In-vitro-Regeneration von Rosen  
Projekt: BAZ-6144  
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. H.-G. Schwenkel  
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, Dr. H. Kaufmann  
Aufgabe: Erstellung und Testung einer BAC Genbank der Rose  
Projekt: BAZ-6131

**Hann. Münden**

Firma Ernst Benary Samenzucht GmbH  
Dr. M. Mehring-Lemper, M. Kadolsky  
Aufgabe: Erstellung von homozygotem Basismaterial  
Projekt: BAZ-6135

**Hannover**

Universität Hannover, Institut für Zierpflanzenbau, Baumschule und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. Spethmann  
Aufgabe: Charakterisierung neuer Zierpflanzen und Resistenz in Rosenarten  
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; Institut für Landwirtschaftlichen und Gärtnerischen Pflanzenbau  
Prof. Dr. G. Forkmann  
Aufgabe: Untersuchungen zur Blütenfarbe bei Rosen  
Projekt: BAZ-6114

**Rheinberg**

Firma Dümmler  
M. Dümmler  
Aufgabe: Züchterische Verbesserung von Euphorbia-Arten durch Anwendung biotechnologischer Methoden  
Projekt: BAZ-6137

**Sangerhausen**

Europarosarium  
H. Brumme  
Aufgabe: Evaluierung von Rosenkollektionen  
Projekt: BAZ-6134  
H. Brumme  
Aufgabe: Erschließung neuer Resistenzquellen in Rosenwildarten. Austausch und Testung von Versuchsmaterial  
Projekt: BAZ-6134

**Sparrieshoop**

Firma W. Kordes  
Herr Kordes, Herr Proll, Herr Chaanin  
Aufgabe: Entwicklung resistenter Rosengenotypen, Austausch und Testung von Versuchsmaterial  
Projekt: BAZ-6131, BAZ-6136, BAZ-6134

**Strullendorf**

Gartenbau Robert Mayer  
Dr. U. Mayer  
Aufgabe: Somatische Embryogenese für die Massenvermehrung von Rosen  
Projekt: BAZ-6144

## **Uetersen**

Firma Rosen Tantau  
Herr Evers, Herr Loeffler, Herr Unger  
Aufgabe: Entwicklung resistenter Rosengenotypen, Austausch und Testung von Versuchsmaterial  
Projekt: BAZ-6131, BAZ-6136, BAZ-6134

## **Westerstede**

Firma Böhlje Baumschulen  
Herr Böhlje  
Aufgabe: Erstellung von kalktolerantem Basismaterial von Ericaceae  
Projekt: BAZ-6125

## **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  
INRA, Angers  
Dr. Lespinasse, Dr. Durel  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140  
Service des espaces verts, Paris, Bois de Bologne  
Mr. Mando  
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm  
Projekt: BAZ-6134

### **Griechenland/Greece**

NAGREF, Pomology Institute, Naoussa  
Dr. Manganaris  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140

### **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: Aufgabe Austausch von Pflanzen- und Pathogenmaterial  
Projekt: BAZ-6114  
University of London, Wye College, Wye  
Dr. Beynon  
Aufgabe: Molekulare und genetische Charakterisierung von Resistenzgenen aus *Arabidopsis*.  
Projekt: BAZ-6133  
HRI, East Malling  
Dr. Evans  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140

**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

DCA-BO, Bologna

Prof. Sansavini, Dr. Tartarini

Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)

Projekt: BAZ-6140

**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

PRI, Wageningen

E. van der Weg, H. J. Schouten

Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)

Projekt: BAZ-6140

**Schweiz/Switzerland**

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

Dr. Kellerhals

Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)

Projekt: BAZ-6140

ETH, Zürich

Prof. Kessler, Dr. Koller

Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)

Projekt: BAZ-6140

**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

University of North Carolina, Chapel Hill

Prof. Dangel

Aufgabe: Molekulare und genetische Charakterisierung von Resistenzgenen aus Arabidopsis

Projekt: BAZ-6133

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 Alternariaresistenz

Projekt: BAZ-2144, FUEGO 0036901L8

### Asendorf

Deutsche Saatveredelung

Dr. U. Feuerstein

Aufgabe: Erarbeitung von Methoden zur Selektion auf Resistenz gegenüber der Rotspritzigkeit an Rasengräsern

Projekt: BAZ-2132

### Bad Neuenahr-Ahrweiler

Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau

M. Dehe

Aufgabe: Feldversuchsstandort einer Versuchsserie zur Evaluierung von Johanniskrautakzessionen

Projekt: FNR - 97NR135-F

M. Dehe

Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen

Projekt: 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-2145

### Bernburg

Fachhochschule Anhalt ,Fachbereich Landwirtschaft, Ökotropologie, Landespflege

I. Reichhardt

Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen

Projekt: FKZ - 98 NR 025

## **Bonn**

Forschungsvereinigung der Arzneimittel-Hersteller FAH  
B. Christian, Dr. E. Kroth  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels;  
Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: FKZ - 98 NR 025

## **Braunschweig**

Technische Universität, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit  
Dr. W. Huth, Dr. D-E. Lesemann  
Aufgabe: Diagnose von Viren an Gramineen

## **Dresden**

Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft  
Dr. Ch. Gebhart  
Aufgabe: Serologische Prüfung von Weizenherkünften (Kornproben) auf Befall mit Fusarium-  
Arten  
Projekt: BAZ-2152  
Dr. W. Wiedemann  
Aufgabe: Serologische Prüfung von Spinatherkünften auf Befall mit Vergilbungsviren (Turnip  
yellows virus, Beet mild yellowing virus)  
Projekt: BAZ-2137

## **Erfurt-Kühnhausen**

Institut für Gemüse-und Zierpflanzenproduktion  
Dr. A. Luthardt, Dr. D. Grote (Großbeeren)  
Aufgabe: Nachweis von Fusarium oxysporum  
Projekt: BAZ-2134  
Dr. A. Luthardt, Dr. F. Hennig  
Aufgabe: Entwicklung immunologischer Testverfahren zum Nachweis von Fusarium  
oxysporum in der Resistenzzüchtung von Gemüse- und Zierpflanzen  
Projekt: BAZ-2134

## **Freising-Weihenstephan**

Technische Universität München, Lehrstuhl für Phytopathologie  
Prof. V. Zinkernagel, Frau Wosnizka  
Aufgabe: Serologische Prüfung von Weizenkörnern auf Befall mit Fusarium-Arten  
Projekt: BAZ-2152

## **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung  
Dr. U. Heim; Dr. C. Horstmann  
Aufgabe: Proteinsequenzierung; c DNA-Banken infizierter Gerste  
Projekt: BAZ-2138  
Dr. U. Conrad; Dr. F. Altpeter  
Aufgabe: Herstellung von Gerste mit verbesserter Resistenz gegen BaYDV Gewinnung von  
Lolium perenne mit gentechnisch verbesserter Resistenz gegen RgMV  
Dr. J. Hofemeister, Dr. A. Lehr, Dr. M. Wolf  
Aufgabe: Induzierte Resistenz, Genkartierung  
Projekt: BAZ-2138

## **Hannover**

Landwirtschaftskammer Pflanzenschutzamt  
Dr. Heinicke  
Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber Polymyxa übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2145



**Hohenlieth**

Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG  
Dr. M. Frauen  
Aufgabe: Erarbeitung von Methoden zur Selektion auf Resistenz gegenüber der Rotspitzigkeit an Rasengräsern  
Projekt: BAZ-9390, AiF-10906 B

**Köthen**

Fachhochschule Anhalt  
Dr. K. Schöps  
Aufgabe: Raster- und Transmissionselektronenmikroskopische Untersuchung von Veränderungen an Mikroorganismen nach Einwirkung desinfizierender Substanzen

**Magdeburg**

Landespflanzenschutzamt Sachsen-Anhalt  
M. Krusche, Herr Mertens  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: FKZ - 98 NR 025  
Pflanzenschutzamt  
Dr. R. Gippert  
Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber Polymyxa übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2145

**Steinach**

Saatzucht Steinach GmbH  
F. Haag  
Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber Polymyxa übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2145  
Dr. F. Eickmeyer  
Aufgabe: Selektion auf Resistenz gegenüber der Rotspitzigkeit an Rasengräsern  
Projekt: BAZ-2132

**Stuttgart**

Universität Hohenheim, Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik  
Prof. Dr. H. H. Geiger  
Aufgabe: Rekurrente Selektionsprogramme zur Verbesserung der Perennierungsfähigkeit bei Roggen  
Projekt: BAZ-3129  
Landessaatzuchtanstalt Stuttgart  
Aufgabe: Serologische Prüfung von Fusarium-Arten und Nachweis von Fusarium in Roggenkörnern  
Projekt: BAZ-2152  
Dr. U. K. Posselt  
Aufgabe: Entwicklung und Anpassung immunologischer Testsysteme auf der Grundlage polyklonaler Antiseren zum Nachweis von Drechslera spp. im Rahmen der Resistenzzüchtung von Futtergräsern

**Trebur**

AGRI-MED  
Dr. E. Schubert  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: FKZ - 98 NR 025

**Veitshöchheim**

Bayrische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau  
H. Siegler  
Aufgabe: Prüfung von Kirschenklonen  
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4108, BAZ-4121

## 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 2139

### Bulgarien/Bulgaria

Bulgarische Akademie der Wissenschaften Sofia, Institut für Genetik, Sofia

Frau Dr. J. Georgieva

Aufgabe: Licht- und transmissionselektronenmikroskopische Arbeiten zu Nachweis biologischer Substanzen in Pflanzenzellen

Projekt: BAZ-2329

Bulgarian Academy of Sciences, Institute of Genetics "Acad. D. Kostoff", Sofia

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: Transgene Kartoffeln mit Resistenz gegen das PVY

Projekt: BAZ-2150; Kooperationsvereinbarung 12

### Litauen/Lithuania

Lithuanian University, Institute of Botany, Vilnius

Frau Dr. R. Mackinaite

Aufgabe: Entwicklung von Methoden zum *Fusarium*-Nachweis in der Pflanze

Projekt: BAZ-2134

### Neuseeland/New Zealand

Institute of Crop & Food Research, Christchurch

Dr. R. Pickering

Aufgabe: Untersuchungen von Hordeum-Wildformen auf Resistenz gegenüber *Polymyxa graminis*, dem pilzlichen Vektor bedeutender Getreideviren

Projekt: BAZ-2132

### Niederlande/The Netherlands

Zelder plant breeders and seedmen, Gennep

Dr. L. Wolters

Aufgabe: Aufgabe Erarbeitung von Methoden zur Selektion auf Resistenz gegenüber der Rotspitzigkeit an Rasengräsern

Projekt: Forschungsprojekt AiF-10906 B

### 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

### Russland/Russia

Shemyakin Institute of Bioorganic Chemistry, Moskau

Frau Dr. E. Sukhacheva

Aufgabe: Erzeugung monoklonaler Antikörper gegen virale Nichtstrukturproteine

Projekt: BAZ-2125

## **Tschechische Republik/Czech Republic**

Institute for Plant Molecular Biology, Ceske Budejovice

Dr. J. Matousek

Aufgabe: Transgene Kartoffelpflanzen mit Virusresistenz

Projekt: BAZ-2142; Kooperationsvereinbarung 7/96

Research Institute for Crop Production, Prag

Frau Dr. B. Pekarova

Aufgabe: Aufgabe Serologische Erfassung von *Phytophthora*-Arten in Pflanzenmaterial

Projekt: Forschungsprojekt BAZ-2134

Research Institute for Crop Production, Prag

Dr. J. Hysek

Aufgabe: Entwicklung neuer Methoden zum Nachweis von pilzlichen Erregern

Projekt: Kooperationsvereinbarung 26/99

## **USA**

Department of Plant Pathology, Cornell University Ithaca,

Prof. G.C. Bergstrom

Aufgabe: Untersuchung auf Resistenz gegenüber *Polymyxa*-übertragbaren Viren

Projekt: BAZ-2145

ILTAB, TSRI Plant Division, La Jolla

Dr. C. Fauquet

Aufgabe: Sequenzanalyse bei Rymoviren als Grundlage für den Gentransfer

Projekt: Kooperationsvereinbarung 08/98

USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Lincoln

Dr. D.C. Stenger

Aufgabe: Charakterisierung von Europäischen Isolaten des Wheat streak virus

Projekt: BAZ-2156

## **Institut für Epidemiologie und Resistenz Institute of Epidemiology and Resistance Aschersleben**

## **Partner im Inland/German partners**

### **Bonn**

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information

Dr. S. Harrer

Aufgabe: Aufbau eines Informationssystems für Evaluierungsdaten pflanzengenetischer

Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland

Projekt: BAZ-2332 (gefördert durch BML)

### **GFP**

Dr. M. Frauen

Aufgabe: Erhöhung der Resistenz von Winterraps gegen das Wasserrübenvergilbungsvirus

(TuYV) in der Vegetationsperiode 1999/2000

Projekt: BAZ 2340, GFP 9730

### **Braunschweig**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Dr. V. Garbe, Dr. U. Heimbach

Aufgabe: Virus-Befallssituation und Befallsminderung bei Winterraps

Projekt: BAZ 2340, UFOP 9690

Dr. K. Flath (Außenstelle Kleinmachnow)

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  
Dr. J. Schiemann, Dr. G. Laucke  
Aufgabe: Gentechnischer Ansatz zur Erzeugung von virusresistentem Raps  
Projekt: BAZ-2340 (gefördert durch FNR)  
Zentrale EDV-Gruppe (Außenstelle Kleinmachnow)  
Dr. E. Moll  
Aufgabe: Prüfung von Gerste und Weizen auf Braunrostresistenz für das Bundessortenamt  
Projekt: BAZ-2303, BAZ-2319

### **Böhnshausen**

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

### **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  
Aufgabe: Resistenz von *Pelargonium* gegen *Xanthomonas*  
Projekt: BAZ-2328 (gefördert vom Freistaat Sachsen, Projekt-Nr. 9810)  
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

### **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung; Genbank  
Dr. H. Knüpper  
Aufgabe: "International Network on Barley Genetic Resources"  
Projekt: EU-Projekt FAIR-CT-98-104  
Dr. H. Knüpper  
Aufgabe: Aufbau eines Informationssystems für Evaluierungsdaten  
Projekt: BAZ-2332 (gefördert durch BML) EU-Projekt FAIR-CT-98-104  
Dr. A. Börner  
Aufgabe: Selektion von Weizen auf Resistenz gegen Blattdürre  
Projekt: BAZ-2336  
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

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Genbank  
Prof. Dr. A. Graner

Aufgabe: Isolierung des *Rph-16* Zwergrost-Resistenzlocus

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Abteilung molekulare Genetik  
Dr. J. Hofemeister, Dr. H. Bäumlein

Aufgabe: Wirkspektrum von *Bacillus A 1/3* gegen Pflanzenpathogene

Projekt: BAZ-2399 (gefördert durch BMBF)

SunGene GmbH & Co. KGaA

Dr. K. Herbers

Aufgabe: Induzierte Pathogenresistenz in Pflanzen durch *Bacillus subtilis*-Stämme

Projekt: BAZ-2399, Vertrags-Proj.-Nr. 9790/2300

## **Gießen**

Justus-Liebig-Universität, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Dr. F. Ordon

Aufgabe: Genetische Analyse der Vererbung der BYDV-Toleranz

Projekt: BAZ-2339 (gefördert durch GFP)

## **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: 2340

## **Halle**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz

Prof. Dr. E. Fuchs

Aufgabe: Übertragung von Gramineenviren durch Aphiden

Projekt: BAZ-2330

## **Hannover**

Bundessortenamt

Dr. J. Steinberger, Dipl.-Agraring. D. Rentel

Aufgabe: Prüfung von Gerste und Weizen auf Braunrostresistenz für das Bundessortenamt

Projekt: BAZ-2303, BAZ-2319

## **Herzogenaurach**

Saatzucht Josef Breun GdB

J. Breun

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

## **Irlbach**

Dr. J. Ackermann & Co., Saatzeit

Dr. V. Lein

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

## **Jena**

Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Mikrobiologie

Dr. B. Völksch

Aufgabe: Resistenzinduktion bei Tomate gegen *Clavibacter*

Projekt: BAZ-2399

Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Pharmazie  
Dr. M. Ramm  
Aufgabe: Resistenzinduktion bei Tomate gegen *Clavibacter*  
Projekt: BAZ-2399

#### **Kiel**

Christian-Albrechts-Universität zu 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 2340, Land Schleswig-Holstein

#### **Ladenburg**

Max Planck Institut für Zellbiologie  
Prof. Dr. K. Geider  
Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen  
Projekt: BAZ-2323

#### **Lippstadt**

Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH (DSV), Zuchtstation Leutewitz  
Dr. M. Herrmann  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* sp. und Resistenz/Toleranz von Gerste gegen Pilze und Viren  
Projekt: BAZ-2301, BAZ-2302, BAZ-2304, BAZ-2305

#### **Marne**

Marner GZG Saaten AG  
Dr. H. Löptien  
Aufgabe: Resistenz von Kopfkohl gegen *Xanthomonas*  
Projekt: BAZ-2329 (gefördert durch 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  
Dr. D. Treutter  
Aufgabe: Resistenzinduktion der Tomate gegen *Clavibacter*  
Projekt: BAZ-2399

#### **Stuttgart**

Landesanstalt für Pflanzenschutz  
Dr. E. Moltmann  
Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen  
Projekt: BAZ-2323

#### **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, BAZ-2305

## 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

### **Bulgarien/Bulgaria**

Institute of Plant Protection, Konstinbrod  
Dr. Nevena Bogatzevska  
Aufgabe: Resistenz von Gemüse gegen bakterielle Erreger  
Projekt: BAZ-2329  
Institute of Genetics, Sofia  
Dr. Violeta Sotirova  
Aufgabe: Resistenz von Gemüse gegen bakterielle Erreger  
Projekt: BAZ-2329

### **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  
Riso National Laboratory, Dpt. Plant Biology and Biochemistry, Roskilde  
Dr. H. Ostergard  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305; EU-Project COST 817

### **Großbritannien/Great Britain**

Agrifusion Ltd, Agricultural Research Station, Chelmsford  
Dr. E. R. L. Jones  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305; EU-Project COST 817

### **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. David 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 und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305; EU-Project COST 817

### **Österreich/Austria**

Probstdorfer Saatzucht Gesellschaft mbH, Probstdorf  
F. Löschenberger  
Institut für Phytomedizin, Wien  
Dr. B. Zwatz  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2306; EU-Project COST 817

## **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  
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

## **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  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305; EU-Project COST 817

## **USA**

Cornell University, Geneva NY  
Prof. Dr. H. Aldwinckle, Dr. J. Norelli  
Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen  
Projekt: BAZ-2323; Kooperationsvereinbarung 3/97

**Genbank**  
**Gene Bank**  
**Braunschweig**

## **Partner im Inland/German partners**

### **Braunschweig**

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft  
Institut für Pflanzenbau und Grünlandwirtschaft  
Dr. G. Mix-Wagner  
Aufgabe: Aufbau und Erhaltung einer Sammlung europäischer Kulturkartoffeln  
Projekt: BAZ-8001, BAZ-8003

### **Einbeck**

Kleinwanzlebener Saatzucht AG Einbeck  
Dr. W. Beyer  
Aufgabe: Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen der Gattung Beta auf Resistenz gegen  
Rhizoctonia  
Projekt: BAZ-8004

### **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Gatersleben  
Dr. A. Börner  
Aufgabe: Vermehrung pflanzengenetischer Ressourcen bei Beta und Bereitsstellung von  
Informationen und Saatgut  
Projekt: BAZ-8004  
Dr. H. Knüpfner  
Aufgabe: Vermehrung pflanzengenetischer Ressourcen der Gerste und Bereitsstellung von  
Informationen und Saatgut  
Projekt: BAZ-8005



Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Genbank Außenstelle Nord, Groß Lüsewitz  
Dr. K. Schüler  
Aufgabe: Aufbau einer Sicherheitslagerung der Kartoffel-Genbank  
Projekt: BAZ-8001

**Kiel**

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel  
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. C. Jung  
Aufgabe: GABI-BEET: Genomanalyse der Zückerrübe, Teilprojekt „Spaltende Populationen“  
Projekt: BAZ-8009

**Leopoldshöhe:**

W. v. Borries-Eckendorf  
Dr. Graf v. d. Schulenburg  
Aufgabe: Sammlung, Vermehrung und Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen diverser Arten  
Projekt: BAZ-8001

**Lippstadt:**

Zuchtstation Asendorf  
Dr. U. Feuerstein  
Aufgabe: Evaluierung und Vermehrung pflanzengenetischer Ressourcen bei Weidegräsern  
Projekt: BAZ-8001

**Nienstädt:**

Saatzucht Dieckmann-Heimburg  
Dr. G. Koch  
Aufgabe: Vermehrung pflanzengenetischer Ressourcen der Beta-Rübe  
Projekt: BAZ-8004

**Obertraubling:**

Saatzucht Bauer GmbH, OT Niedertraubling  
Dr. U. Stephan  
Aufgabe: Sichtung pflanzengenetischer Ressourcen des Kulturhafers  
Projekt: BAZ-8001

**Stuttgart:**

Landessaatzuchtanstalt Stuttgart  
Dr. C. Kling  
Aufgabe: Evaluierung und Vermehrung genetischer Ressourcen von Triticum sp.  
Projekt: BAZ-8001

**Söllingen:**

Saatzucht Strube  
Dr. A. Spanakakis  
Aufgabe: Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen bei Weizen  
Projekt: BAZ-8001

**Partner im Ausland/Foreign partners**

**Aserbaidshan/Azerbaijan:**

Scientific Research Institute of Agriculture, Baku  
Dr. Z. Akbarov  
Aufgabe: Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen  
Forschungsprojekt: BAZ-8001

**Frankreich/France**

Florimond Desprez, Capelle-en-Pévèle  
Dr. B. Desprez  
Aufgabe: ECP/GR Beta Arbeitsgruppenleitung; Management pflanzengenetischer Ressourcen  
Projekt: BAZ-8004

**Griechenland/Greece:**

National Agricultural Research Foundation, Agricultural Research Center of Makedonia and Thraki  
Greek Gene Bank, Themi of Thessaloniki  
Dr. N. Stavropoulos  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42  
Projekt: BAZ-8004  
Agricultural University of Athens, Votanikos  
Dr. A. Katsiotis  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 106  
Projekt: BAZ-8008

**Großbritannien/Great Britain**

IARC-Broom's Barn, Bury St. Edmunds  
Dr. M. Asher  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42  
Projekt: BAZ-8004  
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: EU Projekt GENRES CT95 42  
Forschungsprojekt: BAZ-8004

**Italien/Italy**

Societa Produttori Sementi Bologna, Bologna  
Dr. E. De Ambrogio  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42  
Projekt: BAZ-8004  
Istituto Sperimentale per le Colture Industriali, Rovigo  
Dr. G. Mandolino  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42  
Projekt: BAZ-8004

**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, Wageningen  
Dr. H. Löffler  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42  
Projekt: BAZ-8004  
Plant Research International - Centre for Genetic Resources the Netherlands, Wageningen  
Dr. B. Visser  
Aufgabe: Deutsch-niederländische Zusammenarbeit bei pflanzengenetischen Ressourcen  
Projekt: BAZ-8001  
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  
Prof. V.I. Burenin  
Aufgabe: Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen  
Projekt: BAZ-8004

#### **Schweden/Sweden**

Nordic Gene Bank, Alnarp  
Dr. G. Poulsen  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 109/112  
Projekt: BAZ-8006  
Novartis Seeds, Landskrona  
Prof. B. Bentzer  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42  
Forschungsprojekt: BAZ-8004

#### **Türkei/ Turkey**

Aegean Agricultural Research Institute, Izmir, Menemen  
Dr. A. Tan  
Aufgabe: Development of an International Beta Core Collection  
Projekt: BAZ-8004

#### **USA**

USDA/ARS, Crop Research Lab, Fort Collins  
Dr. L. Panella  
Aufgabe: Development of a joint core collection for plant genetic resources (PGR) of the genus *Beta* for the World *Beta* Network (WBN)  
Projekt: BAZ-8004; Kooperationsvereinbarung 09/98

**Institut für Obstzüchtung**  
**Institute of Fruit Breeding**  
Dresden

#### **Partner im Inland/German partners**

##### **Ahrweiler**

Lehr- und Versuchsanstalt  
Herr Baab, Herr Balmer, Herr Zimmer  
Aufgabe: Prüfung von Apfel- und Süßkirschklonen auf Sorteneigenschaften  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4102, BAZ-4108, BAZ-4121

##### **Auweiler**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau  
L. Linnemann-stöns  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

##### **Berlin**

Humboldt-Universität, Institut für Baumschule und Vermehrung  
Prof. Dr. Jesch  
Aufgabe: Prüfung von Sorten-/Wildartenhybriden für Zierzwecke  
Projekt: BAZ-4101  
Freie Universität, Institut für Angewandte Genetik  
Dr. E. Huancaruna-Perales

Aufgabe: Transformation und somatische Hybridisierung bei Apfel  
Projekt: DFG Ha-1877/2-3

## **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

G. Großmann

Aufgabe: Sortenprüfungen bei Kirsche

Projekt: BAZ-4102, BAZ-4108, BAZ-4121

Dr. G. Krieghoff

Aufgabe: Sortenprüfung bei Erdbeere

Projekt: BAZ-4103

Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich Integrierter Pflanzenschutz

Dr. C. Gebhart, Dr. W. Wiedemann

Aufgabe: Virustestung bei Apfel

Projekt: BAZ-4101

Aufgabe: Virustestung - Virusfreimachung bei Kirsche

Projekt: BAZ-4102, BAZ-4108, BAZ-4121

## **Erfurt**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau

M. Möhler

Aufgabe: Prüfung von Kirschklonen

Projekt: BAZ-4102, BAZ-4108, 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 Mehltresistenzgene in Apfel

Projekt: BAZ-4133

## **Geisenheim**

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Obstbau

Prof. Dr. H. Jacob

Aufgabe: Resistenzprüfung auf Triebstucht bei Apfel

Projekt: BAZ-4101

## **Hannover**

Bundessortenamt

Dr. E. Schulte

Aufgabe: Sortenschutzprüfungen bei Apfel- und Kirschunterlagen

Projekt: BAZ-4101, BAZ-4108

## **Jork**

Lehr- und Versuchsanstalt

Dr. Stehr

Aufgabe: Prüfung von Apfel- und Kirschklonen auf Sorteneigenschaften

Projekt: BAZ-4101, BAZ-4102, BAZ-4108, BAZ-4121

## **Ladenburg**

Max Planck Institut für Zellbiologie

Prof. Dr. Geider

Aufgabe: Gentransfer bei Apfel  
Projekt: BAZ-4129

### **Magdeburg**

Landespflanzenchutzamt 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-4108, BAZ-4121

### **München**

Technische Universität; Institut für Landwirtschaftlichen und Gärtnerischen Pflanzenbau  
Dr. D. Treutter  
Aufgabe: Schorfresistenz bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Neustadt/W.**

Landes-Lehr- und -Versuchsanstalt  
W. Ollig  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **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-4108, 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  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Weinsberg**

Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau  
Dr. Hill, Dr. Rueß, Herr Möller  
Aufgabe: Prüfung von Apfel- und Kirschklonen auf Sorteneigenschaften  
Projekt: BAZ-4101, BAZ 4102, BAZ-4108, BAZ-4121

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **Belgien/Belgium**

Université Catholique de Louvain, Fruitteeltcentrum  
Dr. J. Keulemans  
Aufgabe: Haploidenerzeugung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4124, BAZ-4125

CRA, Gembloux

Ing. M. Lateur  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

### **China**

Institute of Pomology, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Xingcheng, Liaoning  
Prof. G.R. Xue  
Aufgabe: Haploidenerzeugung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4124, BAZ-4125, Kooperationsvereinbarung 9

### **Frankreich/France**

INRA, Institut für Obst- und Zierpflanzenzüchtung, Angers  
Dr. Y. Lespinasse, Frau Dr. L. Bouvier  
Aufgabe: Karyologische Untersuchungen bei Apfel  
Projekt: BAZ-4132  
Dr. Y. Lespinasse, Frau Dr. E. Chevreau  
Aufgabe: Untersuchung von Wirt-Pathogen-Interaktionen beim Apfel, Apfelgenomkartierung  
Projekt: BAZ-4101  
Aufgabe: Haploidenerzeugung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4124, BAZ-4125  
Aufgabe: *Agrobacterium*-vermittelter Gentransfer bei Obst  
Projekt: BAZ-4129  
Dr. Y. Lespinasse, F. Laurens, Ch.-E. Durel  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898  
INRA, Institut für Phytopathologie und Phytobakteriologie, Angers  
Dr. J. Paulin, Frau 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

**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, Dr. K. Tobutt, Dr. P. Roche

Aufgabe: Stabilität der Resistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101; EU-Projekt PL 97-3898

Frau Dr. K. Evans

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

Dr. K. Tobutt, Dr. R. Boskovic

Aufgabe: S-Allele bei Süß- und Sauerkirschen

Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

**Italien/Italy**

Universität Bologna, Bologna

Dr. S. Tartarini, Prof. S. Sansavini

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

Aufgabe: Stabilität der Resistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101

**Jugoslawien/Yugoslavia**

ARI Serbia Fruit and Grape Research Centre Cacak, Cacak

R. Cerovic

Aufgabe: Sauerkirschzüchtung

Projekt: BAZ-4102

**Niederlande/The Netherlands**

PRI Wageningen, Wageningen

H.J. Schouten

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

Dr. De Nijs

Aufgabe: Stabilität der Resistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz bei 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

**Österreich/Austria**

Universität Wien, Biozentrum, Institut für Mikrobiologie und Genetik, Wien

Prof. Dr. E. Heberle-Bors

Aufgabe: Mikrosporenkultur bei Apfel

Projekt: BAZ-4125

**Schweiz/Switzerland**

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

Dr. M. Kellerhals

Aufgabe: Resistenzzüchtung bei Kernobst

Projekt: BAZ-4101

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898  
Frau Dr. E. Bosshard  
Aufgabe: ELISA bei Pilzkrankungen der Erdbeere und Himbeere  
Projekt: BAZ-4103

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  
Frau Dr. M. A. Bueno  
Aufgabe: Haploidenerzeugung bei Apfel  
Projekt: BAZ- 4125, Kooperationsvereinbarung 18/99

### **Tschechische Republik/Czech Republic**

Research Institute for Fruit Breeding, Holovousy  
Dr. J. Blazek, Frau 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  
Aufgabe: Resistenzzüchtung bei Sauerkirschen gegen *Blumeriella jaapii* und *Monilinia laxa* -  
Pilzkrankheiten  
Projekt: BAZ-4102, Kooperationsvereinbarung 3/00

### **USA**

Cornell University,, Geneva NY  
Prof. Dr. H.S. Aldwinckle, Frau 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, Dr. J.L. Norelli  
Aufgabe: *Agrobacterium*-vermittelter Gentransfer bei Obst  
Projekt: BAZ-4129, Kooperationsvereinbarung 16/96  
Michigan State University, Dept. Horticulture, Lansing  
Frau Prof. Dr. A. Iezzoni  
Aufgabe: Resistenzzüchtung bei Sauerkirschen  
Projekt: BAZ-4102  
Washington State University, Prosser  
Dr. G. Lang  
Aufgabe: Süßkirschzüchtung  
Projekt: BAZ-4108, BAZ-4121

**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. F. Kreuzaler, Dr. R. Fischer, Dr. Yu-Cai Liao  
Aufgabe: Bereitstellung von Konstrukten für die Transformation von Raps  
Prof. Dr. M. Frentzen, Dr. D. Weier  
Aufgabe: Bereitstellung von Konstrukten für die Transformation von Raps  
Projekt: BAZ-3123



Institut für Fluidtechnische Antriebssysteme (IFFAS) der RWTH Aachen  
Ing. M. Werner  
Aufgabe: Prüfung der technischen Eignung von Ölen aus transgenem Raps  
Projekt: BAZ-3121

#### **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 Gerstengelbmosaikviruskomplex bei der Gerste  
Projekt: BAZ-3115, BAZ-3139

#### **Bad Schönborn**

HYBRO GbR  
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

#### **Bonn**

Union zur Förderung von Öl- und Proteinpflanzen e. V. (UFOP)  
Prof. Dr. 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. B. Schöber-Butin  
Aufgabe: Bereitstellung definierter Phytophthora-Pathotypen, Prüfung von Zuchtklonen auf R-Gene, Prüfung älterer Klone auf Braunfäuleresistenz  
Projekt: BAZ-3114, BAZ-3125, BAZ-3133  
Dr. F. Niepold  
Aufgabe: Prüfung auf Resistenz der Knollen gegenüber Erwinia und Fusarium  
Projekt: BAZ-3130  
Dr. U. Heimbach, Dr. F. Niepold  
Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegenüber Virose  
Projekt: BAZ-3128  
Dr. K. Smalla  
Aufgabe: Sicherheitsforschung zur Freisetzung transgener T4-Lysozym-Kartoffeln  
Projekt: BAZ-Nr.3135  
Dr. W. Huth  
Aufgabe: Test von Roggen-Inzuchtlinien aus Groß Lüsewitz auf einem WSBMV-Befallsstandort  
Projekt: in Vorbereitung  
FAL, Institut für Tierernährung  
Prof. Dr. G. Flachowsky  
Aufgabe: Ernährungsphysiologische Bewertung von myristin- und palmitinsäurereicher

Rapssaat  
Projekt: BAZ-3121

### **Böhnshausen**

Nordsaat Saatzeitgesellschaft mbH, Saatzeit Langenstein  
Dr. R. Schachsneider  
Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegen Rostkrankheiten von Genbankherkünften bei Triticale  
Projekt: BAZ-3119

### **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Malchow  
E. Willner  
Aufgabe: Evaluierung und Nutzung von Sämlingsmaterial 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. W. Friedt, Dr. W. Lühs  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-3123

### **Grabau**

Pflanzzeit SAKA G.b.R.  
Dr. G. Wahle  
Aufgabe: Prüfung relevanter Merkmale von Genbankherkünften bei Triticale  
Projekt: BAZ-3119

### **Granskewitz**

Nordsaat Saatzeit GmbH  
Dr. St. Beuch  
Aufgabe: Entwicklung von Haferlinien mit erhöhtem  $\beta$ -Glucangehalt  
Projekt: BAZ-3118

### **Göttingen**

Georg-August-Universität Göttingen, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. G. Röbbelen  
Aufgabe: Evaluierung transgener Rapsölqualitäten auf Verarbeitungs- und nutritive Eigenschaften  
Projekt: BAZ-3121  
Prof. Dr. G. Röbbelen  
Aufgabe: Verwendung von transgenem Raps mit dem Acyl-[ACP] Thioesterasegen C1FatB4 aus *Cuphea lanceolata*  
Projekt: BAZ-3121

### **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

## **Hamburg**

Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik  
Prof. Dr. E. Heinz, P. Spiekermann  
Aufgabe: Rapstransformation mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3123

## **Hannover**

Universität Hannover, Institut für Zierpflanzenbau, Baumschule und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. G. Wricke  
Aufgabe: Untersuchungen zur Selbstinkompatibilität bei Roggen  
Projekt: BAZ-3111, BAZ-3116

## **Hohenlieth**

Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG  
D. Brauer, Dr. M. Frauen, Dr. G. Leckband  
Aufgabe: Prüfung transgener Rapspflanzen mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3123

## **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  
Projekt: BAZ-3122, BAZ-3140

## **Köln**

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung  
Dr. Ch. Gebhardt  
Aufgabe: QTL- Marker für *Phytophthora*- Resistenz  
Projekt: BAZ-3133, BAZ-3114  
MPB Cologne GmbH  
Dr. K. Düring  
Aufgabe: Sicherheitsforschung zur Freisetzung transgener T4-Lysozym-Kartoffeln  
Projekt: BAZ-3135  
Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung  
Dr. N. Martini  
Aufgabe: Selektion auf erhöhten Myristinsäuregehalt in transgenen Sommerrapslinien mit dem Acyl-[ACP] Thioesterasegen ClFatB4 aus *Cuphea lanceolata*  
Projekt: BAZ-3121

## **Langenstein**

Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH, Saatzucht Langenstein  
Dr. R. Schachsneider  
Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegen Rostkrankheiten von Genbankherkünften bei Triticale  
Projekt: BAZ-3119

## **Lippstadt**

Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH (DSV), Zuchtstation Thüle-Salzcotten  
H. Busch, Dr. B. Flake  
Aufgabe: Prüfung transgener Rapspflanzen mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3123

## **Malchow/Poel**

Norddeutsche Pflanzenzucht, Hans-Georg Lembke KG

Dr. W. Paulmann

Aufgabe: Prüfung transgener Rapspflanzen mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten

Projekt: BAZ-3123

I. Gaue

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

Prophyta GmbH

Dr. P. Lüth

Aufgabe: Sicherheitsforschung zur Freisetzung transgener T4-Lysozym-Kartoffeln

Projekt: BAZ-3135

## **Mannheim**

Fuchs Petrolub AG

Dr. H. Gorzawski

Aufgabe: Prüfung der technischen Eignung von Öl aus transgenem Raps als Schmier- bzw. Hydraulikmittel

Projekt: BAZ-3121

## **Niedertraubling**

Saatzucht Bauer

Dr. U. Stephan

Aufgabe: Prüfung der Resistenz und agronomischen Leistungsfähigkeit von Haferzuchtstämmen

Projekt: BAZ-3118

## **Oldenburg**

Universität Oldenburg, Fachbereich Biologie

Prof. Dr. W. Wackernagel

Aufgabe: Sicherheitsforschung zur Freisetzung transgener T4-Lysozym-Kartoffeln

Projekt: BAZ-3135

## **Rostock**

Universität Rostock, Fachbereich Biologie, Lehrstuhl für Zellphysiologie

PD Dr. I. Broer, Dr. G. Berg, Prof. Dr. N. Erdmann

Aufgabe: Sicherheitsforschung zur Freisetzung transgener T4-Lysozym-Kartoffeln

Projekt: BAZ-3135

BIOMATH GmbH

K. Schmidt

Aufgabe: Sicherheitsforschung zur Freisetzung transgener T4-Lysozym-Kartoffeln

Projekt: BAZ-3135

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

Universität Rostock

PD Dr. I. Broer

Aufgabe: Bereitstellung von Genkonstrukten zur Induktion männlicher Sterilität bei Raps

Projekt: BAZ-3123

## **Sagerheide**

BTL Bio-Test Labor

Dr. Th. Thieme

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. G. Oettler  
Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegen Ähren-Fusarium von Genbankherkünften bei Triticale  
Projekt: BAZ-3119

### **Tübingen**

Universität Tübingen, Institut für Chemische Pflanzenphysiologie  
Dr. L. Schilde-Rentschler  
Aufgabe: Protoplastenfusion und -regeneration  
Projekt: BAZ-3114

### **Wetze**

Lochow-Petkus-GmbH  
Dr. B. Schinkel  
Aufgabe: Prüfung relevanter Merkmale von Genbankherkünften bei Triticale  
Projekt: BAZ-3119

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **China**

Agrobiotechnology Institute of Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu  
Prof. Dr. Chao-xi Dai  
Aufgabe: Nutzung biotechnologischer Methoden im Kartoffelanbau  
Projekt: BAZ-3128, Kooperationsvereinbarung 13  
Northwest Agricultural University, Yangling, Shaanxi  
Prof. Dr. Zhao Huigan  
Aufgabe: Nutzung biotechnologischer Methoden im Kartoffelanbau  
Projekt: BAZ-3128, Kooperationsvereinbarung 13  
Dept. of Agronomy, Agricultural University Taian, Shandong  
Dr. Lingram Kong  
Aufgabe: Genetische und molekulare Analyse von Resistenzgenen bei Getreidearten  
Projekt: BML 2000/11

### **Dänemark/Denmark**

Danish Institute of Agricultural Sciences, Tjele  
Dr. K.-U. Schwarz  
Aufgabe: Überprüfung von Populationsmaterial bei Roggen aus Groß Lüsewitz auf seine Einsatzmöglichkeiten im Bereich der Sandwich-Technik  
Projekt: BAZ-3122

### **Finnland/Finland**

Boreal Plant Breeding, Jokioinen  
Dr. E. A.J. Nissilä  
Aufgabe: Entwicklung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen  
Projekt: BAZ-3136

### **Großbritannien/Great Britain**

Institute of Grassland and Environmental Research, Aberystwyth  
H. Roderick  
Aufgabe: Identifizierung physiologischer Rassen des Kronenrostes  
Projekt: BAZ-3106

**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**

Institute for 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

Crop&Food Research, Christchurch

Dr. R. Pickering

Aufgabe: Charakterisierung von Resistenzgenen gegen Zwergrost, Mehltau und Gelbverzweigungsvirus mit Hilfe molekularer Marker

Projekt: BAZ-3134

**Peru/Peru**

International Potato Center (CIP), Lima

Dr. B. Trognitz, Dr. M. Gishlain, Dr. M. Bonierbale

Aufgabe: Prüfung und Züchtung von *Phytophthora*-resistenten Kartoffeln für Entwicklungsländer

Projekt: BAZ-3131

**Rumänien/ Romania**

Potato Research Institute, Brasov

Frau I. Dinu

Aufgabe: Produktion interspezifischer somatischer Hybriden der Kartoffel

Projekt: BAZ-3128

**Russland/Russia**

N.I. Vavilov All Union Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg

Frau Dr. O. V. Solodukhina

Aufgabe: Genetische Analyse von Braunrostresistenz bei Roggen

Projekt: BAZ-3117, BAZ-3140

**Russland/Russia**

St. Petersburg State University, Dept. of Genetics, St. Petersburg

Dr. A. V. Voylov

Aufgabe: Genetische Analyse der gametophytischen 2-Faktor-Inkompabilität bei Roggen

Projekt: BAZ-3111, BAZ-3137

N.I. Vavilov All Union-Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg

Frau Dr. T. Gavrilenko

Aufgabe: Zytogenetische Analysen an somatischen Hybriden der Kartoffel

Projekt: BAZ-3128

**Schweden/Sweden**

Svalöf Weibull AB, Svalöf

Frau Dr. E. Gunnarsson, Frau Dr. St. Tuve

Aufgabe: Entwicklung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen

Projekt: BAZ-3136

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

Partner im Inland/German partners

**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

Projekt: AiF 10751 B I

Prof. Dr. G. Jacobasch

Aufgabe: Funktionelle Lebensmittel auf der Basis von Kohlenhydratpolymeren mit prä- und probiotischer Wirkung

Projekt: AIR3-CT94-2203

Prof. Dr. G. Jacobasch

Aufgabe: Isolation und Charakterisierung von waxy-Gerstenstärken für die Gewinnung von resistenten Stärken

**Böhnshausen**

Nordsaat Zuchtstation Gudow-Segrahn

Dr. E. Laubach

Aufgabe: Frostresistenz und Winterhärte von in vitro selektierten Wintergerstenlinien

Projekt: BAZ-3337

**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

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

Dr. H. Knüpper

Aufgabe: Morphologische und genetische Evaluierung des Getreides

Projekt: BAZ-3329

**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

**Rostock**

Universität Rostock, Fachbereich Physik

Prof. Dr. C. Schick

Aufgabe: Erarbeitung eines EU-Projektantrages: Combining polymer and food sciences to clarify a consumer related issue – The role of starch in the staling of bread

## 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

### **Rumänien/Romania**

Research Institute for Cereal and Industrial Crops, Fundulea

Dr. E. Petcu

Aufgabe: Evaluierung von Wintergerstenlinien auf Frosttoleranz

Projekt: BAZ-3337, AiF 11614B/2

### **Russland/Russia**

N.I.Vavilov All Union-Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg

Dr. A. Filatenko

Aufgabe: Morphologische und genetische Evaluierung des Getreides

Projekt: BAZ-3329, Kooperationsvereinbarung 62

### **Tschechische Republik/Czech Republic**

Research Institute of Crop Production, Prag

Dr. I. Prásil

Aufgabe: Evaluierung von Wintergerstenlinien auf Frosttoleranz

Projekt: BAZ-3337, AiF 11614B/2

**Institut für Resistenzgenetik**  
**Institute of Resistance Genetics**  
Grünbach

## Partner im Inland/German partners

### **Bergen-Wohlde**

Lochow-Petkus GmbH, Pflanzenzucht

Dr. Ebmeyer, Dr. von Brock

Aufgabe: "Gesundes Getreide", Markerselektion

Projekt: BAZ-7126

### **Freising-Weihenstephan**

Technische Universität, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Prof. G. Wenzel, Dr. V. Mohler

Aufgabe: „Gesundes Getreide“, Markerselektion

Projekt: BAZ-7126

### **Hadmersleben**

Saatzucht Hadmersleben GmbH

Dr. A.Thiele

Aufgabe: Übertragung von Resistenz aus *Aegilops kotschy* in Kulturweizen

Projekt: BAZ-7146

### **Halle**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz

Dr. E. Schumann, Prof. Dr. W. E. Weber

Aufgabe: Übertragung von Resistenz aus *Aegilops kotschy* in Kulturweizen

Projekt: BAZ-7146



**Hamburg**

Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik  
Prof. Dr. H. Lörz, Dr. Leckband  
Aufgabe: "Gesundes Getreide", Markerselektion  
Projekt: BAZ-7126

**Stuttgart**

Landessaatzuchtanstalt Stuttgart  
Dr. T. Miedaner  
Aufgabe: Aufgabe Ährenfusariose bei Gerste  
Projekt: BAZ-7149

**Partner im Ausland/Foreign partners****Bulgarien/Bulgaria**

Institute of Genetics, Bulgarian Academy of Science, Sofia  
Frau Prof. Zagorska, Frau Dr. R. Todorova  
Aufgabe: Untersuchungen an Ustilago bei Gerste  
Projekt: BAZ-7151

**Costa Rica/Costa Rica**

Centro Agronomico Tropical de Investigacion y Enseñanza (CATIE)  
Aufgabe: Somatische Hybridisierung bei Banane (Protoplastenfusion)  
Projekt: BAZ-7150

**Dominikanische Republik/Dominican Republic**

Fundacion de Desarrollo Agropecuario (FDA)  
Aufgabe: Somatische Hybridisierung bei Banane (Protoplastenfusion)  
Projekt: BAZ-7150

**Frankreich/France**

Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD-FLOHR), Montpellier  
Aufgabe: Somatische Hybridisierung bei Banane (Protoplastenfusion)  
Projekt: BAZ-7150

**Frankreich/France**

Université d'Orsay-Paris XI Sud, Paris  
Dr. R. Haïcour  
Aufgabe: Somatische Hybridisierung bei Banane (Protoplastenfusion)  
Projekt: BAZ-7150

**Kamerun/Cameroon**

Centre de Recherche Regionale sur les Bananiers et Plantains (CRBP)  
Aufgabe: Somatische Hybridisierung bei Banane (Protoplastenfusion)  
Projekt: BAZ-7150

**Institut für gartenbauliche Kulturen**  
**Institute of Horticultural Crops**  
Quedlinburg

**Partner im Inland/German partners****Ahrweiler**

Zentralinstitut für Arzneimittelforschung der Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e.V.  
F. Ahuis  
Aufgabe: Untersuchung von Johanniskrautproben auf den Gehalt an pharmakologisch

wichtigen Inhaltsstoffen.  
Projekt: FNR - 97NR135-F  
Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau  
M. Dehe  
Aufgabe: Feldversuchsstandort einer Versuchsserie zur Evaluierung von  
Johanniskrautakzessionen  
Projekt: FNR - 97NR135-F

### **Aschersleben**

Majoranwerk Aschersleben GmbH  
J. Overcamp  
Aufgabe: Anbaueignungsprüfung von Populationen des einjährigen Kümmels  
Projekt: BAZ – 1134  
Dr. W. Junghans  
Aufgabe: Humansensorische Bewertung von Genotypen aus dem Programm zur Entwicklung  
von Linien für ein Hybridsortensystem des Majorans  
Projekt: Forschungsprojekt: EU - FAIR3-CT96-1914

### **Bergholz-Rehbrücke**

Institut für Lebensmittel- und Umweltforschung e. V.  
G. Koball  
Aufgabe: Untersuchung von Johanniskrautproben auf Kontamination mit Cadmium  
Projekt: FNR - 97NR135-F Institut für Lebensmittel- und Umweltforschung e.V.  
G. Koball, U. Bauermann  
Aufgabe: Untersuchung von Johanniskrautproben auf Kontamination mit Cadmium.  
Untersuchung von Johanniskrautproben auf den Gehalt an pharmakologisch bedeutenden  
Inhaltsstoffen  
Projekt: FNR-97NR135-F

### **Bernburg**

Fachhochschule Anhalt  
Prof. D. Hanrieder; Dr. M. Hirschfelder; Dr. F. Lauer  
Aufgabe: Untersuchung von Material aus dem Programm zur Entwicklung von Linien für ein  
Hybridsortensystem des Majorans auf flüchtige Inhaltsstoffe mit Hilfe von Chemosensoren im  
Rahmen einer Diplomandenbetreuung  
Projekt: Forschungsprojekt: EU - FAIR3-CT96-1914

### **Bonn**

Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität, Institut für Landwirtschaftliche Botanik  
Dr. B. M. Möser, J. Forwick  
Aufgabe: Evaluierung von Wildkümmel  
Projekt: BAZ-1135

### **Bruckmühl/Mangfall**

Salus-Haus Natur-Arzneimittel  
Dr. E. Schneider  
Aufgabe: Feldversuchsstandort einer Versuchsserie zur Evaluierung von  
Johanniskrautakzessionen  
Projekt: FNR - 97NR135-F

### **Erfurt**

N. L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH  
Dr. W. D. Blüthner  
Aufgabe: Feldversuchsstandort einer Versuchsserie zur Evaluierung von  
Johanniskrautakzessionen, Resistenztests zur Johanniskrautwelke im Freiland  
Projekt: FNR - 97NR135-F  
Dr. W. D. Blüthner  
Aufgabe: Herstellung von Experimentalkreuzungen und Durchführung eines  
Kombinationseignungstestes im Rahmen der Entwicklung eines Hybridsortensystems für  
Majoran

Projekt: EU - FAIR3-CT96-1914  
Dr. W. D. Blüthner  
Aufgabe: Experimentalkreuzungen mit Johanniskraut  
Projekt: FNR-00NR026  
Dr. W. D. Blüthner  
Aufgabe: Experimentalkreuzungen mit Johanniskraut  
Projekt: Forschungsprojekt: FNR - 97NR135-F

### **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung  
Dr. A. Börner  
Aufgabe: Bereitstellung von Saatgutproben, Bereitstellung von Bestäubungsinsekten  
Projekt: BAZ-1138 und 1139  
Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Gatersleben  
E. Willner, Dr. Knüpfner  
Aufgabe: Materialbereitstellung für Alternaria-Resistenzevaluierungen  
Projekt: BAZ-1142

### **Halle**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz  
Prof. Dr. W. E. Weber  
Aufgabe: Konzeption zur Entwicklung von Bestäuberlinien des Majorans und zur Entwicklung  
welkeresistenter Johanniskrautlinien im Rahmen einer Doktorandenbetreuung  
Projekt: EU - FAIR3-CT96-1914 und FNR - 97NR135-F

### **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: Austausch zur Pathogenese der Johanniskrautwelke  
Projekt: FNR - 97NR135-F

### **Köthen**

Fachhochschule Anhalt (FH)  
Prof. Dr. C. Griebel  
Aufgabe: Auswertung von RAPD- Analysen der Einzelpflanzen von Bestäuberpopulationen aus  
dem Programm zur Entwicklung von Linien für ein Hybridsortensystem des Majorans im  
Rahmen einer Praktikantenbetreuung  
Projekt: EU - FAIR3-CT96-1914

### **Lundsgaard**

P.H. Petersen Saatzeit Lundsgaard  
Frau Schlathölter  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-1143

### **Lüneburg**

Carl Sperling GmbH & Co.  
M. Rauber  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-1147

## **Marne**

Marner GZG Saaten AG  
Dr. H. Löptien  
Aufgabe: TuMV-Resistenz in Kohl  
Projekt: BAZ-1156

## **Wernigerode**

Pharma Wernigerode  
Dr. H. Burckhardt, H. Tischer  
Aufgabe: Analyse unterschiedlicher Alkaloide in Sorten- und Linienmaterial von *Papaver somniferum* L.  
Projekt: BAZ-1144

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **China**

Beijing Vegetable Research Centre, Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing  
Li Li  
Aufgabe: Gewinnung der Pflanzen und Samen durch Gewebekultur  
Projekt: BAZ-1140, Kooperationsvereinbarung 2  
Beijing Vegetable Research Centre, Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing  
Jian Yuancai  
Aufgabe: Molekularbiologie von Resistenz bei Gemüse  
Projekt: BAZ-1142, 1147; Kooperationsvereinbarung 14  
Institute of Oil Crops of Guizhou Academy of Agricultural Sciences, Jinzhuzhen., Guiyang  
Yang Xiao  
Aufgabe: Protoplastenfusion und Gentransfer bei *Brassica*  
Projekt: Kooperationsvereinbarung 6

### **Großbritannien/Great Britain**

Scottish Agricultural College, Auchincruive  
Dr. S. Deans  
Aufgabe: Untersuchung wesentlicher Inhaltsstoffe und der antioxidativen Aktivität an Material aus dem Programm zur Entwicklung von Linien für ein Hybridsortensystem des Majorans  
Projekt: EU - FAIR3-CT96-1914  
Horticulture Research International, Wellesbourne  
C. Jenner  
Aufgabe: Austausch und Pathotypisierung von TuMV-Virusisolaten  
Projekt: BAZ-1156

### **Italien/Italy**

Inst. Sperim. per Lássest. forest. e per Lálpicoltura, Villazzano di Trento  
Dr. C. Vender  
Aufgabe: Aufgabe Analytik des Ätherischöl-Gehaltes an Material aus dem Programm zur Entwicklung von Linien für ein Hybridsortensystem des Majorans  
Projekt: EU - FAIR3-CT96-1914

### **Kanada/Canada**

Agriculture and Agrifood, Ottawa  
Dr. S. Warwicks  
Aufgabe: Molekulare Charakterisierung interspezifischer Introgression bei verschiedenen *Brassicaceae* / Molecular characterization of hybrids  
Projekt: Kooperationsvereinbarung 8/99

### **Österreich/Austria**

Veterinärmedizinische Universität Wien, Institut für Botanik und Lebensmittelkunde, Wien  
Prof. C. Franz, Dr. J. Novak

Aufgabe: Entwicklung von cms-Linien und Analytik der Inhaltsstoffe an Material aus dem Programm zur Entwicklung von Linien für ein Hybridsortensystem des Majorans  
Projekt: EU - FAIR3-CT96-1914

#### **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

#### **USA**

University of Wisconsin, Dept. of Horticulture, Madison  
Prof. Dr. M. J. Havey  
Aufgabe: Zuordnung von Kopplungsgruppen zu Einzelchromosomen von *A. Cepa*  
Projekt: BAZ-1147

## **Institut für Qualitätsanalytik Institut of Quality Analysis Quedlinburg**

### **Partner im Inland/German partners**

#### **Alt-Möln**

Spargelhof Gast, Deutsche Spargelhochzuchtstation  
D. Gast; 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

#### **Aschersleben**

Majoranwerk Ascherleben GmbH  
J. Overcamp  
Aufgabe: Absprachen bzgl. Zusammenarbeit für künftiges Forschungsprojekt zur Variabilität von Enantiomeren in ätherischen Ölen von Arznei- und Gewürzpflanzen  
Projekt: BAZ-1229

#### **Bernburg**

Fachhochschule Anhalt  
Prof. Dr. W. Schnäckel  
Aufgabe: Konzeption zur farblichen Bewertung von Majorandroge im Rahmen einer Diplomandenbetreuung  
Projekt: EU - FAIR3-CT96-1914  
Prof. Dr. D. Hanrieder, Dr. M. Hirschfelder, Dr. F. Lauer  
Aufgabe: Untersuchung von Material aus dem Programm zur Entwicklung von Linien für ein Hybridsortensystem des Majorans auf flüchtige Inhaltsstoffe mit Hilfe von Chemosensoren im Rahmen einer Diplomandenbetreuung  
Projekt: EU - FAIR3-CT96-1914  
Fachhochschule Anhalt ,Fachbereich Landwirtschaft, Ökotropologie, Landespflege  
Prof. Dr. D. Hanrieder, Prof. Dr. I. Schellenberg  
Aufgabe: Entwicklung von Schnellmethoden für die Aromaanalytik bei Erdbeeren –

Aromaanalytik bei Kartoffeln, Variabilität bei Kamille  
Projekt: BAZ-1217

#### **Bonn**

Universität Bonn, Institut für Pharmazeutische Biologie  
PD Dr. M. Keusgen  
Aufgabe: Analytische Charakterisierung von Allium- Genotypen

#### **Difurt**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau und –technik des Landes Sachsen-Anhalt Quedlinburg - Difturt  
Dr. E. Roth  
Aufgabe: Zurverfügung-Stellung von Versuchsmaterial (Äpfel) und Informationen  
Projekt: BAZ-1223  
Dr. L. Schreyer  
Aufgabe: Evaluierung von Zwiebel und Porree

#### **Dresden-Pillnitz**

Genbank Dresden-Pillnitz  
Dr. M. Geibel  
Aufgabe: Evaluierung von Fragaria-Wildformen

#### **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. Keller  
Aufgabe: Variabilität von Inhaltsstoffen in Petersilie, Sellerie und Möhre, Basilikum, Fenchel, Zwiebel  
Projekt: BAZ-1216  
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  
Dr. M. Geibel  
Aufgabe: Evaluierung von Fragaria-Wildformen

#### **Geisenheim**

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Gemüsebau sowie Fachgebiet Weinanalytik und Getränkeforschung  
Dr. E. Krüger und Dr. E. Schöpplein  
Aufgabe: Einfluss von Bewässerung auf die Erdbeer-Flavour-Qualität  
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

#### **Groß Schierstedt**

Dr. Junghanns GmbH  
Dr. W. Junghanns  
Aufgabe: Zusammenarbeit im Rahmen des laufenden Raps-Forschungsprojekts  
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

## **Hamburg**

Fa. Kaders GmbH  
D. Protzen  
Aufgabe: Analytik wertgebender Inhaltsstoffe in Arznei- und Gewürzpflanzen mittels NIRS  
Projekt: BAZ-1216 und 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 künftiges 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  
Projekt: BAZ-1213

## **Hoyerhagen**

Vereinigung der Spargelanbauer Niedersachsen e. V.  
D. Paul  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch zum Thema „Spargel“  
Projekt: BAZ-1230

## **Jena**

Friedrich Schiller Universität Jena, Institut für Ernährung und Umwelt  
Prof. Dr. H. Bergmann  
Aufgabe: Bestimmung von Ellagsäure (Diplomarbeit)

## **Marne**

Marner GZG Saaten AG  
Dr. A. Löptien  
Aufgabe: Zusammenarbeit zu Untersuchungen des Glucosinolatgehaltes verschiedener Brassica-Oleracea-Sorten

## **München**

Technische Universität; Institut für Landwirtschaftlichen und Gärtnerischen Pflanzenbau  
H. Schimmelpfeng, Prof. Dr. D. Treutter  
Aufgabe: Evaluierung von decaploiden Fragaria-Linien sowie Wildformen  
Projekt: BAZ-1217

**Möhringen**

Zuchtstation Südwestdeutsche Saatzucht

Dr. J. Gottwald

Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe des Spargels und deren Variabilität

Projekt: BAZ-1230

**Müllheim**

Fa. Analyt-MTC

Dr. H. Roberg

Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe, Chemometrie

Projekt: BAZ-1222 und BAZ-1228

**Orthofen**

Fa. Kistler & Co GmbH

S. Kistler

Aufgabe: Analytische Charakterisierung von neuen Kamillesorten

Projekt: BAZ-1227 (FKZ: 98NRO53 - Drittmittelprojekt)

**Rastatt**

Südwestdeutsche Saatzucht

A. Köhler

Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe des Spargels und deren Variabilität

Projekt: BAZ-1230

**Sinzig**

Zentralinstitut Arzneimittelforschung GmbH

PD M. Veit

Aufgabe: Aufbau einer NIRS- Datenbank

Projekt: BAZ-1227 (FKZ: 98NRO53 - Drittmittelprojekt)

**Partner im Ausland/Foreign partners****Dänemark/Denmark**

Royal Veterinary and Agricultural University Copenhagen

Dr. Leif Poll

Aufgabe: Effects of growing condition on the aroma of strawberries

Projekt: BAZ-1219

**Frankreich/France**

INRA - GAFL, Montfavet

Dr. M. Pitrat

Aufgabe: Bestimmung von Bitterstoffen in Melonen

**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

Aufgabe: Einfluß von Nachernte-Behandlungsmethoden auf das Aromaprofil von Erdbeeren und Melonen

Projekt: Kooperationsvereinbarung 8/96

**Schweden/Sweden**

The Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Plant Breeding Research, Alnarp

Frau Dr. G. Engqvist

Aufgabe: Bestimmung des Glucosinolatgehaltes/GSL-Verbindungsmusters in



Kopfkohl/Blumenkohl im Hinblick auf ihr Resistenzverhalten gegen *Phoma* (in Zusammenarbeit mit der Züchterfirma Svalöf Weibull)

#### **Südafrika/South Africa**

University of Potchefstroom, Dept. of Chemistry, Potchefstroom  
Prof. Dr. A. Breet  
Aufgabe: CO<sub>2</sub>-Extraktion von Rooibos-Tee  
Projekt: Raps-Stiftung FV 167  
ARC-Fruit, Vine and Wine Research Institute, Stellenbosch  
Frau Dr. E. Joubert  
Aufgabe: Bestimmung von polyphenolischen Inhaltsstoffen in Teedrogen

## **Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof Siebeldingen**

### **Partner im Inland/German partners**

#### **Aachen**

Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule  
Dr. M. Frentzen  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5132

#### **Alzey**

Landesanstalt für Rebenzüchtung  
Dr. W. Hofäcker  
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen  
Projekt: BAZ-5101

#### **Freiburg**

Staatliches Weinbauinstitut  
Dr. N. Becker  
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen  
Projekt: BAZ-5101

#### **Geisenheim**

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Rebenzüchtung und Rebenveredlung  
Prof. Dr. E. H. Rühl  
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen  
Projekt: BAZ-5101  
Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Weinbau  
Prof. Dr. H. R. Schultz  
Aufgabe: Informationsaustausch  
Projekt: BAZ-5108

#### **Gießen**

Justus-Liebig-Universität, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. W. Friedt, Dr. W. Lühs  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5138

#### **Hamburg**

Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik  
PD Dr. F.-P. Wolter  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5132

**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. J. Schell  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5132

**Stuttgart**

Universität Hohenheim, Institut für Obst-, Gemüse- und Weinbau, Lehrstuhl für Weinbau  
Prof. Dr. R. Blaich  
Aufgabe: Untersuchungen der Interaktion von *Plasmopara viticola* mit toleranten und anfälligen  
Rebsorten  
Projekt: BAZ-5130

**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  
Dr. A. Becker  
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 Trockenresistenz bei Rebsorten mittels neuartiger

Bewässerungsverfahren

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, ENSAM.N, Montpellier

Dr. J.-M. Boursiquot

Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81

Projekt: BAZ-5126

**Georgien/Georgia**

Wissenschaftliches Forschungsinstitut für gartenbauliche Pflanzenzüchtung und Weinbau, Tiflis  
Dr. R. Sanikidse, Prof. N. Tschchartischwili  
Aufgabe: Evaluierung genetischer Ressourcen der Rebe; Vergleichende ampelographische Studien bei Reben  
Projekt: BAZ-5105, 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

**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/Portugal**

Estação Vitivinícola Nacional, Dois Porto  
Dr. J. Eiras Dias  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Russland/Russia**

Forschungsinstitut für Weinbau und Weinbereitung, Novoherkassk  
Dr. B. Muzichenko  
Aufgabe: Austausch von genetischem Material und gemeinsames Zuchtprogramm  
Projekt: BAZ-5101; Kooperationsvereinbarung 66/93

**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 Andalucía, Consejería 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 Politécnica 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

**Ukraine/Ukraine**

Wiss. Forschungsanstalt für Reben und ihre Verarbeitungsprodukte, Magarach  
Dr. L. Troshin  
Aufgabe: Vergleichende ampelographische Studien, Austausch von genetischem Material und gemeinsames Zuchtprogramm  
Projekt: BAZ-5101, BAZ-5126

FM Zsölézeti és Borászati Kutató, Intézet allomása,, Pécs  
Dr. L. Diofasi  
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

- BERTRAM, G.: Untersuchungen zur Systematik der Gattung *Dahlia* Cav. mit molekularen Markern. Jahrbuch Deut. Dahlien-, Fuchsien- und Gladiolen-Gesell. 2000, 173-179
- BRADEL, B. G.; PREIL, W.; JESKE, H.: Remission of the free-branching pattern of *Euphorbia pulcherrima* by tetracycline treatment. J. Phytopathol. **148**, 2000, 587-590
- BRADEL, B. G.; PREIL, W.; JESKE, H.: Sequence analysis and genome organisation of poinsettia mosaic virus (PnMV) reveal closer relationship to marafi- than to tymoviruses. Virology **271**, 2000, 289-297
- DEBENER, T.: Strategies for the introduction of disease resistance genes from wild rose species into cultivated varieties. Historic Rose J. **19**, 2000, 29-33
- DEBENER, T.; JANAKIRAM, T.; MATTIESCH, L.: Sports and seedlings of rose varieties analysed with molecular markers. Plant Breed. **119**, 2000, 71-74
- DUNEMANN, F.: Gene transfer in woody ornamentals: Current status and future perspectives. In: Release of transgenic trees - present achievements, problems, future prospects. Proceedings of a workshop held at Humboldt-University Berlin, 20.-21.09.1999, 31-35
- DUNEMANN, F.; ILLGNER, R.; STANGE, I.: Stand und Perspektiven des Gentransfers bei Rhododendron. Jahrbuch 1999 Deut. Rhododendronges., 86-95
- DUNEMANN, F.; URBANIETZ, A.: Progress in developing new PCR-based molecular markers for the major mildew resistance gene P11. DARE newsletter no. 3, June 2000, 2-3
- FISCHER, M.; DUNEMANN, F.: Search for polygenic scab and mildew resistance in apple varieties cultivated at the fruit genebank Dresden-Pillnitz. Acta Hort. **538**, 2000, 71-77
- GANDELIN, M. H.; REYNDERS-ALOISI, S.; MANDO, B.; DEBENER, T.; DREWES-ALVAREZ, R.; SPELLERBERG, B.; CUBERO, J.; ROBERTS, A.: European network for characterisation and evaluation of genus Rose germplasm. Acta Hort. **508**, 2000, 341-344
- GRUNEWALDT, J.: Gartenbauliche Pflanzenzüchtung im Wandel der Zeit. Deut. Gartenbau **54** (1), 2000, 21-28
- GRUNEWALDT, J.: Gartendahlien und ihre entfernten Verwandten. Jahrbuch Deut. Dahlien-, Fuchsien- und Gladiolen-Gesell. 2000, 164-172
- HANDKE, S.; SEEHAUS, H.; RADIES, M.: Nachweis einer Kopplung der vier dominanten Resistenzgene "M<sub>1</sub>M<sub>2</sub>M<sub>3</sub>M<sub>4</sub>" gegen den Falschen Mehltau bei Spinat aus der Wildform *Spinacia turkestanica*. Gartenbauwissenschaft **65**, 2000, 73-78
- MALEK, V. B.; DEBENER, T.: Identification of molecular markers linked to Rdr1, a gene conferring resistance to blackspot in roses. Theor. Appl. Genet. **101**, 2000, 977-983
- PREIL, W.; SCHUM, A.; GUSICK, C.; SEEHAUS, H.: Kompakte Tibouchinen nach Röntgenbestrahlung. Deut. Gartenbau **54** (44), 2000, 12-14
- PREIL, W.; SCHUM, A.; GUSICK, C.; SEEHAUS, H.: Tibouchina-Mutanten für Beet und Balkon. Gärtnerbörse **100** (22), 2000, 52
- SAARE-SURMINSKI, K.; PREIL, W.; KNOX, J. P.; LIEBEREI, R.: Arabinogalactan proteins in embryogenic and non-embryogenic callus cultures of *Euphorbia pulcherrima* Willd. ex Klotzsch. Physiol. Plant. **108**, 2000, 180-187

URBANIETZ, A.; DUNEMANN, F.: Phytopathological and molecular characterization of the apple powdery mildew fungus *Podosphaera leucotricha*. Acta Hort. **538**, 2000, 601-604

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

- EHRIG, F.: Electron microscopy on a live objekt ? Philips ESEM Application Note, Eindhoven, Niederlande, 2000
- GABLER, J.: Breeding for resistance to biotic and abiotic factors in medicinal and aromatic plants - General situation and current results in annual caraway (*Carum carvi* L. var. *annuum*). 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., K2
- GABLER, J.: Entwicklung eines PTA-ELISA zum Nachweis von *Phomopsis diachenii* Sacc. an Kümmel. BDGL-Schriftenreihe **18**, 2000, S. 98
- GABLER, J.: Entwicklung und Erprobung eines PTA-ELISA zur Resistenzbewertung im Pathosystem *Lolium perenne* /*Drechslera siccans*. Phytomedizin **30**, 2000, 29-30
- GABLER, J.: *Phomopsis diachenii* Sacc. in Kümmel - serologischer Nachweis entwickelt. Gemüse **36** (8), 2000, 19-20
- GABLER, J.; EHRIG, F.: *Phomopsis diachenii* Sacc., ein gefährlicher Doldenbräunerreger an Kümmel - Erstnachweis für Deutschland. Tagungsband zum 10. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion 02.-03.02.2000 in Bernburg, S. 41
- GABLER, J.; EHRIG, F.: *Phomopsis diachenii* Sacc., ein aggressiver Krankheitserreger an Kümmel (*Carum carvi* L.) - Erstnachweis für Deutschland. Z. Arzn. Gew. Pfl. **4** (1), 2000, 36-39
- GABLER, J.; EHRIG, F.: Serologischer Erregernachweis im Pathosystem *Carum carvi*/*Phomopsis diachenii*. Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtsch. H. 376, 2000, 548-549
- GRAICHEN, K.; PETERKA, H.; RABENSTEIN, F.; SCHUBERT, J.: Untersuchungen zur Entwicklung von Basismaterial bei Winterraps mit extremer Resistenz gegen *Turnip yellows luteovirus*. Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtsch. H. 376, 2000, 197-198
- GRAICHEN, K.; RABENSTEIN, F.; KURTZ, E.: Auftreten des Wasserrübenvergilbungs-Virus (Turnip yellows virus) an Winterraps in Österreich - The occurrence of Turnip yellows virus in winter oilseed rape in Austria. Pflanzenschutzberichte, **59** (1), 2000, 35-46
- GRAICHEN, K.; RABENSTEIN, F.; SCHLIEPHAKE, E.: Bestimmung der Virulenz von Isolaten des Turnip yellows luteovirus (Syn. *Beet western yellow luteovirus*). Phytomedizin **30** (2), 2000, S. 16
- GRAICHEN, K.; SCHLIEPHAKE, E.; RABENSTEIN, F.: Auftreten des *Turnip yellows luteovirus* an Winterraps in verschiedenen deutschen Anbauregionen. Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtsch. H. 376, 2000, 196-197
- JÄRVEKÜLG, L.; BARATOVA, L.; DOBOROV, E.; BADUN, G.; HUNT, R.; ANDREJEVA, J.; RABENSTEIN, F.; EFIMOV, A.: Study of the spatial structure of *Potato virus A* coat protein subunits and particles using tritium planigraphy. Beitr. Züchtungsforsch. **6** (3), 2000, 61-66
- KASTIRR, U.: Untersuchungen zum Nachweis von *Polymyxa graminis* während des Infektionsverlaufs in unterschiedlichen *Hordeum* species. Phytomedizin. Mitt. Deut. Phytomedizinischen Gesellschaft e. V., **30** (3), 2000, 30-31
- KUSTERER, A.; GABLER, J.: Development of methods for resistance breeding in dill (*Anethum graveolens* L.). 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., PA10
- KUSTERER, A.; GABLER, J.: Krankheiten bei Dill – welche Bedeutung haben Pilze, Bakterien, Viren ? Gemüse **36** (12), 2000, 31-32
- KUSTERER, A.; GABLER, J.; KÜHNE, T.: Untersuchungen zu Virose an Dill. Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtsch., H. 376, 2000, 323-324
- KUSTERER, A.; TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.: *Mycosphaerella anethi* Petr., eine bedeutende Krankheit am Dill (*Anethum graveolens* L.) und Fenchel (*Foeniculum vulgare* Mill.). BDGL-Schriftenreihe 18, 2000, S. 96

- LIU, F.; SUKHACHEVA, E.; EROKHINA, T.; SCHUBERT, J.: Detection of potyviral nuclear inclusion b proteins by monoclonal antibodies raised to synthetic peptides. *Eur. J. Plant Pathology* **105**, 1999, 389-395
- LIU, F.; SCHUBERT, J.; RABENSTEIN, F.: Generation and application of scFv in detection of potyviral proteins. *Beitr. Züchtungsforsch.* **6** (3), 2000, 81-86
- MATOUSEK, J.; PTACEK, J.; DEDIC, P.; SCHUBERT, J.: Analysis of variability of P1 gene region of N strain of potato virus Y using temperature-gradient gel electrophoresis and DNA heteroduplex analysis. *Acta Virol.* **44**, 2000, 40-46
- MATOUSEK, J.; SCHUBERT, J.; DEDIC, P.; PTACEK, J.: A broad variability of potato virus S (PVS) revealed by analysis of virus sequences amplified by reverse transcriptase - polymerase chain reaction. *Can. J. Plant Pathol.* **22**, 2000, 29-37
- RABENSTEIN, F.; KRÄMER, R.; PROESELER, G.; MARTHE, F.; CLAUSS, E.: Prüfung von Herkünften aus der Familie Brassicaceae auf Resistenz gegen Turnip yellows virus (*Beet western yellows virus*), *Turnip mosaic virus* und Aphiden. *Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtschaft. H.* 376, 2000, S. 556
- RABENSTEIN, F.; WESEMANN, M.; LIND, V.; MIEDANER, T.: Serologischer Nachweis von *Fusarium spec.* in Getreidekörnern. *Phytomedizin* **30** (3), 2000, S. 19
- REISS, E.; HORSTMANN, C.: Thaumatin-ähnliche Proteine der Gerste (*Hordeum vulgare*). *Phytomedizin* **30** (3), 2000, S. 22
- REISS, E.; HORSTMANN, C.; ROTHE, G. M.: Pathogenesis-related proteins from barley (*Hordeum vulgare* L.) infected with *pyrenophora teres*. *Proc. of the 8th Int. Barley Genetics Symp., Adelaide, 22-27.10.2000, Vol. II, p.* 168
- RICHTER, K.; RABENSTEIN, F.; SCHUBERT, J.: Entwicklung einer an die Züchtungspraxis adaptierten Methode zur Prüfung von Winterraps auf Resistenz gegenüber dem Wasserrübenvergilbungs-Virus (*turnip yellows virus*, TuYV). *Beitr. Züchtungsforsch.* **6** (2), 2000, 17-30
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.; DEDIC, P.; RABENSTEIN, F.: Nib - vermittelte Resistenz gegen Potyviren. *Phytomedizin* **30** (2), 2000, 14-15
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.; RABENSTEIN, F.; DEDIC, P.: Nib-mediated, EBFP - stabilized resistance of potatoes to PVY infection. *EMBO Workshop "Plant Virus Invasion and Host Defence. 28.05.-01.06.2000, Kolybari, Kreta, Griechenland, S.* 83
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.; RABENSTEIN, F.; DEDIC, P.: Nib-mediated resistance of potatoes to PVY infection. *Beitr. Züchtungsforsch.* **6** (3), 2000, 121-125
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.; RABENSTEIN, F.; DEDIC, P.; SUKACHEVA, E.: PVY-Resistenz von Kartoffeln, vermittelt durch ein mutiertes PVY-Nib. *Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtschaft. H.* 376, 2000, S. 555
- SUBR, Z.; FOMITCHEVA, V. W.; KÜHNE, T.: The complete nucleotide sequence of RNA1 of barley mild mosaic virus (ASL1) and attempts at bacterial expression of the P3 protein. *J. Phytopathol.* **148**, 2000, 461-467
- TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.; PANK, F.: *Mycosphaerella anethi* (Petr.) causing an important disease in fennel (*Foeniculum vulgare* Mill. *subsp. vulgare* var. *vulgare*). *2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., PA2*
- WIEDEMANN, W.; HARBRECHT, E.; RABENSTEIN, F.: Zur Virussituation bei Überwinterungsspinnat. *Gemüse*, **36** (11), 2000, 10-11

Institut für Epidemiologie und Resistenz  
Institute of Epidemiology and Resistance  
Aschersleben

- BOGATSEVSKA, N.; GRIESBACH, E.; SOTIROVA, V.: Race of the natural pathogenic population of *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* and resistance to tomato lines in Bulgaria. Dokladi na Bulgarskata akademija na naukite - C. R. Acad. Bulgare Sci. **53** (8), 2000, 85-88
- DRESCHER, A.; IVANDIC, V.; WALTHER, U.; GRANER, A.: High-resolution mapping of the *Rph 16* locus in barley. 8th Int. Barley Genetics Symp., 22.-27.10.2000, Adelaide, Australien, Vol. II, 95-97
- DRESCHER, A.; SCHREIBER, H.; HABEKUSS, A.: Mutations at the waxy locus of different barleys and their influence on starch synthesis. 8th Int. Barley Genetics Symp., 22.-27.10.2000, Adelaide, Australien, Vol. III, 142-143
- GRAICHEN, K.; PETERKA, H.; RABENSTEIN, F.: Auftreten des *Turnip yellows luteovirus* an Winterraps in verschiedenen deutschen Anbauregionen. Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtschaft. **376**, 2000, 196-197
- GRAICHEN, K.; PETERKA, H.; RABENSTEIN, F.: Generation of basic materials of oilseed rape with resistance to turnip yellows virus. Vortr. Pflanzenzüchtung **47**, 2000, P201
- GRAICHEN, K.; PETERKA, H.; RABENSTEIN, F.; SCHUBERT, J.: Untersuchungen zur Entwicklung von Basismaterial bei Winterraps mit extremer Resistenz gegen das Turnip yellows luteovirus. Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtschaft. **376**, 2000, 197-198
- GRAICHEN, K.; RABENSTEIN, F.; KURTZ, E.: Auftreten des Wasserrübenvergilbungs-Virus (Turnip yellows virus) an Winterraps in Österreich. Pflanzenschutzberichte **59** (1), 2000, 35-46
- GRAICHEN, K.; RABENSTEIN, F.; SCHLIEPHAKE, E.: Bestimmung der Virulenz von Isolaten des Turnip yellows luteovirus (Syn. *Beet western yellows luteovirus*). Phytomedizin **30** (2), 2000, S. 16
- GRAICHEN, K.; SCHLIEPHAKE, E.: Virusauftreten im Winterraps. Raps **18** (4), 2000, 190-194
- GRAICHEN, K.; SCHLIEPHAKE, E.; RABENSTEIN, F.: Auftreten des *Turnip yellows luteovirus* an Winterraps in verschiedenen deutschen Anbauregionen. Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtschaft. **376**, 2000, 196-197
- GRIESBACH, E.; EISBEIN, K.; KRÄMER, I.; MÜLLER, J.; VÖLKSCH, B.: Induction of resistance to bacterial pathogens in the pathosystem tomato/*Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* I. Characterization of the resistance induction. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. **107** (5), 2000, 449-463
- GRIESBACH, E.; EISBEIN, K.; KRÄMER, I.; RAMM, M.; MÜLLER, J.; VÖLKSCH, B.: Induction of resistance to bacterial pathogens in the pathosystem tomato / *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* II. Characterization of the resistance inductor. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. **107** (5), 2000, 464-483
- GRIESBACH, E.; EISBEIN, K.; SOTIROVA, V.: Induction of resistance to *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*. Acta Physiol. Plant. **22** (3), 2000, 359-362
- GULTIAEVA, E.; WALTHER, U.; KOPAHNKE, D.; MIKHAILOVA, L.: Virulence of *Puccinia recondita* Rob. ex Desm. f. sp. *tritici* in Germany and European Part of Russia in 1996-1999. Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica, Vol. **35** (1-4), 2000, 409-412
- HABEKUSS, A.; KOPAHNKE, D.: Studies of genetic resources of *Hordeum vulgare* for combined resistance to barley yellow dwarf luteovirus and *Pyrenophora teres*. 8th Int. Barley Genetics Symposium, 22.-27.10.2000, Adelaide, Australien, Vol. II, 123-125
- HABEKUSS, A.; KRÄMER, I.; PROESELER, G.: Detection of virus resistant winter barleys and results of genetic analyses. Beitr. Züchtungsforsch. **6** (3), 2000, 20-24
- HABEKUSS, A.; KRÄMER, I.; PROESELER, G.: Genetic and molecular characterisation of virus resistance in winter barley. Vortr. Pflanzenzüchtg. **47**, 2000, P195
- HABEKUSS, A.; KRÄMER, I.; PROESELER, G.; PICKERING, R.: Genetic and molecular characterization of virus resistance in winter barley. Czech J. Genet. Plant Breeding, **36**, 2000, 79-83
- HABEKUSS, A.; PROESELER, G.; SCHLIEPHAKE, E.; FISCHER, C.: Resistance of apple to spider mites and aphids. Proc. EUCARPIA Symp. on Fruit Breed. and Genetics, Acta Hort. **538**, 2000, 271-276



- JAHOOOR, A.; BACKES, G.; JENSEN, J.; BAUM, M.; WALTHER, U.: Are quantitative resistance genes different than major race-specific resistance genes? 8th Int. Barley Genetics Symp., 22.-27.10.2000, Adelaide, Australien, Vol. I, 53-55
- KICHERER, S.; BACKES, G.; WALTHER, U.; JAHOOOR, A.: Localising QTLs for leaf rust resistance and agronomic traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). Theor. Appl. Genet. **100**, 2000, 881-888
- MÜLLER, J.; VÖLKSCH, B.; EISBEIN, K.; GRIESBACH, E.: Induction of resistance to bacterial pathogens in the pathosystem tomato / *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* III. Characterization of the resistance induction in tomato cell cultures. Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. **107** (5), 2000, 561-573
- OLBRICHT, K.; GRIESBACH, E.: Untersuchungen zur Resistenz gegen *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* in der Gattung *Pelargonium*. Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtschaft. **376**, 2000, 273-274
- RICHTER, K.; FISCHER, C.: Stability of fire blight resistance in apple. Proc. EUCARPIA Symp. on Fruit Breed. and Genetics, Acta Hort. **538**, 2000, 267-270
- SCHEURER, K.; HUTH, W.; HABEKUSS, A.; WAUGH, R.; FRIEDT, W.; ORDON, F.: Genetic analysis of tolerance against a German isolate of BYDV-PAV in barley (*Hordeum vulgare* L.). 8th Int. Barley Genetics Symposium, 22.-27.10.2000, Adelaide, Australien, Vol. II, 169-171
- SCHLIEPHAKE, E.: Monitoring des Blattlausfluges in Sachsen-Anhalt. Phytomedizin **30** (2), 2000, 56-58
- SCHLIEPHAKE, E.: Die Wirkung von Neem-Azal auf das Saugverhalten der Erbsenblattlaus *Acyrtosiphon pisum* (Homoptera; Aphididae) an Ackerbohne. In: Kleeberg, H.; Zebitz, C. P. W. (Eds.): Practice oriented results on use and production of neem ingredients and pheromones **VI**, 2000, 123-125
- SCHLIEPHAKE, E.; GRAICHEN, K.; RABENSTEIN, F.: Investigations on the vector transmission of the *Beet mild yellowing virus* (BMV) and the *Turnip yellows virus* (TuYV). Z. Pflanzenkr. Pflanzensch. **107** (1), 2000, 81-87
- WALTHER, U.: Untersuchungen zur Virulenz und Selektion resistenten Ausgangsmaterials bei den Wirt / Pathogenkombinationen Gerste / *Puccinia hordei* und Weizen / *Puccinia recondita*. Beitr. Züchtungsforsch. **6** (2), 2000, 1-16
- WALTHER, U.; PROESELER, G.; SZIGAT, G.; HABEKUSS, A.; KOPAHNKE, D.: *Hordeum bulbosum* - Initial material with new disease resistance genes in barley breeding. 8th Int. Barley Genetics Symp., 22.-27.10.2000, Adelaide, Australien, Vol. III, 207-208
- WALTHER, U.; RAPKE, H.; PROESELER, G.; SZIGAT, G.: *Hordeum bulbosum* - a new source of disease resistance - transfer of resistance to leaf rust and mosaic viruses from *H. bulbosum* into winter barley. Plant Breed. **119**, 2000, 215-218

## Genbank Gene Bank Braunschweig

- BÜCKEN, S.; FRESE, L.: Informationssystem für eine Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen (Genbank) - Konzept und Implementierung. Z. Agrarinformatik **3**, 2000, 47-53
- FRESE, L.: Expedition in den Kaukasus : Sammlereise zu den Vorfahren der Zuckerrübe. ForschungsReport **1**, 2000, 13-17
- FRESE, L.: The synthetic *Beta* core collection - State of the art. J. Sugar Beet Research **37** (3), 2000, 1-10
- FRESE, L.; KNÜPFER, H.: Status report on *Beta* genetic resources activities in Germany. In: Maggioni, L.; Frese, L.; Germeier, C.; Lipmann, E. (Comp.): Report of a Working Group on *Beta*, First meeting, 09.-10.09.1999, Broom's Barn, Higham, Bury St. Edmonds, UK, IPGRI, Rom, 2000, 26-29
- GERMEIER, C.; FRESE, L.: International Database for *Beta* - state of the art. In: Maggioni, L.; Frese, L.; Germeier, C.; Lipmann, E. (Comp.): Report of a Working Group on *Beta*, First meeting, 09.-10.09.1999, Broom's Barn, Higham, Bury St. Edmonds, UK, IPGRI, Rom, 2000, 55-64
- LUTERBBACHER, M. C.; SMITH, J. M.; ASHER, M. J. C.; FRESE, L.: Disease resistance in collections of *Beta* species. J. Sugar Beet Research **37** (3), 2000, 39-48

- MAGGIONI, L.; FRESE, L.; GERMEIER, C.; LIPMANN, E. (Comp.): Report of a Working Group Meeting on *Beta*. First meeting, 09.-10.09.1999, Broom's Barn, Higham, Bury St. Edmonds, UK. IPGRI, Rom, 2000
- PANELLA, L.; FRESE, L.: Cercospora resistance in *Beta* species and the development of resistant sugar beet lines. *Advan. Sugar Beet Res.* 2, 2000, 163-176
- ZHANG FU SHUN; SUN YI CHU; FRESE, L.: Study on the relationship between Chinese and East Mediterranean *Beta vulgaris* L. *subsp. vulgaris* (leaf beet group) accessions. In: Maggioni, L.; Frese, L.; Germeier, C.; Lipmann, E. (Comp.): Report of a Working Group on *Beta*, First meeting, 09.-10.09.1999, Broom's Barn, Higham, Bury St. Edmonds, UK, IPGRI, Rom, 2000, 65-69

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

- BOUVIER, L.; LESPINASSE, Y.; SCHUSTER, M.: Karyotype analysis of an haploid plant of apple (*Malus domestica*). *Acta Hort.* **538**, 2000, 321-324
- BÜTTNER, R.; GEIBEL, M.; FISCHER, C.: The genetic potential of scab and mildew resistance in *Malus* wild species. *Acta Hort.* **538**, 2000, 67-70
- DUNEMANN, F.; FISCHER, C.; MERKT, B.; THIERMANN, M.; URBANIETZ, A.: Molecular approaches for breeding apple cultivars with durable powdery mildew resistance. *Int. Sympos. Durable Disease Resistance*, Ede-Wageningen, Niederlande, Abstr., 2000, 18
- FISCHER, C.: Apple breeding in the Federal Centre for Plant Breeding Research, Institute for Fruit Breeding at Dresden-Pillnitz, Germany. *Acta Hort.* **538**, 2000, 225-227
- FISCHER, C.: Ergebnisse der Apfelzüchtung in Dresden-Pillnitz. *Erwerbsobstbau* **41**, 1999, 65-74
- FISCHER, C.: Multiple resistant apple cultivars and consequences for apple breeding in the future. *Acta Hort.* **538**, 2000, 229-234
- FISCHER, C.: Rebella and Regine – New multiple resistant cultivars from the Institute for Fruit Breeding at Dresden-Pillnitz. *Acta Hort.* **538**, 2000, 703-706
- FISCHER, C.: Vererbung morphologischer Merkmale und Möglichkeiten der züchterischen Beeinflussung. In: Friedrich, G.; Fischer, M. (Hrsg): *Physiologische Grundlagen des Obstbaus*. 3., neu bearb. Aufl., Stuttgart, Ulmer, 2000, 442-446
- FISCHER, C.; FISCHER, M.: Aufgabe der Züchtungsforschung und der praktischen Züchtung aus physiologischer Sicht. In: Friedrich, G. und Fischer, M. (Hrsg): *Physiologische Grundlagen des Obstbaus*. 3., neu bearb. Auflage, Stuttgart, Ulmer, 2000, 417-442
- FISCHER, C.; FISCHER, M.; DIEREND, W.: Stability of scab resistance – New results, problems and chances of its durability. *Int. Sympos. Durable Disease Resistance*, Ede-Wageningen, Niederlande, 2000, Abstr., 2000, 32
- FISCHER, C.; FISCHER, M.; DIEREND, W.: Zur Stabilität der Schorfresistenz bei Apfelsorten. *Dt. Baumschule* **52**, 2000, 42-44
- FISCHER, C.; DIEREND, W.; FISCHER, M.; BIER-KAMOTZKE, A.: Stabilität der Schorfresistenz an Apfel - Neue Ergebnisse, Probleme und Chancen ihrer Erhaltung. *Erwerbsobstbau* **42** (3), 2000, 73-82
- FISCHER, M.; GEIBEL, M.; FISCHER, C.: Ergebnisse des Symposiums der EUCARPIA Fruit Breeding Section über Obstzüchtung in Dresden, September 1999. *Erwerbsobstbau* **42** (2), 2000, 51-55
- FISCHER, M.; GEIBEL, M.; FISCHER, C.: Neues aus der Obstzüchtung – Symposium der EUCARPIA Fruit Breeding Section in Dresden-Pillnitz. *Obstbau* **24**, 1999, 655-657
- HABEKUSS, A.; PROESELER, G.; SCHLIEPHAKE, E.; FISCHER, C.: Resistance of apple to spider mites and aphids. *Acta Hort.* **538**, 2000, 271-276
- HANKE, V.; HUANCARUNA-PERALES, E.; SCHIEDER, O.: Investigation on somatic hybridization in apple. *Acta Hort.* **538**, 2000, 645-650

- HANKE, V.; KIM, W.-S.; GEIDER, K.: Transformation for fire blight resistance in apple. Evaluation of the depolymerase gene. Int. Sympos. *In-vitro*-Culture and Hort. Breeding, Finnland, Abstr., 2000, 67
- HANKE, V.; NORELLI, J. L.; ALDWINCKLE, H. S.; HILLER, I.; KLOTZSCHE, G.; WINKLER, K.; EGERER, J.; RICHTER, K.: Transformation in apple for increased disease resistance Proc. EUCARPIA Symp. on Fruit Breed. and Genetics. Acta Hort. **538**, 2000, 611-616
- HANKE, V.; NORELLI, J. L.; KO, K.; BOREJSZA-WYSOCKA, E.; MILLS, J. Z.; ALDWINCKLE, H. S.: Regeneration and transformation of Malling 9 apple rootstock. Int. Sympos. *In-vitro*-Culture and Hort. Breeding, Finnland, Abstr., 2000, 131
- HÖFER, M.: COST-Projekt – Schlüssel zum Erfolg. Beitr. Züchtungsforsch. **6** (2), 2000, 46-48
- HÖFER, M.; GRAFE, C.: Preliminary evaluation of doubled Haploid-material in apple. Acta Hort. **538**, 2000, 587-592
- HÖFER, M.; TOURAEV, A.; HEBERLE-BORS, E.: Microspore embryogenesis in apple. XVIth Int. Congress on Sexual Plant Reproduction, Canada, Abstr., 2000, 46
- RICHTER, K.; FISCHER, C.: Stability of fire blight resistance in apple. Acta Hort, **538**, 2000, 267-270
- SCHUSTER, M.: Genetics of powdery mildew resistance in *Malus* species. Acta Hort. **538**, 2000, 593-595
- SCHUSTER, M.; SCHREIBER, H.: Genome investigation in sour cherry, *P. cerasus* L. Acta Hort. **538**, 2000, 375-379

## Institut für landwirtschaftliche Kulturen

### Institute of Agricultural Crops

Groß Lüsewitz

- DARSOW, U.: 50 Jahre Züchtungsforschung zu *Phytophthora infestans* bei Kartoffeln in Groß Lüsewitz - Geschichte einer Resistenzzüchtung mit Wechsel von der vertikalen zur horizontalen Resistenz. Beitr. Züchtungsforsch. **6** (1), 2000, 1-49
- DÖSCHER, B.; SONNTAG, K.; SELLNER, M.: Einfluß des Genotyps und der Kokultivierungsbedingungen auf die Transformation von *Brassica napus* mit *Agrobacterium tumefaciens*. Jahrestagung der Deut. Bot. Ges. und der Vereinigung für Angew. Bot. Jena, 17.-22.09.2000, Symposium 9, Pflanzliche Genomanalyse, S. 150
- GAVRILENKO, T.; THIEME, R.; LARRKA, J.; ROKKA, V. M.: Identification of the E- and A- parental genomes in interspecific somatic hybrids of potato and their progenies by genomic in situ hybridization. Section Meeting of EAPR (Breeding) and EUCARPIA (Potatoes) 03.-07.07.2000, Warschau, Polen, 2000, S. 17
- GAVRILENKO, T.; THIEME, R.; ROKKA, V. M.: Cytological investigations of somatic hybrids *Lycopersicon esculentum* (+) *Solanum tuberosum* and their anther-derived regenerants produced by direct embryogenesis. Vortr. Pflanzenzüchtg. **47**, 2000, S. 49
- HACKAUF, B.; MAKAROVA, N.; WEHLING, P.: Development of an STS marker for Z alleles in rye. GenBank Acc.-No. AF186238, AF186239
- HACKAUF, B.; MAKAROVA, N.; WEHLING, P.: Development of an STS marker for Z alleles in rye. GenBank Acc.-No. AF235036, AF235037
- LELLBACH, H.: Schwarzrost (*Puccinia graminis* ssp.) bei Gramineen: Eine Literaturrecherche. Tagungsband 42. Fachtagung des DLG-Ausschusses „Gräser, Klee und Zwischenfrüchte“, Fulda, 05.-06.12.2000, S. 13
- MÜLLER, J.; SONNTAG, K.: Electrofusion of protoplasts in Brassicaceae. Cruciferae Newsletter, Eucarpia, INRA Rennes, (Ed.), April 2000, Nr. 22, S. 25-26
- MÜLLER, J.; SONNTAG, K.: Somatic hybrids of *Brassica napus* and *Brassica juncea* based on different fusion methods. Vortr. Pflanzenzüchtg. **47**, 2000, S. 51
- ROUX, S. R.; RUGE, B.; LINZ, A.; WEHLING, P.: Leaf rust resistance in rye - Evaluation, genetic analysis and molecular mapping. Acta Phytopathologica Entomol. Hungarica **35** (1-4), 2000, 65-73
- RUDLOFF, E.; WEHLING, P.: Transgener Raps als Quelle für mittelkettige Fettsäuren. In: Diepenbrock, W.; Eißner, H. (Hrsg.): Öl- und Faserpflanzen. Neue Wege in die Zukunft. UFOP-Schriften Heft 14, 2000, 153-157
- RUDLOFF, E.; WEHLING, P.: Transgenic oilseed rape as a renewable resource for medium-chain fatty acids. In: Stelter, W.; Kerckow, B.; Hagen, M. (Eds.): Proc. CTVO-net, Final Conference, 20.-21.06.2000 Bonn, 295-302

- SONNTAG, K.; MÜLLER, J.: In-Vitro-Kultur von Krambe als Voraussetzung für genetische Manipulationen. In: Diepenbrock, W.; Eißner, H. (Hrsg.): Öl- und Faserpflanzen. Neue Wege in die Zukunft. UFOP-Schriften Heft 14, 2000, 159-162
- SONNTAG, K.; MÜLLER, J.: Study of the in vitro culture in *Crambe*. In: King, G. J. (Ed.): Brassica 2000, 3rd ISHS Int. Symp. on Brassicas, 12th Crucifer Genetics Workshop, Abstracts, p103
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.: Regeneration und Transformation von *Crambe abyssinica*. Tagung der deutschen Sektion der "International Association for Plant Tissue Culture" (IAPTC), 05.-07.10.2000 Bonn, Tagungsband, S. 42
- THIEME, R.; THIEME, T.; HEIMBACH, U.: Nutzung der Gewebekultur für die Evaluierung von Resistenzen gegen phytopathologisch bedeutsame Insekten. Tagung der deutschen Sektion der "International Association for Plant Tissue Culture" (IAPTC) 05.-07.10.2000 Bonn, S. 14
- THIEME, R.; THIEME, T.; HEIMBACH, U.; GAVRILENKO, T.: Transfer of resistance from wild *Solanum* species to potato by somatic hybridisation. Section Meeting of EAPR (Breeding) and EUCARPIA (Potatoes) 03.-07.07.2000 Warschau, Polen, 42
- WEHLING, P.: Die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) - Vermittlerin zwischen Grundlagenforschung und praktischer Pflanzenzüchtung In: Broer, I.; Schmidt, K. (Hrsg.): Technologie in Mecklenburg-Vorpommern: Tage der Innovation und Nachhaltigen Landwirtschaft in M-V, 2000, 39-43
- WEHLING, P. Quality and Breeding - Cultivars, Genetic Engineering. In: Shewfelt, R. L.; Bruckner, B. (Eds.): Fruit and vegetable quality: An Integrated View. Technomic Publishing Co., 2000, 21-42, ISBN 1-56676-785-7

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

- BALKO, C.: Water removal from the soil in relation to yield formation with special regard to drought stress in crops. 3rd Int. Crop Science Congress 2000, 17.-22.08.2000, Hamburg, Abstract, 2000, S. 60
- DÖRFFLING, K.; TANTAU, H.; BALKO, C.; DÖRFFLING, H.; BRETTSCHEIDER, B.; MELZ, G.: In vitro-Selektion von Winterweizen- und Wintergerstenmutanten mit erhöhter Frosttoleranz. Tagung der deutschen Sektion der "International Association for Plant Tissue Culture" (IAPTC), 05.-07.10.2000, Bonn, Abstract, 2000, S. 11
- DONGOWSKI, G.; HUTH, M.; GEBHARDT, E.; FLAMME, W.: Influence of  $\beta$ -Glucan and resistant starch contents in barley supplemented diets on intestinal and faecal steroid profiles of rats. 1st Int. Conference on Dietary Fibre, 13.-18.05.2000, Dublin, Irland, 2000, S. 144
- HUTH, M.; DONGOWSKI, G.; GEBHARDT, E.; FLAMME, W.: Functional properties of dietary fibre enriched extrudates from barley. *J. Cereal Sci.* **32**, 2000, 115-128
- LIPPMANN, B.; MASCHER, R.; BALKO, C.; BERGMANN, H.: UV induction of trans-resveratrol biosynthesis in leaves and in vitro shoot cultures of potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars. Symp. Sekundäre Pflanzenstoffe, 30.09.-02.10.1999, Jena, Abstract, 1999, S. 58
- LIPPMANN, B.; MASCHER, R.; BALKO, C.; BERGMANN, H.: UV induction of trans-resveratrol biosynthesis in the leaves of greenhouse- and in vitro grown potatoes (*Solanum tuberosum* L.). *J. Appl. Bot.* **74**, 2000, 160-163
- SEDDIG, S.; SCHMIDT, R.; FLAMME, W.: Pre-harvest sprouting tolerance - Possibilities of selection 3rd Int. Crop Science Congress 2000, 17.-22.08.2000, Hamburg, Abstract, 2000, S. 27
- WEGENER, C.: Die Naßfäule der Kartoffel - Eine Krankheit, ihr Erreger und die Abwehrreaktionen der Pflanze ForschungsReport 2, 2000, 40-43

Institut für Resistenzgenetik  
Institute of Resistance Genetics  
Grünbach

KUNTZE, L.; BAUER, E.; FOROUGH-WEHR, B.: An improved method for the inoculation and detection of BaYMV-2 in winter barley. *Z. Pflanzenkr. Pflanzensch.* **107** (3), 2000, 310-317

LIND, V.: Analysis of diallel crosses between wheat genotypes with genetically different resistance to *Pseudocercospora herpotrichoides* (Fron) Deighton. *Plant Breeding*, **119** (6), 2000, 449-453

LÖSSL, A.; ADLER, N.; HORN, R.; FREI, G.; WENZEL, G.: Chondriome-type characterization of potato: mt  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\chi$ ,  $\delta$ ,  $\epsilon$  and novel plastid-mitochondrial configurations in somatic hybrids. *Theor. Appl. Genet.* **99** (1), 1999, 1-10

SIMON, M.; FOROUGH-WEHR, B.: Inhibition of extracellular DNase activity of barley microspores in the presence of polyethylene glycol and silicon carbide fibers. *J. Plant Physiol.* **156**, 2000, 184-189

WALTHER, H.: A new concept for multiple resistance breeding in wheat to leaf and ear diseases. 6th Int. Wheat Conference Abstracts, Budapest, Ungarn, p. 54

Institut für gartenbauliche Kulturen  
Institute of Horticultural Crops  
Quedlinburg

AHNE, R.; FRANKE, J.; NOTHNAGEL, T.: Bildanalytische Untersuchungen zur Blattmorphologie von *Daucus carota* (Möhren). *Bornimer Agrartechn. Ber.* **25**, 2000, 111-117

BUDAHN, H.; PETERKA, H.; SCHRADER, O.: Molecular markers for added chromosomes of radish in rape and their effects on nematode resistance. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* **47**, 2000, 192

DEANS, S. G.; KURTH, H.; METZGER, M.; OLEXINSKI, K.; PANK, F.: Antibacterial and antifungal properties of essential oils from *Origanum majorana* (Marjoram). 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., PD6

KLOCKE, E.; LANGBEHN, J.; GREWE, C.; PANK, F.: DNA fingerprinting by RAPD on *Origanum majorana* L. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., B5

KLOCKE, E.; RADCHUK, V. V.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.: Transfertechniken zur gleichzeitigen Übertragung mehrerer Gene. Tagung der deut. Sektion der IAPTC, 05.-07.10.2000, Bonn, Abstract 24

KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; CLAUSS, E.; SCHUMANN, G.: Nutzung unspezifischer Resistenz gegenüber dem *Turnip mosaic virus* (TuMV) in Kopfkohl (*Brassica oleracea*). *Mitt. Deut. Phytomed. Ges.*, **30** (2), 2000, 15

KRÄMER, R.; RABENSTEIN, F.; SCHUBERT, J.; PROLL, E.; EHRIG, F.; MARTHE, F.; LÖPTIEN, H.: Necrosis in stored white cabbage infected with *Turnip mosaic virus* (TuMV). *Beitr. Züchtungsforsch.* **6** (3), 2000, 9-14

KRÄMER, R.; RABENSTEIN, F.; SCHUBERT, J.; PROLL, E.; EHRIG, F.; MARTHE, F.; LÖPTIEN, H.: Studies on necrosis of *Turnip mosaic virus* (TuMV) infected white cabbage. In: King, G. J. (Ed.): *Brassica 2000*, 3rd ISHS International Symposium on Brassicas, 12th Crucifer Genetics Workshop, 05.-09.09.2000 Wellesbourne, Abstracts, p084

LANGBEHN, J.; PANK, F.; NOVAK, J.; FRANZ, C.: Influence of selection and inbreeding on *Origanum majorana* L. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., A3

MARTHE, F.; SCHOLZE, P.; GRIESBACH, E.; SCHRADER, O.; KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.: Black mustard (*Brassica nigra*) - A source for resistance improvement of cabbage (*Brassica oleracea*). *Vortr. Pflanzenzüchtg.* **47**, 2000, P 46

MARTHE, F.; SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.: Krankheiten der Petersilie (*Petroselinum crispum*) und Erfolgsaussichten für eine Resistenzzüchtung. 10. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion 02.-03.02.2000, Bernburg, Kurzfassung Referate u. Poster, 24-25

- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.: Genetic linkage map of carrot using morphological and molecular markers. Vortr. Pflanzenzüchtg. **47**, 2000, P 99
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.: Research on carrots in Germany. Proceedings of Carrot Conference Australia, Perth 2000, 13-14
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.; LINKE, B.: Male sterility in populations of *Daucus* and the development of alloplasmic male sterile lines of carrot. Plant Breed. **119**, 2000, 145-152
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.; SCHOLZE, P.: Investigations of resistance of carrots (*Daucus carota sativus* Hoffm.) to *Alternaria dauci* (Kühn) Grov et. Skolko. Proceedings of Carrot Conference Australia, Perth 2000, S. 74
- NOVAK, J.; BITSCH, C.; LANGBEHN, J.; PANK, F.; SKOULA, M.; GOTSIOU, Y.; FRANZ, C. M.: Ratios of cis- and trans-Sabinene Hydrate in *Origanum majorana* L. and *Origanum microphyllum* (Bentham) Vogel. Biochem. Syst. Ecol. 2000, 28, 697-704
- NOVAK, J.; BITSCH, C.; MARN, M.; LANGBEHN, J.; PANK, F.; BLÜTHNER, W.-D.; MARCHART, R.; JUNGHANNS, W.; FRANZ, C.: Hybridsortensystem bei Majoran (*Origanum majorana* L.). Bericht über die 50. Arbeitstagung 1999 der Vereinigung österreichischer Pflanzenzüchter, BAL Gumpenstein, 23.-25.11.1999, 2000, 77-82
- NOVAK, J.; JUNGHANNS, W.; BLÜTHNER, W.-D.; MARCHART, R.; VENDER, C.; VAN NIEKERK, L.; PANK, F.; LANGBEHN, J.; FRANZ, C.: Combination ability of *Origanum majorana* L. experimental hybrids: Sensorial parameters and correlations to the composition of the essential oil. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants. 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., A1
- PANK, F.: Federal Centre for Breeding Reserach on Cultivated Plants, Quedlinburg, Germany: Current research projects on medicinal and aromatic plants ICMAP Newsletter **7**, 2000, 5
- PANK, F.: Heil- und Gewürzpflanzen aus der Sicht des Pflanzenzüchters. 3. Mitteilung: Kümmel (*Carum carvi* L.). Beitr. Züchtungsforsch. **6** (2), 2000, 31-45
- PANK, F.: Präsentation aktueller Forschungsergebnisse auf dem zweiten internationalen Symposium "Züchtungsforschung an Arznei- und Gewürzpflanzen" in Chania, Kreta, Griechenland, 11.-16. Juli 2000. Z. Arzn. Gew. Pfl. **5** (2), 2000, 54-56
- PANK, F.: Present trends in medicinal plant breeding in Germany. Natural products research in the new millennium, Int. Congress and 48th Annual Meeting of the Society for Medicinal Plant Research (GA), 03.-07.09.2000, Zürich, Schweiz, Abstracts of Plenary lectures, Workshops, Short Lectures and Posters, 2000: WSA/2
- PANK, F.: Proceedings des 2. Weltkongresses für Arznei- und Gewürzpflanzen: Biologische Ressourcen, nachhaltige Nutzung, Erhaltung und Ethnobotanik, Rezension. Z. Arzn. Gew. Pfl. **5** (1), 2000, 48-49
- PANK, F.; FOLTYS DE GARCIA, E.; SCHOLZE, P.; BLÜTHNER, W. D.; DEHE, M.; SCHNEIDER, E.; AHUIS, F.; KOBALL, G.: Ergebnisse der Evaluierung von Johanneskrautherkünften (*Hypericum perforatum* L.) unter besonderer Berücksichtigung der Welkeresistenz. Tagungsband zum 10. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion 02.-03.02.2000, Bernburg, 17-18
- PANK, F.; NEUMANN, M.; KRÜGER, H.: Ergebnisse der Auslese von kleinfrüchtigem Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare* Mill. ssp. *vulgare* var. *vulgare*) aus Kreuzungsnachkommen verschiedener Genotypen. Z. Arzn. Gew. Pfl. **5** (1), 2000, 40-48
- PANK, F.; PETERKA, H.: Flowering of hybrid plants between biennial and annual caraway (*Carum carvi* L.) and conclusions on the flower initiation inheritance. Vortr. Pflanzenzüchtg. **47**, 2000, P 18
- PANK, F.; VENDER, C.; VAN NIEKERK, L.; JUNGHANNS, W.; LANGBEHN, J.; BLÜTHNER, W.-D.; NOVAK, J.; FRANZ, C.: Combination ability of *Origanum majorana* L. strains: Agronomical traits and essential oil content. Results of the field experiment series in 1999. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., A2
- PANK, F.; SCHNÄCKEL, W.; SCHRÖDER, A.; LANGBEHN, J.; JUNGHANNS, W.: Majoranfarbe als qualitätsbestimmendes Merkmal. Zusammenhang zwischen visueller Beurteilung und spektrometrischer Messung. Fleischwirtschaft **80** (2), 2000, 89-93
- PETERKA, H.; BUDAHN, H.; SCHRADER, O.: Production of alloplasmic leek (*Allium ampeloprasum*) using the S-cytoplasm of onion (*A. cepa*) to induce CMS. Vortr. Pflanzenzüchtg. **47**, 2000, P 109

- RADCHUK, V. V.; BLUME, Y. B.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.: Isutsheniye regeneracij i polutsheniye transgennyh rastenii u raslitshnyh sortow belokatshannoij kapustij. *Fisiologiya rastenij*. **47** (3), 2000, 453-460
- RADCHUK, V. V.; BLUME, Y. B.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.: Regeneration and transformation of some cultivars of headed cabbage. *Russ. J. Plant Physiol.* **47**, 2000, 400-406, translated from *Fisiologiya Rastenii* **47**, 2000, 453-460
- RADCHUK, V. V.; KLOCKE, E.: Multiple in planta genetic transformation of *Arabidopsis* II. Int. wiss. Konferenz "Biotechnologiya v rasteniyevostve, schivotnovodstve i veterinarii" 18.-19.10.2000, Moskau, Abstr., S. 7
- RADCHUK, V. V.; KLOCKE, E.; BLUME, Y. B.: Ploidnost regenerirovannyh transgennyh rastenii kapustyi, russ. VII. Konferenz junger Wissenschaftler "Problems on plant physiology and genetics of the beginning of III. millenium", 18.-20.09.2000, Kiev, Abstract, S. 87
- RADCHUK, V. V.; KLOCKE, E.; RADCHUK, R. I.; NEUMANN, M.; BLUME, Y. B.: Polutsheniye transgennyh rastenij rapsa (*Brassica napus* L.) s pomotschju *Agrobacterium tumefaciens*. *Genetika* **36**, 2000, 932-941
- RADCHUK, V. V.; KLOCKE, E.; RADCHUK, R. I.; NEUMANN, M.; BLUME, Y. B.: Production of transgenic rapeseed *Brassica napus* L. by transformation with *Agrobacterium tumefaciens*. *Russ. J. of Genetics* **36**, 2000, 767-775; translated from *Genetika* **36**, 2000, 932-941
- SCHOLZE, P.: Einsatz von Rassenmischungen zur Bewertung der Resistenz gegen Kohlhernie (*Plasmodiophora brassicae* Wor.). *Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtschaft.* Heft 376, 2000. 266-267
- SCHOLZE, P.: Zur Rassenproblematik bei Kohlhernie *Phytopathologie* **30** (3), 2000, S. 16
- SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.; RYSCKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.: Expression of resistance to fungal diseases and turnip mosaic virus in somatic hybrids. In: King, G. J. (Ed.): *Brassica 2000, 3rd ISHS International Symposium on Brassicas, 12th Crucifer Genetics Workshop, Abstracts*, p085
- SCHRADER, O.; BUDAHN, H.; AHNE, R.: Detection of 5S and 25S rRNA genes in *Sinapis alba*, *Raphanus sativus* and *Brassica napus* by double fluorescence *in situ* hybridization. *Theor. Appl. Genet.* **100** (5), 2000, 665-669
- SCHRADER, O.; BUDAHN, H.; AHNE, R.; PETERKA, H.: Cytogenetic and molecular analysis of somaclonal variants in an *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* hybrid. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* **47**, 2000, P 53
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: A genetic map of *Papaver somniferum* L. based on molecular and morphological markers. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., B8
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: Characterization of low-morphine poppy types, *Papaver somniferum* L. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., PB7
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: Development of a genetic map of poppy, *Papaver somniferum* L. *Vortr. Pflanzenzüchtg.*, **47**, 2000, P 102
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: Two genetic linkage maps of carrot, *Daucus carota* L. *Proceedings of the Carrot conference Australia*, 24.-28.10.2000, Perth, Australien, S. 75
- YANG, X.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; MARTHE, F.; KRÄMER, R.; SCHOLZE, P.: Somatische Hybridisierung bei Gemüseformen von *Brassica* - Einfluß von UV-Strahlen. *Tagung der deutschen Sektion der IAPTC*, 05.-07.10.2000, Bonn, Abstract, S. 45

Institut für Qualitätsanalytik  
Institute of Quality Analysis  
Quedlinburg

- HOBERG, E.; ULRICH, D.: Comparison of sensory perception and instrumental analysis. Proc. Eucarpia Symp. on Fruit Breeding and Genetics, 06.-10.09.1999, Dresden, 439-442
- HOBERG, E.; ULRICH, D.; SCHIMMELPFENG, H.: Flavour quality of a new strawberry population. Proc. Eucarpia Symp. on Fruit Breeding and Genetics, 06.-10.09.1999, Dresden, 447-452
- KRÜGER, H.: Wirkstoffscreening in Umbelliferen. NAROSSA 2000, 6. Int. Fachkongress für nachwachsende Rohstoffe, 05.-06.06.2000 Magdeburg, Tagungsband, [4] Bl.
- KRÜGER, H.; WETZEL, S. B.; ZEIGER, B.: The chemical variability of *Ocimum* L. species. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., PC4
- SCHRADER, B.; SCHULZ, H.; ANDREEV, G. N.; KLUMP, H. H.; SAWATZKI, J.: Non destructive NIR-FT-Raman spectroscopy of plant and animal tissues of food and works of art. Talanta **53**, 2000, 35-45
- SCHÜTZE, W.: Vergleich der Eignung von Nucleosil- und ZORBAX-Säulen für die Analyse von Glucosinolaten. Agilent technologies PEAK- Informationen für den Analytiker **1**, 2000, 18-19
- SCHULZ, H.: Rotbusch in der Kosmetik. Cosma **4**, 2000, S. 22-23
- SCHULZ, H.; KRÜGER, H.: Rapid SPME-GC analysis of volatile secondary metabolites in various wild species of the genus. Allium. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., PD12
- SCHULZ, H.; KRÜGER, H.: Zwiebel, Porree und andere Lauchgemüse - Anbau, Inhaltsstoffe und Verwendung. Dragoco Report **47** (4), 2000, 193-205
- SCHULZ, H.; KRÜGER, H.; HERCHERT, N.; KELLER, E. R.: Vorkommen flüchtiger Sekundärmetabolite in ausgewählten Allium-Wildtypen. J. Appl. Bot. **74**, 2000, 119-211
- SCHULZ, H.; KRÜGER, H.; KEUSGEN, M.: Verteilung der Aromastoffe sowie der entsprechenden Präkursoren in interspezifischen Allium-Hybriden. Deutscher Lebensmittelchemikertag, 11.-13.09.2000, Hamburg, Tagungsband, S. 72
- SCHULZ, H.; QUILITZSCH, R.; DREWS, H.-H.; KRÜGER, H.: Estimation of minor components in caraway, fennel and carrots by NIRS-comparison of results from dispersive and fourier-transform instruments. Int. Agrophysics **14**, 2000, 249-253
- SCHULZ, H.; STEUER, B.; KRÜGER, H.: Aufbau eines NIRS-Netzwerkes für Medizinal- und Gewürzpflanzen. NAROSSA 2000, 6. internat. Fachkongress für nachwachsende Rohstoffe, 05.-06.06.2000, Magdeburg, Tagungsband, [1] Bl.
- SCHULZ, H.; STEUER, B.; KRÜGER, H.: Rapid near infrared spectroscopic prediction of secondary metabolites in tea drugs and spice plants. In: Davies, A. M. C.; Giangiacomo, R. (Eds.): Near infrared spectroscopy, Proc. 9th Int. Conference, NIR Publ., 2000, 447-453
- SCHULZ, H.; STEUER, B.; SCHÜTZE, W.: Rotbusch-Tee. Dtsch. Apoth. Ztg. **140** (33), 2000, 3809-3815
- SCHULZ, H.; ULRICH, D.: Auswirkungen von Nacherntprozessen auf das Aroma von Erdbeeren und Melonen. Fruchthandel **4**, 2000, 24-25
- STEUER, B.; SCHULZ, H.; KRÜGER, H.: Fast determination of minor components in rosemary leaves by near infrared spectroscopy. In: Davies, A. M. C.; Giangiacomo, R. (Eds.): Near infrared spectroscopy, Proc. 9th Int. Conference, NIR Publ., 2000, 499-501
- STEUER, B.; SCHULZ, H.; LÄGER, E.: Classification and analysis of citrus oils by NIR spectroscopy. Food Chem. **72** (1), 2000, 113-117
- ULRICH, D.; HOBERG, E.: Flavour analysis in plant breeding research on strawberries. In: Schieberle, P.; Engel, K.-H. (Eds.): Frontiers of flavour science. Garching, Deut. Forschungsanst. Lebensmittelchemie, 2000, S. 161-163



- ULRICH, D.; HOBERG, E.: Rapid methods in plant aroma analysis - mass spectrometric sensor measurements on strawberries. Proc. Eucarpia Symp. Fruit Breeding and Genetics, 06.-10.09.1999, Dresden, 443-446
- ULRICH, D.; HOBERG, E.; DARSOW, U.: Ist Kartoffelgeschmack messbar ? Untersuchungsmethoden zur Aromabestimmung. Kartoffelbau, **51** (8), 2000, 400-401
- ULRICH, D.; HOBERG, E.; NEUGEBAUER, W.; TIEMANN, H.; DARSOW, U.: Investigation of the boiled potato flavour by human sensory and instrumental methods. Amer. J. Potato Res. **77**, 2000, 111-117
- ULRICH, D.; SCHULZ, H.; SANDKE, G.; FALLIK, E.; RODOV, V.; HOREV, B.; COPEL, A.; ALKALAI-TOVIA, S.: Evaluation of quality parameters in strawberry during cultivation and postharvest processes. Postharvest 2000, 4th Int. Conference on Postharvest Science, Book of Abstracts, P93
- WETZEL, S. B.; KRÜGER, H.; HAMMER, K.; BACHMANN, K.: Investigations on morphological, biochemical and molecular variability of used *Ocimum* L. species. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000, Chania, Kreta, Griechenland, Book of Abstr., B9

## Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof Siebeldingen

- BORNHOFF, B.-A.; HARST, M.: Establishment of embryo suspension cultures of grapevines (*Vitis* L.). *Vitis* **39** (1), 2000, 27-29
- BORNHOFF, B.-A.; HARST, M.; ZYPRIAN, E.; IANNINI, C.; TÖPFER, R.: Transformation studies on *Vitis vinifera* L., via *Agrobacterium tumefaciens*. *Acta Hort.* **528**, 2000, 359-360
- BUCK, S.; ZYPRIAN, E.: First approaches of molecular mapping in a model population derived from the crossing of "Regent" x "Lemberger". *Acta Hort.* **528**, 2000, 203-207
- BÖHM, A.; ZYPRIAN, E.: First steps to physical mapping of the grapevine genome by pulsed field gelelectrophoresis. *Acta Hort.* **528**, 2000, 271-272
- DETTWEILER, E.; JUNG, A.; ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R.: Grapevine cultivar Müller-Thurgau and its true to type descent. *Vitis* **39** (2), 2000, 63-65
- DETTWEILER, E.; THIS, P.: The European network for grapevine genetic resources conservation and characterization. Conference Proceedings, Int. Conference "Prospects for Viticulture and Enology", Zagreb, Kroatien, 22.-24.11.2000
- DETTWEILER, E.; THIS, P.; EIBACH, R.: The European network for grapevine genetic resources conservation and characterization, XXV Congrès Mondiale de la Vigne et du Vin, Section I Viticulture, Paris, 19.-23.06.2000, 1-10
- DRY, P. R.; LOVEYS, B. R.; DÜRING, H.: Partial drying of the rootzone of grape. 1. Transient changes in shoot growth and gas exchange. *Vitis* **39** (1), 2000, 3-7
- DRY, P. R.; LOVEYS, B. R.; DÜRING, H.: Partial drying of the rootzone of grape. 2. Changes in the pattern of root development. *Vitis* **39** (1), 2000, 9-12
- DÜRING, H.: High light and water stress in grapevines: Photoinhibition and photoprotection. *Acta Hort.* **493**, 2000, 45-54
- DÜRING, H.: Induction of stomatal oscillations in grape leaves: Determination by gas exchange measurement. *Vitis* **39** (1), 2000, 45-46
- DÜRING, H.; MOHR, H.-D.: "Sonnenbrand" bei Weinreben – Vorboten einer Klimaänderung? ForschungsReport 1, 2000, 18-19
- EIBACH, R.: Investigations on the inheritance of resistance features to mildew diseases. *Acta Hort.* **528**, 2000, 455-465
- HARST, M.; BORNHOFF, B.-A.; ZYPRIAN, E.; JACH, G.; TÖPFER, R.: Regeneration and transformation of different explants of *Vitis vinifera* spp. *Acta Hort.* **528**, 2000, 289-295
- HARST, M.; BORNHOFF, B.-A.; ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R.: Influence of culture technique and genotype on the efficiency of *Agrobacterium*-mediated transformation of somatic embryos (*Vitis vinifera*) and their conversion to transgenic plants. *Vitis* **39** (3), 2000, 99-102

- MOHR, H. D.; DÜRING, H.: Sonnenbrand bei Weinreben - Eine Nachlese. Deut. Weinbau Jahrbuch **51**, 2000, 95-102
- SCHIEMANN, J.; WEBER, A.; COMMANDEUR, U.; KNOBLAUCH, M.; VAN BEL, A.; FISCHER, R.; PRÜFER, D.; HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.; HEHL, R.; LUEHRS, R.; REICHMANN, M.; TACKE, E.: Minimizing transgenic DNA while maximizing function. In: Fairbairn, C.; Scoles, G.; McHugen, A. (Eds.): Proc. 6th Int. Symp. Biosafety of Genetically Modified Organisms, July 2000, Saskatoon, Kanada, 131-145
- TÖPFER, R.: Genetic engineering - new horizons for grapevine breeding. Bull. Int. Wine Law Assoc. **22**, 2000, 36-40

## Vorträge/Poster Lectures/Posters

### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

- DEBENER, T.: A molecular marker map for roses. 3rd Int. Symp. on Rose Research and Cultivation, 21.-26.05.2000 Herzliya, Israel, Vortrag
- DEBENER, T.: Fingerprints für Sortenschutz und Vermarktung vegetativ vermehrter Zierpflanzen. Azerca-Züchtungsausschuss, 27.02.2000 Ahrensburg, Vortrag
- DEBENER, T.: Genetic analyses of horticulturally important characters in roses. Clemson University, Faculty of Agriculture, 14.01.2000 Clemson, USA, Vortrag
- DEBENER, T.: Genetic and molecular analyses of important characters in roses. 3rd Int. Symp. on Rose Research and Cultivation, 21.-26.05.2000 Herzliya, Israel, Vortrag
- DEBENER, T.: Marker assisted selection for blackspot resistance in roses. 3rd Int. Symp. on Rose Research and Cultivation, 21.-26.05.2000 Herzliya, Israel, Poster
- DEBENER, T.: Molecular tools for rose breeding and genetics. Rehovot, 28.05.2000 Hebrew University of Jerusalem, Vortrag
- DEBENER, T.: Roses as a model for genome analysis in woody ornamentals. PAG 09.-12.01.2000 San Diego, USA, Vortrag
- DOHM, A.: Erstellung von Rosen-Zuchtmaterial mit Resistenz gegen Sternrußtau. 37. Gartenbauwissenschaftliche Tagung, 08.-10.03.2000 Zürich, Schweiz, Vortrag
- DOHM, A.: Expression of antifungal genes in transgenic roses. Int. Congress on Durable Disease Resistance, 28.11.-01.12.2000 Wageningen, Niederlande, Poster
- DOHM, A.: Perspektiven des Gentransfers bei Zierpflanzen. Sommertagung der Azerca, 07.08.2000 Ahrensburg, Vortrag
- DOHM, A.: Somatic embryogenesis in roses. 3rd Int. Symp. on Rose Research and Cultivation, 21.-26.05.2000 Herzliya, Israel, Poster
- DOHM, A.: Transformation of roses with genes for antifungal proteins. 3rd Int. Symp. on Rose Research and Cultivation, 21.-26.05.2000 Herzliya, Israel, Vortrag
- DOHM, A.: Transformation von Rosen mit antifungalen Genen zur Verbesserung der Pilzresistenz. 8. Arbeitstagung AG Molekulare Marker, 28.-29.09.2000 Kiel, Vortrag
- DUNEMANN, F.: Perspektiven des Gentransfers bei Zierpflanzen. Tagung des Azerca-Züchtungsausschusses, 27.02.2000 Ahrensburg, Vortrag
- DUNEMANN, F.: Transgene Pflanzen als Beitrag zu einer umweltgerechten Pflanzenproduktion, Verein Jordsand, 27.01.2000 Ahrensburg, Vortrag
- DUNEMANN, F.; ILLGNER, R.; RADIES, M.; STANGE, I.: Transformation von Rhododendron mit Genen für abiotische Stresstoleranz. Tagung der deutschen Sektion der IAPTC, 05.-06.10.2000 Bonn, Poster

- GRUNEWALDT, J.: Gartenbauliche Pflanzenzüchtung im Wandel der Zeit. Betriebsleitertagung, 01.11.2000 Ahlem, Vortrag
- GRUNEWALDT, J.: Gartendahlien und Dahlienwildformen. Botanischer Garten Frankfurt am Main 14.09.2000, Vortrag
- GRUNEWALDT, J.: Gartendahlien und ihre entfernten Verwandten. Ehrenpromotion Frau Prof. L. Schmidt, 06.07.2000 Hamburg, Vortrag
- GRUNEWALDT, J.: Genetische Ressourcen für die Zierpflanzenzüchtung. Symp. "Erhaltung und nachhaltige Nutzung genetischer Ressourcen der Zierpflanzen", 27.-28.09.2000 Königswinter, Vortrag
- GRUNEWALDT, J.: Laudatio. Ehrenpromotion Prof. Horn, 28.01.2000 Hannover, Vortrag
- HALBACH, T.; DOHM, A.; JACOBSEN, H.-J.: Transformation of Rose (*Rosa hybrida* L.). Tagung der dt. Sektion der IAPTC, 05.-07.10.2000 Bonn, Poster
- PREIL, W.: Grenzen der konventionellen Züchtungsmethoden bei Azerca-Kulturen. Sommertreff 2000 der AZERCA-Sondergruppe, Zentralverband Gartenbau e. V. (ZVG), 07.08.2000 Ahrensburg, Vortrag
- SCHUM, A.: Use of isolated protoplasts in rose breeding. 3rd Int. Symp. on Rose Research and Cultivation, 21.-26.05.2000 Herzliya, Israel, Vortrag

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

- BERESTETSKI, A.; KASTIRR, U.: Erste Ergebnisse zur Charakterisierung von *Laetisaria*-Populationen. Sommertagung der Abteilung Futterpflanzen der GFP, 05.05.2000 Malchow, Vortrag
- BERESTETSKI, A.; KASTIRR, U.: Factors affecting development of red thread disease of turfgrasses. Jahrestagung der GFP, Abteilung Futterpflanzen, 09.11.2000 Bonn, Vortrag
- BERESTETSKI, A.; KASTIRR, U.: Factors affecting development of red thread disease of turfgrasses. 8th Ascherslebener Symp. on "New Aspects of Research on Cultivated Plants", Fungal Diseases, 16.11.2000 Aschersleben, Vortrag
- BERESTETSKI, A.; KASTIRR, U.: Methods and conditions for inoculation of turfgrasses with the fungus *Laetisaria fuciformis* (McAlp.) Burdsall. 3rd Conferenc on Harmful and Beneficial Microorganisms in Grasland, Pastures and Turf, 26.09.2000 Soest, Poster
- BERGMANN, H.; EHRIG, F.: Erprobung neuer Technologien der Entkeimung und Desinfektion von Brauch- und Trinkwasser. Int. Kolloquium Verfahren der Behandlung von Brauch-, Trink- und Abwasser, 30.10.2000 Hochschule Anhalt, Köthen, Vortrag
- EHRIG, F.: Der Einsatz der Elektronenmikroskopie in der Pflanzenvirologie. Workshop EM-Erregerdiagnostik, 10.-11.11.2000 Robert-Koch-Institut Berlin, Vortrag
- EHRIG, F.: Erste Erfahrungen beim Einsatz der Röntgenmikroanalyse zum Nachweis chemischer Veränderungen in Pflanzen während der Pathogenese. ESEM-User-Meeting, Philips, 15.-16.11.2000 Eindhoven, Niederlande, Vortrag
- EHRIG, F.: Zum Problem der Objektschrumpfung bei der Untersuchung phytopathogener Pilze. ESEM-User-Meeting, Philips, 15.-16.11.2000 Eindhoven, Niederlande, Vortrag
- GABLER, J.: Approaches to resistance breeding of annual caraway (*Carum carvi* L. var. *annuum*) to umbel browning. 8th Ascherslebener Symposium on "New Aspects of Research on Cultivated Plants", Fungal Diseases, 16.-17.11.2000 Aschersleben, Vortrag
- GABLER, J.: Breeding for resistance to biotic and abiotic factors in medicinal and aromatic plants - General situation and current results in annual caraway (*Carum carvi* L. var. *annuum*). 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and aromatic plants, 11.-16.07.2000 Chania, Kreta, Griechenland, Vortrag
- GABLER, J.: Entwicklung eines PTA-ELISA zum Nachweis von *Phomopsis diachenii* Sacc. an Kümmel. 37. Gartenbauwissenschaftlichen Tagung, 08.-10.03.2000 Zürich, Schweiz, Poster

- GABLER, J.: Entwicklung und Erprobung eines PTA-ELISA zur Resistenzbewertung im Pathosystem *Lolium perenne*, *Drechslera siccans*. Jahrestagung des AK Mykologie der Deut. Phytomed. Ges., 16.-17.03.2000 Aschersleben, Vortrag
- GABLER, J.; EHRIG, F.: *Phomopsis diachenii* Sacc., ein gefährlicher Doldenbräunerreger an Kümmel - Erstnachweis für Deutschland. Tagungsband zum 10. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion, 02.-03.02.2000 Bernburg, Poster
- GABLER, J.; EHRIG, F.: Serologischer Erregernachweis im Pathosystem *Carum carvi/Phomopsis diachenii*. 52. Deutsche Pflanzenschutztagung, 09.-12.10.2000 Freising-Weihenstephan, Poster
- GRAICHEN, K.; RABENSTEIN, F.; SCHLIEPHAKE, E.: Bestimmung der Virulenz von Isolatn des Turnip yellows luteovirus (*Syn. Beet western yellow luteovirus*). DPG Arbeitskreis Virologie, Gemeinsame Tagung mit dem DPG-Arbeitskreis Argra-Biotechnologie, 30.-31.03.2000 Fachhochschule der Polizei, Aschersleben, Vortrag
- KASTIRR, U.: Charakterisierung von *Hordeum bulbosum* - Wildformen und Populationen aus deren Kreuzungen mit *Hordeum vulgare* hinsichtlich ihrer Resistenz gegenüber *Polymyxa graminis*. 30 Jahre Züchtungsforschung mit *Hordeum bulbosum* – Artbastarden, 17.03.2000 Gülzow – Güstrow, Vortrag
- KASTIRR, U.: Evaluierung auf Resistenz gegenüber pilzlichen Weizenpathogenen und pilzübertragbaren Viren an Weizen und Roggen. Institutskolloquium, 19.06.2000 Aschersleben, Vortrag
- KASTIRR, U.: Forschungsstand zur Erarbeitung von Methoden zur Selektion auf Resistenz gegenüber *Laetisaria fuciformis* (McAlp.) Burdsall am Deutschen Weidelgras und Rotschwingel. Jahrestagung der GFP, Abteilung Futterpflanzen, 09.11.2000 Bonn, Vortrag
- KASTIRR, U.: Untersuchungen zum Nachweis von *Polymyxa graminis* während des Infektionsverlaufs in unterschiedlichen *Hordeum*-species. Deut. Phytomedizinische Gesellschaft, AK Wirt - Parasit – Beziehungen, 16.03.2000 Aschersleben, Vortrag
- KASTIRR, U.; PAPKE, V.: Investigation to evidence of *Polymyxa graminis* Led. in different *Hordeum*-species. 8th Ascherslebener Symposium "New Aspects of Resistance Research on Cultivated Plants", 16.11.2000 Aschersleben, Vortrag
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, T.: Evaluierung auf Resistenz gegenüber pilzlichen Weizenpathogenen und *Polymyxa*- übertragbaren Viren an Weizen und Roggen. Sommertagung GFP, Abteilung Getreide, 22.-23.06.2000 Aschersleben, Vortrag
- KUSTERER, A.: Untersuchungen zu Ursachen der Welkeerkrankungen am Dill, Stand des Projektes. 27.01.2000 GHG Saaten GmbH, Aschersleben, Vortrag
- KUSTERER, A.: Untersuchungen zu Ursachen der Welkeerkrankungen am Dill, Stand des Projektes. 03.03.2000 Süddeutsche Saatzucht Rastatt, Vortrag
- KUSTERER, A.; DEISING, H.; EHRIG, F.; GABLER, J.: Development of methods for resistance breeding in dill (*Anethum graveolens* L.). 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.07. - 16.07.2000 Chania, Kreta, Griechenland, Poster
- KUSTERER, A.; GABLER, J.: Neue Kenntnisse zum Krankheitsauftreten an Dill. 2. Sitzung der Projektgruppe "Heil-, Duft- und Gewürzpflanzen" des Arbeitskreises "Phytomedizin im Gartenbau" der DPG, 29.06.2000 Erfurt, Vortrag
- KUSTERER, A.; GABLER, J.; KÜHNE, T.: Untersuchungen zu Virosen an Dill. 52. Deut. Pflanzenschutztagung, 09.-12.10.2000 Weihenstephan, Vortrag
- KUSTERER, A.; TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.: *Mycosphaerella anethi* Petr., eine bedeutende Krankheit am Dill (*Anethum graveolens* L.) und Fenchel (*Foeniculum vulgare* Mill.). 37. Gartenbauwissenschaftliche Tagung, 08.-10.03.2000 Zürich, Poster
- KUSTERER, A.; TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.: *Mycosphaerella anethi* Petr. - ein wichtiger Krankheitserreger an Dill und Fenchel. DPG - Arbeitskreis Mykologie, 16.-17.03.2000 Aschersleben, Poster
- KÜHNE, T.: 15 Jahre transgene virusresistente Pflanzen. Was wissen wir heute über die Mechanismen? Universität Halle, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz, 19.04.2000 Halle, Vortrag
- MATOUSEK, J.; PATZAK, J.; SCHUBERT, J.; STEGER, G.; RIESNER, D.: Replication of HLVD in thermotreated hop leads to enormously high level of viroid mutagenesis. EMBO Workshop "Plant virus invasion and host defence", 28.05.-01.06.2000 Kolymbari, Kreta, Griechenland, Poster
- MATTERN, D.: Phylogenetische Analysen auf der Basis von Nukleinsäuresequenzen, Institutskolloquium, 11.07.2000 Aschersleben, Vortrag

- NACHTIGALL, M.; KÜHNE, T.; SAKER, M.: Entwicklung molekularer Resistenzmarker bei Gerste gegen pilzliche Schaderreger. Sommertagung GFP, Abt. Getreide, 22.-23.06.2000 Aschersleben, Vortrag
- NACHTIGALL, M.; KÜHNE, T.; SAKER, M.: Entwicklung molekularer Marker zur Resistenzselektion bei Gerste. Arbeitstagung des Wissenschaftlichen Beirates, 29.-30.06.2000 Aschersleben, Vortrag
- PROLL, E.; ZIELKE, R.: Nachweis und Charakterisierung des Erregers der Kartoffelschleimfäule *Ralstonia solanacearum*. Institutskolloquium, 02.05.2000 Aschersleben Vortrag
- RABENSTEIN, F.: Nachweismethoden für Fusarium am Getreide und Entwicklung von Resistenzprüfverfahren. Institutskolloquium, 13.06.2000 Aschersleben, Vortrag
- RABENSTEIN, F.: Sichere und empfindliche Methoden zur Pathodiagnose als Grundlage für die Entwicklung effizienter Resistenzprüfverfahren. 4. Sitzung des wissenschaftlichen Beirates der BAZ, 29.06.2000 Aschersleben, Vortrag
- RABENSTEIN, F.; WESEMANN, M.; LIND, V.: Serological detection of *Fusarium spec.* in cereals. 8th Ascherslebener Symposium "New Aspects of Resistance Research on Cultivated Plants", 16.11.2000 Aschersleben, Vortrag
- RABENSTEIN, F.; WESEMANN, M.; LIND, V.; MIEDANER, T.: Entwicklung serologischer Nachweismethoden zur Bewertung des Gehalts an Fusarium-Exoantigenen in Getreidekörnern. GFP Sommertagung, Abteilung Getreide, 22.-23.06.2000 Aschersleben, Vortrag
- RABENSTEIN, F.; WESEMANN, M.; LIND, V.; MIEDANER, T.: Serologischer Nachweis von *Fusarium spec.* in Getreidekörnern. DPG Arbeitskreis Mykologie. Gemeinsame Tagung mit dem Arbeitskreis Wirt-Parasiten-Beziehungen, 16.-17.03.2000 Fachhochschule der Polizei, Aschersleben, Poster
- REISS, R.; HORSTMANN, W.: Thaumatin-ähnliche Proteine der Gerste. Tagung des AK Wirt-Parasiten-Beziehungen, 17.03.2000 Aschersleben, Vortrag
- SCHUBERT, J.; BARCHEND, G.; REISS, E.: Schaffung neuer genetischer Vielfalt durch Gentransfer und Sicherheitsforschung. 4. Sitzung des wissenschaftlichen Beirates der BAZ, 29.06.2000 Aschersleben, Vortrag
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.: Induction of resistance to PVY by a truncated Nib. Kolloquium, Landwirtschaftliche Universität Peking, 15.11.2000 Peking, China, Vortrag
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.; DEDIC, P.; RABENSTEIN, F.: Nib - vermittelte Resistenz gegen Potyviren. DPG Arbeitskreis Virologie, Gemeinsame Tagung mit dem DPG-Arbeitskreis Agrar-Biotechnologie, 30.-31.03.2000 Fachhochschule der Polizei, Aschersleben, Vortrag
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.; RABENSTEIN, F.; DEDIC, P.: Nib-mediated, EBFP-stabilized resistance of potatoes to PVY infection, EMBO Workshop "Plant virus invasion and host defence", 28.05.-01.06.2000 Kolymbari, Kreta, Griechenland, Poster
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.; RABENSTEIN, F.; DEDIC, P.; SUKHACHEVA, E.: Nib-mediated resistance of potatoes to PVY infection. 4th Hangzhou Int. Symp. on Plant Pathology and Biotechnology, 05.-09.11.2000 Hangzhou, China, Vortrag
- SUBR, Z.; FOMITCHEVA, V. W.; KÜHNE, T.: Attempts to synthesize the P3 protein of barley mild mosaic bymovirus in *E. coli*. 5th Congress of the European Foundation of Plant Pathology, 18.-22.09.2000 Giardini-Naxos, Sizilien, Italien, Poster
- TAUBENRAUCH, K.; EHRIG, F.; RABENSTEIN, F.; PANK, F.; HAU, B.; GABLER, J.: *Mycosphaerella anethi* causing an important disease in fennel (*Foeniculum vulgare* Mill *subsp. vulgare* var. *vulgare*). 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000 Chania, Kreta, Griechenland, Poster
- TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.; PANK, F.: Pathodiagnose der Doldenerkrankung des Fenchels. Tagung anlässlich der Eröffnung der Institute der Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e. V., 12.05.2000 Sinzig, Poster
- ZIELKE, R.: Bakterien als mögliche Ursache von Doldenbräune bei einjährigem Kümmel. Institutskolloquium, 11.04.2000 Aschersleben, Vortrag

Institut für Epidemiologie und Resistenz  
Institute of Epidemiology and Resistance  
Aschersleben

- GRAICHEN, K.: Bedeutung von Virose im Winterraps. Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft, Ref. Pflanzenschutz, 28.03.2000 Erfurt-Kühnhausen, Vortrag
- GRAICHEN, K.: Entwicklung von Basismaterial bei Winterraps mit Resistenz gegen das Turnip yellows virus (*Syn. beet western yellows virus*). Pflanzenschutz-Kolloquium 2000, 25.01.2000 BBA Braunschweig, Vortrag
- GRAICHEN, K.: Selektion von Winterraps auf Resistenz gegen das *Turnip yellows luteovirus* (TuMV), Institutskolloquium, BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, 17.02.2000 Quedlinburg, Vortrag
- GRAICHEN, K.: Virusbefall in Winterraps und erste Ergebnisse zur Ertragsrelevanz von Virusresistenz. Deut. Phytomed. Gesell., AK Integrierter Pflanzenschutz, Projektgruppe Raps, 15.02.2000 BBA Braunschweig, Vortrag
- GRAICHEN, K.: Virusbefallssituation und Befallsminderungen bei Winterraps. Union zur Förderung von Öl- und Proteinpflanzen, Sitzung der Fachkommission Raps, 02.-03.02.2000 Bonn, Vortrag
- GRAICHEN, K.: Wasserrübenvergilbungsvirus: Auftreten und Bedeutung am Winterraps. Landespflanzenschutzamt, 24.02.2000 Magdeburg, Vortrag
- GRIESBACH, E.: Möglichkeiten zur Reduzierung des verbreiteten Auftretens der Bakteriellen Tomatenwelke im Raum Stuttgart-Heidelberg. Landesanstalt für Pflanzenschutz, 22.02.2000 Stuttgart, Vortrag
- HABEKUSS, A.: Genetische Ressourcen der Gerste - Resistenz gegen Schaderreger. DLG-Feldtage, 20.-22.06.2000 Rottmersleben, Poster
- 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. 5th Congress of European Foundation for Plant Pathology, 18.-22.09.2000 Taormina - Giardini Naxos, Italien, Poster
- KOPAHNKE, D.; GULTIAEVA, E.: Bericht über die Getreiderost-Konferenz vom 28.08.-01.09.2000 in Budapest. Institutskolloquium, 26.09.2000 BAZ Aschersleben, Vortrag
- KOPAHNKE, D.; WALTHER, U.; HABEKUSS, A.; SCHLIEPHAKE, E.; PROESELER, G.: The utilisation of genetic resources for plant breeding. Workshop: Towards sustainable national plant genetic resources programmes, 12.05.2000 IPK Gatersleben, Vortrag
- MIKHAILOVA, L.; GULTIAEVA, E.; KOPAHNKE, D.: The genetic control of tan spot and spot blotch resistance in Canadian wheat line 181-5. 5th Congress of European Foundation for Plant Pathology, 18.-22.09.2000 Taormina - Giardini Naxos, Italien, Poster
- PROESELER, G.: Resistenzzüchtung bei Kulturpflanzen an ausgewählten Beispielen. Tag der Naturwissenschaften, 08.09.2000 Stephaneum Aschersleben, Vortrag
- SCHLIEPHAKE, E.: Monitoring des Blattlausfluges mittels Saugfalle. Fachgespräch zur Blattlausprognose, 20.06.2000 BBA Braunschweig, Vortrag
- SCHLIEPHAKE, E.; HABEKUSS, A.: Die elektrische Registrierung des Saugverhaltens der Aphiden als Möglichkeit zur Differenzierung von Vektorresistenz und Resistenz gegen persistent übertragbare Viren. DPG, Arbeitskreis "Viruskrankheiten der Pflanze und Agrar-Biotechnologie", 30.-31.03.2000 Aschersleben, Vortrag
- WALTHER, U.; KOPAHNKE, D.; KRÄMER, I.; HABEKUSS, A.; SCHLIEPHAKE, E.; PROESELER, G.: Sources of resistance of the genus *Hordeum* to important pathogens and pests. 5th Congress of European Foundation for Plant Pathology, 18.-22.09.2000 Taormina - Giardini Naxos, Italien, Poster

## Genbank Gene Bank Braunschweig

- FRESE, L.: Auswirkungen des internationalen Übereinkommens über die biologische Vielfalt (ÜBV) auf das Management pflanzengenetischer Ressourcen in Deutschland. Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung (CAU) Kiel, Pflanzenzüchterisches Kolloquium, 28.06.2000 Kiel, Vortrag
- FRESE, L.: From static towards dynamic management of sugar beet (*Beta* sp.) genetic resources. Int. Conference of Science and Technology for Managing Genetic Diversity in the 21st century, 10.-16.06.2000 Kuala Lumpur, Malaysia, Vortrag
- GERMEIER, C.: The European Avena Database (EADB) in the context of the European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources (ECP/GR). Agriculture and Agric-Food Canada Saskatoon Research Centre, Seminar Series, 02.08.2000 Saskatoon, Kanada, Vortrag
- GERMEIER, C.; FRESE, L.: Regeneration standards, rationalisation of collections and safety duplication. Meeting of the ECP/GR cereals network coordination group, 07.-08.07.2000 Radzików, Polen, Vortrag
- PANELLA, L.; FRESE, L.; HANNAN, R. M.: Coordination of a national core collection with the international synthetic *Beta* core collection. ASA-CSSA-SSSA Annual Meeting, 05.-09.11.2000 Minneapolis, MN, USA, Poster

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

- DATHE, B.: Ergebnisse der Erdbeerzüchtung unter besonderer Berücksichtigung der Resistenz. Arbeitstagung Fachberater Beerenobst, Fachgruppe Obstbau, 30.11.2000 Bonn, Vortrag
- FISCHER, C.: Apfelsorten aus der Pillnitzer Apfelzüchtung. 19.-21.10.2000, Sächsisches Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft, Sachsens Grüne Tage, Freiberg, Vorträge
- FISCHER, C.: Apfelzüchtung in Dresden-Pillnitz, Stand und Perspektiven. 16.11.2000, Obstbau Versuchsring Altes Land, Jork, Beirat Kernobst, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- FISCHER, C.: Ergebnisse der Pillnitzer Apfelzüchtung und neue Sorten auf dem internationalen Markt. Bund Deutscher Baumschulen, Landesverband Sachsen, Jahrestagung, 28.01.2000 Bastei, Vortrag
- FISCHER, C.: Ergebnisse der Pillnitzer Apfelzüchtung unter besonderer Berücksichtigung der Resistenzzüchtung. Pflanzenschutzdienst mit Beratern aus Baden-Württemberg, 11.09.2000, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- FISCHER, C.: Ergebnisse über neue Apfelsorten aus der Pillnitzer Züchtung. Apfeltag 14.09.2000, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- FISCHER, C.: Neue Apfelsorten aus Dresden-Pillnitz. ARGE POLDI - Niederösterreichischer Obstbauverband, Internationale Obstbautagung, 20.01.2000 Pulkau, Österreich, Poster
- FISCHER, C.: Neue Aspekte in der Apfelzüchtung unter besonderer Berücksichtigung der Resistenzzüchtung. 02.11.2000, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich 6, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- FISCHER, C.: Neue Ergebnisse der Resistenzzüchtung beim Apfel bezüglich multipler Resistenz und deren Stabilität im Feldbau - Sortenempfehlungen für den Erwerbsanbau. ARGE POLDI - Niederösterreichischer Obstbauverband, Int. Obstbautagung 20.01.2000 Pulkau, Österreich, Vortrag
- FISCHER, C.: Pillnitzer Apfelsorten – Züchtung, Anbau, Handel, Verarbeitung. Deutsche Gesellschaft für Ernährung e.V., 15.12.2000 Dresden, Vortrag
- FISCHER, C.: Stabilität der Schorfresistenz bei Apfel - Ergebnisse, Probleme und Chancen. Arbeitskreis "Obstbauliche Leistungsprüfungen" der Landwirtschaftskammern e. V., der BRD 14.-15.06.2000 Veitshöchheim, Vortrag

- FISCHER, C.: Untersuchung zur Verbreitung von Schorfrassen in den Bundessortenversuchen an den Versuchsstandorten - Zielstellung, Methodik, Auswertung der Ergebnisse. Arbeitskreis "Obstbauliche Leistungsprüfungen" der Landwirtschaftskammern e. V. der BRD, 14.-15.06.2000 Veitshöchheim, Vortrag
- FISCHER, C.; FISCHER, M.: Züchtung von Apfelsorten in Dresden-Pillnitz mit der Zielstellung der Kombination von Resistenz mit Fruchtqualität und Ertrag. 19.-21.10.2000, Sächsisches Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft, Sachsens Grüne Tage, Freiberg, Poster
- FISCHER, C.; FISCHER, M.; DIEREND, W.: Stability of scab resistance in apple – New results, problems and chances of its durability. Int. Symp. Durable Disease Resistance, 28.11.-01.12.2000 Ede-Wageningen, Niederlande, Poster
- FISCHER, C.; RICHTER, K.: Ergebnisse der Resistenzzüchtung gegenüber Feuerbrand. Expertengespräch zur Feuerbrandbekämpfung unter besonderer Berücksichtigung der Anwendung von Streptomycin. 17.-18.02.2000, BBA, Institut für Pflanzenschutz im Obstbau, Dossenheim, Vortrag
- FISCHER, M.; FISCHER, C.: The future - resistant apple cultivars. ISHS, 7th Int. Symp. on Orchard and Plantation Systems, 31.01.-05.02.2000 Nelson, Neuseeland, Poster
- FISCHER, M.; FISCHER, C.: Ergebnisse der Pillnitzer Apfelzüchtung, insbesondere der Resistenzzüchtung, und ihre Umsetzung im Erwerbs- und Selbstversorgeranbau. Obst- und Gartenbautag, Landesverband Hessen, 16.09.2000 Burg Ronneburg, Vortrag
- HANKE, V.: Gentechnik in der Pflanzenzüchtung. Gymnasium Dresden-Reick, Dresden, 04.05.2000, Vortrag
- HANKE, V.: Gentechnik in der Pflanzenzüchtung. Friedrich-Schiller-Gymnasium Gera, 12.10.2000, Vortrag
- HANKE, V.: Gentechnische Untersuchungen zur Verbesserung der Feuerbrandresistenz bei Apfel. Expertengespräch zur Feuerbrandbekämpfung unter besonderer Berücksichtigung der Anwendung von Streptomycin, 17.-18.02.2000 BBA, Institut für Pflanzenschutz im Obstbau, Dossenheim, Vortrag
- HANKE, V.: Perspektiven in der Obstzüchtung in Dresden-Pillnitz. 16.11.2000, Obstbau Versuchsring Altes Land, Jork, Beirat Kernobst, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- HANKE, V.; KIM, W.-S.; GEIDER, K.: Transformation for fire blight resistance in apple: Evaluation of the depolymerase gene. 4. Internat. Symposium on *In-vitro*-Culture and Horticult. Breeding, 02.-07.07.2000, Tampere, Finnland, Poster
- HANKE, V.; NORELLI, J. L.; KO, K.; BOREJSZA-WYSOCKA, E.; MILLS, J. Z.; ALDWINCKLE, H. S.: Regeneration and transformation of Malling 9 apple rootstock. 4. Internat. Symposium on *In-vitro*-Culture and Horticult. Breeding, 02.-07.07.2000, Tampere, Finnland, Poster
- HÖFER, M.; TOURAEV, A.; HEBERLE-BORS, E.: Microspore embryogenesis in apple. XVIth International Congress on Sexual Plant Reproduction, 01.-05.04.2000, Banff, Canada, Poster
- HÖFER, M.; TOURAEV, A.; HEBERLE-BORS, E.: Microspore embryogenesis in apple. Final COST meeting 824 „Biotechnological Approaches for Utilization of Gametic Cells, 01.-05.07.2000, Poster
- SCHÖNFELD, R.-M.: Einsatz der Gentechnik in der Resistenzgenetik am Beispiel der Gerste. 18.01.2000, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- SCHÖNFELD, R.-M.: Einsatz molekularer Marker für eine gezielte Kombination von Resistenzen bei Gerste. Statusseminar, 15.05.2000, Institut für Allgemeine Botanik, Universität Hamburg, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Sauerkirschenzüchtung in Dresden-Pillnitz. 26. Bundesseminar Steinobst, 05.12.2000 Bad Neuenahr-Ahrweiler, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Wie geht es weiter in der Kirschenzüchtung? Institutskolloquium, 08.02.2000 Dresden, Vortrag
- SCHUSTER, M.: Die Zukunft der Pillnitzer Kirschenzüchtung. Fachgruppe Obstbau im Bundesausschuss Obst und Gemüse, Arbeitskreis Steinobst, 27.06.2000 Quedlinburg – Ditfurt, Vortrag



Institut für landwirtschaftliche Kulturen  
Institute of Agricultural Crops  
Groß Lüsewitz

- DARSOW, U.: Aktuelle Aspekte der Züchtung von Basismaterial der Kartoffel. Sommertagung der AG Kartoffeln in der GPZ, 11.07.2000 Groß Lüsewitz, Vortrag
- DARSOW, U.: Kartoffeln in Indien - Anbau, Züchtung, Züchtungsforschung. Wintertagung der AG Kartoffeln in der GPZ, 22.11.2000 Göttingen, Vortrag
- DARSOW, U.: Virus resistance as problem in prebreeding of late blight resistance. Section Meeting of EAPR (Breeding) and EUCARPIA (Potatoes), 03.-07.07.2000 Warschau, Polen, Vortrag
- DARSOW, U.; TIEMANN, H.: Dihaploid potato breeding for French fries after cold storage. Section Meeting of EAPR (Breeding) and EUCARPIA (Potatoes), 03.-07.07.2000 Warschau, Polen, Vortrag
- DARSOW, U.: Breeding research and prebreeding on potato in the BAZ at Groß Lüsewitz. Agriculture and Agri-Food Canada, Potato Research Centre Fredericton, N.B., 09.08.2000, Vortrag
- DARSOW, U.: Assessment of Canadian potato breeding clones at Groß Lüsewitz. Agriculture and Agri-Food Canada, Potato Research Centre Fredericton, N.B., 14.08.2000, Vortrag
- DINU, I.; THIEME, R.: Utilization of genetic resources in *Solanum* for potato breeding through biotechnological methods. Vortragstagung der AG Genetische Ressourcen der GPZ, 23.-24.11.2000 Witzenhausen, Poster
- DÖSCHER, B.; SONNTAG, K.; SELLNER, M.: Einfluss der Genotypen und der Kokultivierungsbedingungen auf die Transformation von *Brassica napus* mit *Agrobacterium tumefaciens*, Jahrestagung der Deut. Botanischen Gesellschaft und der Vereinigung für Angewandte Botanik, 17.-22.09.2000 Jena, Poster
- DÖSCHER, B.; SONNTAG, K.; SELLNER, M.: Optimierung des Agrobakterien-vermittelten Gentransfers bei Raps. NAROSSA 2000, 6. Int. Fachkongress für nachwachsende Rohstoffe, 05.-06.06.2000 Magdeburg, Poster
- GAVRILENKO, T.; THIEME, R.; LARRKA, J.; ROKKA, V. M.: Identification of the E- and A- parental genomes in interspecific somatic hybrids of potato and their progenies by genomic in situ hybridization. Section Meeting of EAPR (Breeding) and EUCARPIA (Potatoes), 03.-07.07.2000 Warschau, Polen, Vortrag
- GAVRILENKO, T.; THIEME, R.; ROKKA, V. M.: Identification of the parental chromosomes in *Lycopersicon esculentum* (+) *Solanum tuberosum* intergeneric hybrids and their androgenetic regenerants by genomic in situ hybridisation (GISH), Mendel Centenary Congress, 07.-10.03.2000 Brno, Tschechien, Poster
- HACKAUF, B.; MAKAROVA, N.; WEHLING, P.: Development of STS markers for the self-incompatibility loci in rye. Plant & Animal Genome Conference VIII, 09.-12.01.2000 San Diego, CA, USA, Poster
- HERRMANN, M.; SCHINKEL, B.: EUCARPIA-Triticale Yield Nursery, Ergebnisse von 1984 bis 1999. Int. Triticalesymposium, 06.12.2000 Stuttgart-Hohenheim, Vortrag
- LELLBACH, H.: Gesunde Pflanzen bei Weidelgräsern. MELA Landwirtschaftsmesse M/V, 14.-17.09.2000 Mühlengeez, Poster
- LELLBACH, H.: Schwarzrost (*Puccinia graminis* ssp.) bei Gramineen, Eine Literaturrecherche. Sommertagung der GFP-Abteilung Futterpflanzen, 04.-05.05.2000 Malchow/Poel, Vortrag
- LELLBACH, H.; WEHLING, P.: Genetic analysis of crown rust resistance in *Lolium perenne*. 23rd EUCARPIA "Breeding for Stress Tolerance in Fodder Crops and Amenity Grasses", 01.-04.10.2000 Azores, Portugal, Poster
- MÜLLER, J.; SONNTAG, K.: Somatic hybrids of *Brassica napus* and *Brassica juncea* based on different fusion methods, Mendel Centenary Congress, 07.-10.03.2000 Brno, Tschechien, Poster
- MÜLLER, J.; SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.: Somatic hybridisation between *Brassica* spp. and *Raphanus sativus*. 4th Int. Symp. In Vitro Culture and Horticultural Breeding, 02.-07.07.2000 Tampere, Finnland, Poster
- MÜLLER, J.; SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.; WANG, Y.: Möglichkeiten zur Verbesserung von Raps (*Brassica napus*) durch somatische Hybridisierung. NAROSSA 2000, 6. Int. Fachkongress für nachwachsende Rohstoffe, 05.-06.06.2000 Magdeburg, Poster
- ROUX, S. R.: Evaluierung Genetischer Ressourcen bei Roggen. Statusseminar Roggenforschung, 17.03.2000 Stuttgart-Hohenheim, Vortrag

- ROUX, S. R.; RUGE, B.; LINZ, A.; WEHLING, P.: Leaf rust resistance in rye - Evaluation, genetic analysis and molecular mapping. 10th Cereal Rusts and Powdery Mildew Conference, 28.08.-01.09.2000 Budapest, Ungarn, Poster
- RUDLOFF, E.; WEHLING, P.: Transgenic oilseed rape as a renewable resource for medium chain fatty acids. CTVO-NET Final Conference, 20.-21.06.2000 Bonn, Poster
- RUGE, B.; MICHEL, M.; PICKERING, R.; PROESELER, G.; WEHLING, P.: Gene introgressions from *H. bulbosum* into cultivated barley cause resistance to different pathogens, Plant & Animal Genome Conference VIII, 09.-12.01.2000 San Diego, CA, USA, Poster
- SONNTAG, K.: Herstellung transgener Rapslinien bei unterschiedlichen Kultivaren. Projektbesprechung: Männliche Sterilität, 01.08.2000 Rostock, Vortrag
- SONNTAG, K.: Männliche Sterilität in Raps. Transformation von Rapslinien, Verbundberatung, 14.01.2000 Bielefeld, Vortrag
- SONNTAG, K.: Nutzung biotechnologischer Verfahren zur Bereitstellung von Basismaterial für die Züchtung, Workshop "Biogene Rohstoffe und Biotechnologie", 22.11.2000 Malchow Hochschule Wismar, Vortrag
- SONNTAG, K.: Transformation ausgewählter Genkonstrukte zur Erzeugung neuer Raps-Ausgangsformen, 1. Verbundtreffen "Neuartige Rapsöle", 27.09.2000 Hohenlieth, Vortrag
- SONNTAG, K.; DÖSCHER, B.; HAN, J.; SELLNER, M.: Genotype effects on *Agrobacterium* mediated genetic transformation of *Brassica napus*. 4th Int. Symp. on In Vitro Culture and Horticultural Breeding, 02.-07.07.2000 Tampere, Finnland, Poster
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.: Regeneration und Transformation von *Crambe abyssinica*, Tagung der deutschen Sektion der International Association for Plant Tissue Culture (IAPTC), 05.-07.10.2000 Bonn, Poster
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.: Somatische Hybridisierung ausgewählter Brassicaceen zur Bereitstellung von wertvollem Basismaterial mit verbesserten Eigenschaften. Arbeitsgespräch "Modifikation der Lipidbiosynthese" der Fachagentur nachwachsende Rohstoffe, 04.-05.04.2000 Gülzow, Vortrag
- THIEME, R.: Incorporation and testing of new genetic resources in potato by biotechnological methods. Besuch des Vavilov-Institutes im Rahmen der deutsch-russischen Zusammenarbeit in der Agrarforschung (Bilaterale Zusammenarbeit), 27.10.2000 Vavilov Institute of the Plant Industry, St. Petersburg, Russland, Vortrag
- THIEME, R.: Nutzung der Biotechnologie zur Erzeugung von Basismaterial der Kartoffel. Sommertagung der Abt. Kartoffeln in der GPZ, 11.07.2000 Groß Lüsewitz, Vortrag
- THIEME, R.: The use of biotechnological methods for development of new basic potato material. Northwestern Agricultural University, Horticultural Department, 28.03.2000 Yangling, Shaanxi, China, Vortrag
- THIEME, R.; HACKAUF, B.; WEHLING, P.: Molecular methods for the identification of somatic potato hybrids. Northwestern Agricultural University, Horticultural Department, 29.03.2000 Yangling, Shaanxi, China, Vortrag
- THIEME, R.; THIEME, T.; GAVRILENKO, T.; HEIMBACH, U.: Incorporation and testing of new genetic resources of virus resistance in potato. Northwestern Agricultural University, Department of Plant Protection, 23.03.2000 Yangling, Shaanxi, China, Vortrag
- THIEME, R.; THIEME, T.; HEIMBACH, U.: Nutzung der Gewebekultur für die Evaluierung von Resistenzen gegen phytophage Insekten. Tagung der deutschen Sektion der International Association for Plant Tissue Culture (IAPTC), 05.-07.10.2000 Bonn, Vortrag
- WEHLING, P.: Grüne Gentechnik im Dienste der Lebensmittelqualität, Tag der Agrarwissenschaften, 14.09.2000 Mühlengiez, Vortrag
- WEHLING, P.: Züchtungsforschung an der BAZ-Groß Lüsewitz im Ressortbereich des BML und ihre Berührungspunkte im regionalen Kontext. Gemeindevertretung, 22.02.2000 Sanitz, Vortrag
- WEHLING, P.: Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturpflanzen - Forschungsschwerpunkte an der BAZ-Groß Lüsewitz, Technologie in Mecklenburg-Vorpommern. Tage der Innovativen und Nachhaltigen Landwirtschaft in Mecklenburg-Vorpommern, 31.03.-01.04.2000 Warnemünde, Vortrag

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

- FLAMME, W.; JANSEN, G.; DONGOWSKI, G.; GEBHARDT, E.; JACOBI, A.: Sommer- und Wintergersten mit veränderter Kohlenhydratzusammensetzung als Quelle für diätetische Lebensmittel. 35. Vortragstagung der DGQ "Funktionelle Inhaltsstoffe pflanzlicher Lebensmittel", 20.-21.03.2000 Karlsruhe, Vortrag
- FLAMME, W.; SEDDIG, S.; JANSEN, G.; JÜRGENS, H.-U.: Biochemische und rheologische Methoden zur Analyse des Auswuchsverhaltens von Triticale in Relation zu Roggen und Weizen. Kolloquium "Züchtungsforschung bei Triticale - Stand und Perspektiven", 06.-07.12.2000 Stuttgart, Vortrag
- JANSEN, G.: Evaluierung genetischer Ressourcen hinsichtlich einiger Qualitätsmerkmale (Wild- und Kulturkartoffeln). Sommertagung der AG für Kartoffelzüchtung und Pflanzguterzeugung in der GPZ, 11.-12.07.2000 Groß Lüsewitz, Vortrag
- JANSEN, G.; FLAMME, W.: Rheologische und NIR-spektroskopische Untersuchungen an Gerstenmehlen und -stärken. 35. Vortragstagung der DGQ "Funktionelle Inhaltsstoffe pflanzlicher Lebensmittel", 20.-21.03.2000 Karlsruhe, Poster
- MASCHER, R.; LIPPMANN, B.; BALKO, C.; BERGMANN, H.: Vergleichende Betrachtung der UV-Licht induzierten trans-Resveratrolbildung in Blättern verschiedener Genotypen der Kartoffel (*Solanum tuberosum* L.) nach in vitro und Gewächshauskultivierung. 35. Vortragstagung der DGQ "Funktionelle Inhaltsstoffe pflanzlicher Lebensmittel", 20.-21.03.2000 Karlsruhe, Poster
- WEGENER, C.: Induced resistance against *Erwinia* soft rot in field grown transgenic potatoes. International Symposium "Durable Resistance", 28.11.-01.12.2000 Wageningen, Niederlande, Poster
- WEGENER, C.: Pectatlyase, Kartoffeln mit *Erwinia*-Resistenz. Sommertagung der AG für Kartoffelzüchtung und Pflanzguterzeugung in der GPZ, 11.-12.07.2000 Groß Lüsewitz, Vortrag

Institut für Resistenzgenetik  
Institute of Resistance Genetics  
Grünbach

- ASSANI, A.; HAICOUR, R.; BAKRY, F.; COTE, F. X.; FOROUGH-WEHR, B.: Les progrès réalisés dans la régénération des protoplastes de bananiers (*Musa* ssp.). VIIes Journées Scientifiques Agence Universitaire Francophone, AUPELFUREF, 03.-05.07.2000 Montpellier, Frankreich, Vortrag und Poster
- SCHÖNFELD, R.-M.: Verbundprojekt "Gesundes Getreide durch Nutzung biotechnologischer Züchtungskonzepte" (GFP, LP-2/97) Teil Gerste: Lokalisierung unbekannter Resistenzgene gegen die Gelbmosaikvirose und gegen die Blattfleckenkrankheit. Universität Hamburg, Institut für Angewandte Molekularbiologie der Pflanzen AMP II, Abschlusssseminar, 15.-16.05.2000 Hamburg, Vortrag
- WALTHER, H.: A new concept for multiple resistance breeding in wheat to leaf and ear diseases. 6th Int. Wheat Conference, 04.-10.06.2000 Budapest, Ungarn, Vortrag und Poster
- WALTHER, H.: Verbundprojekt "Gesundes Getreide durch Nutzung biotechnologischer Züchtungskonzepte" (GFP, LP-2/97) Teil Weizen: Züchtungsprogramm zum Resistenzaufbau gegen *Fusarium culmorum* (FC) und *Septoria nodorum* (SN). Universität Hamburg, Institut für Angewandte Molekularbiologie der Pflanzen AMP II, Abschlusssseminar, 15.-16.05.2000 Hamburg, Vortrag

Institut für gartenbauliche Kulturen  
Institute of Horticultural Crops  
Quedlinburg

- AHNE, R.; FRANKE, J.; NOTHNAGEL, T.: Bildanalytische Untersuchungen zur Blattmorphologie von Möhren. Workshop 2000 "Anwendungen der Computer-Bild-Analyse in der Landwirtschaft", 03.05.2000 Potsdam-Bornim, Vortrag
- BUDAHN, H.; KRÄMER, R.; PETERKA, H.; SCHRADER, O.: Transfer of genetic resistance from radish (*Raphanus sativus*) to rape (*Brassica napus*) by interspecific crosses. Beijing Vegetable Research Centre, 16.05.2000 Peking, China, Vortrag
- BUDAHN, H.; PETERKA, H.; SCHRADER, O.; AHNE, R.: Molecular markers for added chromosomes of radish (*Raphanus sativus* L.) in rape (*Brassica napus* L.) and their effects on nematode resistance. ISHS Brassica 2000, 3rd Int. Symp. on Brassicas, 12<sup>th</sup> Crucifer Genetics Workshop, 05.-09.09.2000 Warwick, Wellesbourne, Großbritannien, Poster
- KLOCKE, E.: DNA-basierte Marker für die Pflanzenzüchtung. 4. GPZ-Saatzuchttechniker-Seminar, 24.-25.02.2000 Quedlinburg, Vortrag
- KLOCKE, E.; LANGBEHN, J.; GREWE, C.; PANK, F.: DNA fingerprinting by RAPDs on *Origanum majorana* L. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000 Chania, Griechenland, Vortrag
- KLOCKE, E.; RADCHUK, V. V.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.: Transfertechniken zur gleichzeitigen Übertragung mehrerer Gene. Tagung der dt. Sektion der IAPTC "Zell- und Gewebekulturtechniken an der Schwelle zum nächsten Jahrhundert, Herausforderungen und Perspektiven", 05.-07.10.2000 Bonn, Vortrag
- KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.: Molekulare Charakterisierung von somatischen Hybriden zur Übertragung von Resistenzen bei Brassicaceen. ADIVK-Jahresversammlung, Institut für Pharmakognosie der Universität Wien, 21.09.2000 Wien, Vortrag
- KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.: The German Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants - a Portrait. Arbeitsaufenthalt im Rahmen der bilateralen Zusammenarbeit mit Kanada, ECORC, 10.10.2000 Ottawa, Kanada, Vortrag
- KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; NEUMANN, M.: Molecular approaches of characterization of horticultural crops and development of molecular markers. Vegetable Research Institute of Guangdong, Academy of Agricultural Sciences in Guangzhou, 06.04.2000 Guangdong, China, Vortrag
- KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; NEUMANN, M.: Utilization of molecular methods for characterization of somatic hybrids. Biotechnology Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, 08.04.2000 Kunming, China, Vortrag
- KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; RYSCHKA, U.: Molecular markers for plant breeding - a survey. Seminar der Deutschen Stiftung für int. Entwicklung "Seed Technology - Organization and Management of Seed Programmes", 04.07.2000 Quedlinburg, Vortrag
- KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; RYSCHKA, U.: Transfer of antibiotic genes into various *Brassicaceae*. Department of Genetics, Plant Breeding and Seed Production of the Agricultural University of Cracow, 06.06.2000 Krakau, Polen, Vortrag
- KRÄMER, R.; KLOCKE, E.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.: Resources of resistance to different *Turnip mosaic virus* (TuMV) pathotypes in *Brassicaceae*. Bilaterale Zusammenarbeit mit Russland, Russian Research Institute of Phytopathology Moskau, 13.09.2000, Moskau, Russland, Vortrag
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; KLOCKE, E.; SCHUBERT, J.; RYSCHKA, U.; CLAUSS, E.; SCHUMANN, G.: Möglichkeiten zur Verbesserung der TuMV-Resistenz in Kopfkohl (*Brassica oleracea*). Fachbereich Phytopathologie und Pflanzenschutz, Martin-Luther-Universität, Halle-Wittenberg, 26.04.2000 Halle, Vortrag
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; CLAUSS, E.; SCHUMANN, G.: Nutzung unspezifischer Resistenz gegenüber dem *Turnip mosaic virus* (TuMV) in Kopfkohl (*Brassica oleracea*). Tagung der Arbeitskreise Viruskrankheiten der Pflanzen und Agrar-Biotechnologie der Deut. Phytomedizinischen Gesellschaft e. V., 30.03.2000 Aschersleben, Vortrag

- KRÄMER, R.; RABENSTEIN, F.; SCHUBERT, J.; PROLL, E.; EHRIG, F.; MARTHE, F.; LÖPTIEN, H.; KECKE, S.; SCHWARZ, S.: Studies on necrosis of white cabbage infected with *Turnip mosaic virus* (TuMV). ISHS Brassica 2000, 3rd Int. Symp. on Brassicas, 12th Crucifer Genetics Workshop, 05.-09.09.2000 Warwick, Wellesbourne, Großbritannien, Poster
- KRÄMER, R.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.; MARTHE, F.; KLOCKE, E.: Resistenzverhalten in *Brassica oleracea*-Primitivformen und *Raphanus sativus*-Herkünften gegenüber dem *Turnip mosaic virus* (TuMV). GPZ-Sitzung, 21.06.2000 Quedlinburg, Vortrag
- MARTHE, F.; GRIESBACH, E.; RYSCHKA, U.: Stand der Arbeiten zur Verbesserung der Resistenz von Kohl (*Brassica oleracea*) gegenüber dem Erreger der Schwarzadrigkeit (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) - Erschließung einer neuen Resistenz für Kohl aus Schwarzem Senf (*Brassica nigra*). Jahrestagung 2000 der GFP, Sitzung der Abt. Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzen, 09.11.2000 Bonn, Vortrag
- MARTHE, F.; KRÄMER, R.; KLOCKE, E.: Resistenzgenetische Charakterisierung und molekularbiologische Markierung einer Resistenz gegenüber dem *Turnip mosaic virus* (TuMV) in Gemüsekohl (*Brassica oleracea*), Sommersitzung der Abteilung Gemüse, Heil- u. Gewürzpflanzen der GFP, 21.06.2000 Quedlinburg, Vortrag
- MARTHE, F.; SCHOLZE, P.; GRIESBACH, E.; KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.: Erschließung neuer Variabilität für Kohl (*Brassica oleracea*) aus Schwarzem Senf (*Brassica nigra*) unter besonderer Beachtung von Resistenzen gegenüber unterschiedlichen Krankheitserregern, Treffen der AG Gemüse der GPZ, 21.06.2000 BAZ Quedlinburg, Vortrag
- MARTHE, F.; SCHOLZE, P.; GRIESBACH, E.; SCHRADER, O.; KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.: Blackmustrad (B.n.) -source for resistance improvement of cabbage (B.o.). Mendel Centenary Congress (5. GPZ-Tagung), 07.-10.03.2000 Brno, Tschechien, Poster
- MARTHE, F.; SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.: Krankheiten der Petersilie (*Petroselinum crispum*) und Erfolgsaussichten für eine Resistenzzüchtung. 10. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion, 03.02.2000 Bernburg, Vortrag
- MARTHE, F.; SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.: Krankheiten der Petersilie (*Petroselinum crispum*) und Möglichkeiten für Resistenzzüchtung. Kolloquium Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz, Landwirtschaftliche Fakultät, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 12.04.2000 Halle, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.: Kurzbericht zum Stand der Forschungsarbeiten zur Charakterisierung quantitativer Resistenzmerkmale der Möhre gegen *Alternaria dauci*. Sitzung der Abteilung Gemüse, Heil- u. Gewürzpflanzen der GFP, 21.06.2000 Quedlinburg, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.: Genetic linkage map of carrot using morphological and molecular markers. Mendel Centenary Congress (5. GPZ-Tagung), 07.-10.03.2000 Brno, Tschechien, Poster
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.: Research on carrots in Germany. Carrot conference Australia, 24.-28.10.2000 Perth, Australien, Vortrag
- NOTHNAGEL, T., STRAKA, P.: Results of project to the development of new sources of male sterility of carrot. 28th Int. Carrot Conference, 27.-30.08.2000 Pasco, USA, Vortrag
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.; SCHOLZE, P.: Investigations of resistance of carrots (*Daucus carota sativus* Hoffm.) to *Alternaria dauci* (Kühn) Grov et. Skolko. Carrot conference Australia, 24.-28.10.2000 Perth, Australien, Poster
- NOTHNAGEL, T.; STRAKA, P.; SCHOLZE, P.: Investigations of the resistance of carrot (*Daucus carota* L.) against *Alternaria dauci* (Kühn) Grov et. Skolko. 28th Int. Carrot Conference, 27.-30.08.2000 Pasco, USA, Poster
- PANK, F.: Allgemeine Grundlagen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion. Landwirtschaftliche Fakultät der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 19.06.2000 Halle, Vortrag
- PANK, F.: Anbau von Arznei- und Gewürzpflanzen an Beispielen. Landwirtschaftliche Fakultät der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 26.06.2000 Halle, Vortrag
- PANK, F.: Arzneipflanzen aus Sammlung, Garten und Anbau. "10 Jahre Kräutergarten Kloster Michaelstein", Veranstalter: Stiftung Kloster Michaelstein, 23.07.2000 Kloster Michaelstein, Blankenburg, Poster
- PANK, F.: Arznei- und Gewürzpflanzenanbau in Deutschland. Eröffnung des Heil- und Giftpflanzengartens der Tierärztlichen Hochschule Hannover auf der EXPO, 29.05.2000 Hannover, Vortrag
- PANK, F.: Carvacrolhaltige Extrakte aus Bohnenkraut. Pressekonferenz des InnoRegio-Programmes "Biotechnologie Nordharz Börde", 29.05.2000 Haus der Landwirtschaft, Magdeburg, Vortrag

- PANK, F.: Entwicklung von einjährigem Kümmel mit hoher Qualität. Veranstaltung der AG 16 (Gemüse) der GFP, 21.06.2000 Quedlinburg, Vortrag
- PANK, F.: Linienentwicklung und Kombinationseignungstests für ein Hybridsortensystem des Majorans. GFP Jahrestagung, 09.-10.12.2000 Bonn, Vortrag
- PANK, F.; KRÜGER, H.: Kombination erwünschter Eigenschaften durch Kreuzung von bitterem und süßem Fenchel. GFP, 09.-10.12.2000 Bonn, Vortrag
- PETERKA, H.; BUDAHN, H.; SCHRADER, O.: Development of alloplasmic leek (*Allium ampeloprasum*) by interspecific hybridization. 3rd Int. Symp. on Edible Alliaceae, 30.10.2000 Athens, University of Georgia, USA, Vortrag
- PETERKA, H.; BUDAHN, H.; SCHRADER, O.: Induction of male sterility in leek. Beijing Vegetable Research Centre, 16.05.2000 Peking, China, Vortrag
- SCHOLZE, P.: Einsatz von Rassenmischungen zur Bewertung der Resistenz gegen Kohlhernie (*Plasmodiophora brassicae* Wor.), 52. Deut. Pflanzenschutztagung, 09.-12.10.2000 Freising, Vortrag
- SCHOLZE, P.: Zur Rassenproblematik bei Kohlhernie. Vortragstagung 17.03.2000 AK Mykologie der Deut. Phytomed. Gesellschaft, Aschersleben, Vortrag
- SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.: Resistenzreaktionen in somatischen Hybriden bei Brassicaceen gegenüber Pilzkrankheiten und TuMV. Tagung der GFP und GPZ, 21.06.2000 Quedlinburg, Vortrag
- SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.: Expression of resistance to fungal diseases and turnip mosaic virus in somatic hybrids. ISHS Brassica 2000, 3rd Int. Symp. on Brassicas, 05.-09.09.2000 Warwick, Wellesbourne, Großbritannien, Poster
- SCHOLZE, P.; MALORNY, M.; DIPPE, R.: Clubroot (*Plasmodiophora brassicae*). On the problem of using single race populations or mixtures of them in resistance tests. ISHS Brassica 2000, 3rd Int. Symp. on Brassicas, 05.-09.09.2000 Warwick, Wellesbourne, Großbritannien, Vortrag
- SCHRADER, O.; AHNE, A.; BUDAHN, H.; PETERKA, H.: Multiple fluorescence *in situ* hybridization in karyotype analysis of onion, leek and their hybrids. 8. Arbeitstagung der AG Molekulare Marker der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V., 28.-29.09.2000 Universität Kiel, Poster
- SCHRADER, O.; AHNE, A.; BUDAHN, H.; PETERKA, H.: Multiple fluorescence *in situ* hybridization in karyotype analysis of onion, leek and their hybrids. 3rd Int. Symp. on Edible *Alliaceae*, 29.10.-03.11.2000 Athens, University of Georgia, USA, Poster
- SCHRADER, O.; BUDAHN, H.; AHNE, R.; PETERKA, H.: Cytogenetic and molecular analysis of somaclonal variants in an *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* hybrid. Mendel Centenary Congress (5. GPZ-Tagung), 07.-10.03.2000 Brno, Tschechien, Poster
- SCHUMANN, G.: Crop improvement utilizing biotechnology. Hue University of Agriculture and Forestry, 11.01.2000 Hue, Vietnam, Vortrag
- SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.; NEUMANN, M.: Applications of biotechnology in the breeding research of horticultural crops. Vegetable Research Institute of Guangdong, Academy of Agricultural Sciences in Guangzhou, 06.04.2000 Guandong, China, Vortrag
- SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.; NEUMANN, M.: Methods and strategies of breeding research in the Institute of Horticultural Crops. Biotechnology Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, 08.04.2000 Kunming, China, Vortrag
- SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.: Strategies and research activities in the Institute of Horticultural Crops. Department of Genetics, Plant Breeding and Seed Production of the Agricultural University of Cracow, 06.06.2000 Krakau, Polen, Vortrag
- SCHUMANN, G.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; KRÄMER, R.; SCHOLZE, P.: Somatic cell fusion in the genus *Brassica* - a tool for transfer of resistance. Vietnam National University of Ho Chi Minh City, 14.01.2000 Saigon, Vietnam, Vortrag
- SCHUMANN, G.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; KRÄMER, R.; SCHOLZE, P.; MARTHE, F.: Improvement of *Brassica oleracea* by transfer of resistance genes from related species via somatic hybridization. Department of Genetics, Plant Breeding and Seed Production of the Agricultural University of Cracow, 06.06.2000 Krakau, Polen, Vortrag

- SCHUMANN, G.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; NEUMANN, M.: Asymmetric protoplast fusion in brassicas as a means to broaden the gene pool with disease resistance. Vegetable Research Institute of Guangdong, Academy of Agricultural Sciences in Guangzhou, 06.04.2000 Guandong, China, Vortrag
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: A genetic map of *Papaver somniferum* L. based on molecular and morphological markers. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal Plants, 11.-16.07.2000 Chania, Griechenland, Vortrag
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: Characterization of low-morphine poppy types, *Papaver somniferum* L., 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000 Chania, Kreta, Griechenland, Poster
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: Genetic linkage map of carrot (*Daucus carota* L.), 28th Int. Carrot Conference, 27.-30.08.2000 Pasco, USA, Vortrag
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: Two genetic linkage maps of carrot (*Daucus carota* L.). Carrot conference Australia, 24.-28.10.2000 Perth, Australien, Poster
- STRAKA, P.; NOTHNAGEL, T.: Two genetic linkage maps of carrot, *Daucus carota* L., "Molekulare Marker und transgene Pflanzen in der Pflanzenzüchtung", 8. Arbeitstagung der AG Molekulare Marker der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V., 28.-29.09.2000 Kiel, Poster
- YANG, X.; RYSCHKA, U.; KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.; MARTHE, F.; KRÄMER, R.; SCHOLZE, P.: Somatische Hybridisierung bei Gemüseformen von *Brassica* - Einfluß von UV-Strahlen, IAPTC-Tagung, 05.-07.10.2000 Bonn, Poster

## Institut für Qualitätsanalytik

### Institute of Quality Analysis

Quedlinburg

- FELDHEIM, W.; SCHULZ, H.; NIMMANIT, S.; WISKER, E.: Altersabhängige Variation der Catechinprofile in unfermentierten Teeblättern (*Camellia sinensis* L.). Deutsche Gesellschaft für Qualitätsforschung (DGQ), 20.-21.03.2000 Karlsruhe, Poster
- HOBERG, E.; ULRICH, D.; HELD, C.: Sensory characterization of asparagus breeding material by non-dominant odour sensations. 6th Wartburg Aroma Symp., 10.-12.04.2000 Eisenach, Vortrag
- HOBERG, E.; ULRICH, D.; KRÜGER, E.; SCHÖPPLEIN, E.: Effect of irritation on strawberry flavour quality. 4th Int. Strawberry Symp., 10.-14.07.2000 Tampere, Finnland, Vortrag
- KRÜGER, H.: Wirkstoffscreening in Umbelliferen. 6. Int. Fachkongress für nachwachsende Rohstoffe, 05.-06.06.2000 Magdeburg, Vortrag
- KRÜGER, H.: Zur Analytik der Variabilität von Sekundärstoffen in Arznei- und Gewürzpflanzen. Kolloquium am Institut für organische Chemie der Universität Leipzig, 03.11.2000 Leipzig, Vortrag
- KRÜGER, H.; WETZEL, S. B.; ZEIGER, B.: The chemical variability of *Ocimum* species. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000 Chania, Kreta, Griechenland, Poster
- QUILITZSCH, R.: Nah-Infrarot-Spektroskopie (NIRS) - Grundlagen und Anwendungsmöglichkeiten in der Züchtung. 4. GPZ-Saatzuchttechniker-Seminar, Kongresszentrum des Klinikums Quedlinburg, 25.02.2000 Quedlinburg, Vortrag
- SCHÖPPLEIN, E.; KRÜGER, E.; RECHNER, A.; HOBERG, E.: Analytical and sensory quality of strawberry cultivars. 4th Int. Strawberry Symp., 10.-14.07.2000 Tampere, Finnland, Vortrag
- SCHULZ, H.: Anwendung IR-spektroskopischer Methoden bei der Qualitätsbeurteilung von Medizinal- und Gewürzpflanzen. Seminarveranstaltung der Fachhochschule Aachen, FB Chemie und Biotechnik, 15.-16.10.2000 Aachen, Vortrag
- SCHULZ, H.: Aufbau eines NIRS-Netzwerkes für Medizinal- und Gewürzpflanzen. 4. GPZ-Saatzuchttechniker-Seminar, Kongresszentrum des Klinikums Quedlinburg, 25.02.2000 Quedlinburg, Vortrag
- SCHULZ, H.: Einsatzmöglichkeiten der Infrarot- und Raman-Spektroskopie in der Pflanzenanalytik. Winterseminar der Firma DRAGOCO, 09.-10.02.2000 Holzminden, Vortrag

- SCHULZ, H.: Einsatzmöglichkeiten infrarotspektroskopischer Methoden beim Anbau und bei der Züchtung von Medizinal- und Gewürzpflanzen. Anbauschulung Heil- und Gewürzpflanzen des Zentralinstitutes Arzneimittelforschung GmbH (ZA), 23.02.2000 Bad Neuenahr – Ahrweiler, Vortrag
- SCHULZ, H.: Etablierung einer breiten Anwendung der Festphasen-Mikroextraktion-Gaschromatographie (SPME-GC) im pharmazeutischen Bereich. Sitzung des FAH-Arbeitskreises "Analytik/Hygiene" und "Galenik", 12.12.2000 Bonn, Vortrag
- SCHULZ, H.; KRÜGER, H.: Rapid SPME-GC analysis of volatile secondary metabolites in various wild species of the genus *Allium*. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000 Chania, Kreta, Griechenland, Poster
- SCHULZ, H.; KRÜGER, H.; HERCHERT, N.; KELLER, E. R. J.; KEUSGEN, M.: Charakterisierung von *Allium*-Bastarden auf Basis der Aromaprofile. Deut. Gesellschaft für Qualitätsforschung (DGQ), 20.-21.03.2000 Karlsruhe, Poster
- SCHULZ, H.; KRÜGER, H.; KEUSGEN, M.: Verteilung der Aromastoffe sowie der entsprechenden Präkursoren in interspezifischen *Allium*-Hybriden. Deut. Lebensmittelchemikertag 2000, 11.-13.09.2000 Stuttgart-Hohenheim, Poster
- SCHULZ, H.; STEUER, B.; KRÜGER, H.: Aufbau eines NIRS-Netzwerkes für Medizinal- und Gewürzpflanzen. NAROSSA 2000, 04.-06.06.2000 Magdeburg, Vortrag
- STEUER, B.; SCHÜTZE, W.; QUILITZSCH, R.; SCHULZ, H.: Einsatzmöglichkeiten mobiler NIR-Spektrometersysteme zur Qualitätsanalyse ausgewählter Modellpflanzen im Feldeinsatz. Vortragsveranstaltung der Adalbert-Raps-Stiftung, 23.-24.11.2000 Wirsberg, Vortrag
- STEUER, B.; SCHÜTZE, W.; SCHULZ, H.; JOUBERT, E.: Analytische Charakterisierung des Fermentationsprozesses von Rooibos-Tee (*Aspalathus linearis*). Deut. Gesellschaft für Qualitätsforschung (DGQ), 20.-21.03.2000 Karlsruhe, Poster
- STEUER, B.; SCHULZ, H.: Aufbau eines NIR-Netzwerkes für Heil- und Gewürzpflanzen, Extrakte und ätherische Öle. Analytic Conference 2000, 11.-14.04.2000 München, Poster
- STEUER, B.; SCHULZ, H.; KRÜGER, H.: Praktische Vorgaben für den NIRS-Netzwerkaufbau aus den bisherigen Erfahrungen bei der NIRS-Analyse von Heilpflanzen. 3. NIRS-Food-Symposium, 04.07.2000 Universität Bonn, Vortrag
- STEUER, B.; SCHULZ, H.; KRÜGER, H.; SCHÜTZE, W.: NIRS-Netzwerk für Arznei- und Gewürzpflanzen. Sitzung des FAH-Arbeitskreises "Analytik/Hygiene" und "Galenik", 12.12.2000 Bonn, Vortrag
- ULRICH, D.: Der 4. Sinn - Was uns Gerüche verraten. Staatliche Weiterbildung der Lehrer, 07.03.2000 Sekundarschule Zerbst, Vortrag
- ULRICH, D.; HOBERG, E.: Flavour improvement in fruit and vegetables through plant breeding. 6th Wartburg Aroma Symposium, 10.-13.04.2000 Eisenach, Vortrag
- ULRICH, D.; HOBERG, E.: Verbesserung der sensorischen Qualität von Spargel. NAROSSA 2000, 6. Int. Messe und Fachkongress für nachwachsende Rohstoffe, 04.-06.06.2000 Magdeburg, Poster
- ULRICH, D.; SCHULZ, H.; SANDKE, G.; FALLIK, E.; RODOV, V.; HOREV, B.; COPEL, A.; TUVIA-ALKALAI, S.: Evaluation of quality parameters in strawberry during cultivation and postharvest processes. Postharvest 2000, 26.-31.03.2000 Jerusalem, Israel, Poster
- WETZEL, S. B.; KRÜGER, H.; HAMMER, K.; BACHMANN, K.: Investigations on morphological, biochemical and molecular variability of used *Ocimum* L. species. 2nd Int. Symp. Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants, 11.-16.07.2000 Chania, Kreta, Griechenland, Vortrag



Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof  
Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof  
Siebeldingen

- BORNHOFF, B.-A.; HARST, M.; ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R.: *Agrobacterium tumefaciens*-mediated genetic transformation and regeneration of different explants of *Vitis vinifera*. 6th Int. Symp. on Grapevine Physiology and Biotechnology, 11.-15.06.2000 Heraklion, Kreta, Griechenland, Poster
- BORNHOFF, B.-A.; HARST, M.; ZYPRIAN, E.; TÖPFER, R.: Transformation und Regeneration von Gewebeexplantaten der Rebe (*Vitis vinifera* L.). Tagung der deutschen Sektion der "International Association for Plant Tissue Culture" (IAPTC), 05.-07.10.2000 Bonn, Vortrag
- DETTWEILER, E.; JUNG, A.: Die Bedeutung alter Landsorten. Gesprächsrunde mit Weinprobe am Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof, 27.01.2000 Siebeldingen, Vortrag
- DETTWEILER, E.; THIS, P.: Results from Genres 081 regarding the use of a common set of microsatellite markers. Expertengruppe Rebenzüchtung des Office International de la Vigne et du Vin, Paris, 07.03.2000 Paris, Vortrag
- DETTWEILER, E.; THIS, P.: The European network for grapevine genetic resources conservation and characterization. Int. Conference "Prospects for Viticulture and Enology", 22.-24.11.2000 Zagreb, Kroatien, Vortrag
- DETTWEILER, E.; THIS, P.; EIBACH, R.: The European network for grapevine genetic resources conservation and characterization. 80. Generalversammlung des internationalen Weinamtes (OIV) und 25. Weltkongress Rebe und Wein, 19.-23.06.2000 Paris, Vortrag
- EIBACH, R.: Aktueller Stand der Rebenzüchtung und Ausblick. 44. Rebenzüchtertagung, 15.09.2000 Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof, Vortrag
- EIBACH, R.: Gentechnik in der Rebenzüchtung - aktueller Stand. 20. Sitzung des Arbeitskreises Phytopharmakologie der Deut. Phytomedizinischen Gesellschaft, 17.02.2000 Schwabenheim, Cyanamid-Forschung GmbH, Vortrag
- EIBACH, R.: Stand und Perspektiven der Resistenzzüchtung. Weinbauarbeitskreis Stromberg und Enztal, 10.03.2000 Roßwag, Vortrag
- EIBACH, R.: Stand und Perspektiven der Resistenzzüchtung unter Einbeziehung der Gentechnik. Weinbauarbeitskreis Mittl. Tauber- und Vorbachtal, 14.11.2000 Laudenbach, Vortrag
- FISCHER, B.; SALAKHUTDINOV, I.; KORTEKAMP, A.; TÖPFER, R.; ZYPRIAN, E.: Kartierung der Weinrebe, QTL-Analyse und Charakterisierung der Resistenz gegen *Plasmopara viticola*. 8. Tagung der AG Molekulare Marker der GPZ, 28.-29.09.2000 Kiel, Poster
- FISCHER, B.; SALAKHUTDINOV, I.; KORTEKAMP, A.; TÖPFER, R.; ZYPRIAN, E.: Characterization of *Plasmopara viticola* resistance in grapevine. 6th Int. Symp. on Grapevine Physiology and Biotechnology, 11.-15.06.2000 Heraklion, Kreta, Griechenland, Vortrag
- TÖPFER, R.: Biotechnologie und ihre Perspektive für den Pflanzenbau. Festvortrag anlässlich der Preisverleihung der Rudolf Hermanns Stiftung, 21.07.2000 Forschungsanstalt Geisenheim, Vortrag
- TÖPFER, R.: Gentechnik bei Weinreben. 39. Arbeitstagung des Forschungsrings des Deut. Weinbaues bei der DLG, Arbeitskreis Rebenzüchtung, Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt der Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau, 06.04.2000 Oppenheim, Vortrag
- TÖPFER, R.: Neue Entwicklungen in der Rebenzüchtung. Bundesforschungsanstalt für Holzwirtschaft, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzzüchtung, 13.06.2000 Großhansdorf, Vortrag
- TÖPFER, R.; Riesling mit dem Prädikat "gentechnisch verändert" - Gentechnik im Weinbau. Evangelische Akademie der Pfalz, 22.01.2000 Geilweilerhof, Vortrag

# XI. Lehrtätigkeit

## Academic Teaching

---

### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

Universität Hamburg	Prof. Dr. habil. W. Preil	„Grundlagen der Zell- und Gewebekultur“, Vorlesung
Universität Hannover	PD Dr. habil. T. Debener	„In-vitro-Kultur und Molekularbiologie“, Praktikum
Universität Hannover	Prof. Dr. habil. J. Grunewaldt	„Spezielle Gartenbauliche Pflanzenzüchtung“, Vorlesung
Universität Kiel	Prof. Dr. habil. J. Grunewaldt	„Zell- und Gewebekulturtechniken in der Pflanzenproduktion“, Vorlesung

### Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

Technische Universität Dresden	Dr. habil. V. Hanke	„Biotechnologie bei Pflanzen“, Vorlesung
Hochschule für Technik und Wirtschaft Dresden	Dr. habil. V. Hanke	„Grundlagen der 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 Analysenmethoden", Vorlesung
Universität Rostock	Dr. H.-U. Jürgens	"Biotechnologie bei Pflanzen - Biochemische, physikalische und chemische Analysenmethoden", Vorlesung
Universität Rostock	Dr. S. Seddig	"Biotechnologie bei Pflanzen - Markergestützte Selektion", Vorlesung
Universität Rostock	Dr. C. Balko	"Biotechnologie bei Pflanzen - In-vitro-Techniken, Vorlesung
Universität Rostock	Dr. C. Wegener	"Biotechnologie bei Pflanzen - Genisolation und -transformation", Vorlesung

Institut für Qualitätsanalytik  
Institute of Quality Analysis  
Quedlinburg

Technische Universität  
Braunschweig

Dr. H. Schulz

„Chemie und Technologie von Obst und Gemüse“,  
Vorlesung

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof  
Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof  
Siebeldingen

Universität Gießen

Dr. habil. R.. Töpfer

„Gentechnik in der Pflanzenzüchtung“, Vorlesung

Universität Hohenheim

Dr. habil. H. Düring

„Weinbau in den Tropen und Subtropen“, Vorlesung  
„Wasserhaushalt und Gaswechsel der Rebe“, Praktikum  
„Biologie der Kulturpflanze“, Großpraktikum

Universität Karlsruhe

Dr. E. Zyprian  
„Zellbiologisches Praktikum“

„Grundlagen der Molekularen Genetik“, Vorlesung

## **XII. Gastwissenschaftler - Ausland**

### **Foreign Guest Scientists**

---

#### **Institut für Zierpflanzenzüchtung** **Institute of Ornamental Plant Breeding** **Ahrensburg**

Raul Barbón-Rodriguez	Instituto de Biotechnologica de las Plantas, Santa Clara, Cuba, 01-03/2000
Dr. Dae-Hoe Goo	Nat. Hort. Res. Institute, Suwon-City, Korea, 06-07/2000
Hassan Khattab	Dept. of Horticulture, Suez Canal University, Ismailia, Ägypten, 04-12/2000

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

Dr. Alexander Berestetski	All-Russian Research Institute for Plant Protection, St. Petersburg, Russia, 02/2000-02/2001
Dr. Jordanca Georgieva	Bulgarische Akademie der Wissenschaften Sofia, Institut für Genetik, Sofia, Bulgarien, 07-09/2000
Dr. Rimute Mackinaite	Institute of Botany, Vilnius, Litauen, 11/2000
Dr. J. Matousek	Institut für Pflanzliche Molekularbiologie, Ceske Budejovice, Tschech. Republik, 02/2000
Dr. Jaroslav Matousek	Institut Pflanzl. Molekularbiologie, Budweis, Tschech. Rep., 04/2000
Dr. Yiyun Qi	Universität Hangzhou, Hangzhou, VR. China, 06- 09/2000
Dr. Rossitza Rodeva	Bulgarian Academy of Sciences, Institute of Genetics "Acad. D. Kostoff", Sofia, Bulgaria, 11/2000
Dr. Elena Sukhacheva	Shemyakin & Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia, 03-04/2000
Ilona Wolff	Institut für Pflanzliche Molekularbiologie, Ceske Budejovice, Tschech. Republik, 02/2000
Prof. Dr. Xueping Zhou	Institut für Biotechnologie, Zhejiang Universität Hangzhou, Hangzhou, China, 09-10/2000

#### **Institut für Epidemiologie und Resistenz** **Institute of Epidemiology and Resistance** **Aschersleben**

Prof. Dr. Olga Afanasenko	All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland, 11-12/2000
Mr. Wolfgang Haufe	European Trade and Investment Consultant, Manitoba Industry and Trade, The Hague, The Netherlands 09/2000
Dr. Digvir S. Jayas	The University of Manitoba, Faculty of Agricultural and Food Sciences, Winnipeg, Canada, 09/2000
Prof. Dr. Roger Jones	Agriculture Western Australia, Bentley Delivery Centre, Australien, 07/2000
Dr. Rossitza Krasteva	Institute of Genetics, Bulgarian Academy of Sciences, Sofia, Bulgarien, 01-10/2000

Dr. Kucera	Research Institute of Crop Production Prague-Ruzyně, Czech Republic, 04/2000
Douglas McCartney	Health Biotechnology Sector, Manitoba Industry and Trade, Winnipeg, Canada, 09/2000
Dr. Nina Mironenko	All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland, 11/2000
Dr. Novakova	Research Institute of Crop Production Prague-Ruzyně, Czech Republic, 04/2000
Dr. Ovesna	Research Institute of Crop Production Prague-Ruzyně, Czech Republic, 04/2000
Dr. Richard Pickering	Crop & Food Research, Christchurch, New Zealand, 08/2000
Dr. K. Sato	Research Institute for Bioresources Okayama University, Japan, 05/2000
Dr. Sip	Research Institute of Crop Production Prague-Ruzyně, Czech Republic, 04/2000
Dr. Violeta Sotirova	Institute of Genetics, Sofia, Bulgaria, 08/2000
Allen Sturko	Agricultural Biotechnology Sector, Manitoba Industry and Trade, Winnipeg, Canada, 09/2000
Dr. David Teulon	Cop & Food Research Christchurch, Christchurch, New Zealand, 09-10/2000
Amara Traisiri	Nakhon Sawan Field Crops, Research Center, Tak-Fa, Nakhon Sawan, Thailand, 08/2000

## Genbank Gene Bank Braunschweig

Dr. J. Carman	Utah State University, Logan, USA, 05/2000
Dipl.-Ing. agr. Rafiqul Islam	Bangla Desh, 04-10/2000
Dr. Igor Loskutov	Vavilov Institut, St. Petersburg, Russland, 12/2000

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden-Pillnitz

Dr. Jonas Apostol	Bilaterales Projekt Ungarn/Deutschland, Research Institute for Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, 07/2000
Geza Bujdosó	Bilaterales Projekt Ungarn/Deutschland, Research Institute for Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, 07/2000 / 09-10/2000
Beatriz Pintos	I.A.I.A., Madrid, Spanien, 02/2000

## Institut für landwirtschaftliche Kulturen Institute of Agricultural Crops Groß Lüsewitz

Prof. Chao-xi Dai	Gansu Agricultural University, Lanzhou, Ganzu, China, 09/2000
Dipl.-Biol. Ioana Dinu	Potato Research Institute, 2200 Brasov, Rumänien, 03-09/2000
Dipl.-Biol. Ioana Dinu	Potato Research Institute, 2200 Brasov, Rumänien, 10-12/2000

Dr. Tatjana Gavrilenko N. I. Vavilov Institute of Plant Industry, 190000 St. Petersburg, Rußland,  
01-07/2000

Paul Johnston New Zealand Institute for Crop and Food Research, Christchurch, New Zealand,  
08/2000

Dr. Youping Wang Sichuan University, Chengdu, China, 01/2000-12/2001

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

Prof. Chao-Xi Dai Dept. of Agronomy, Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu, China,  
09/2000

Jiménez Felipe Instituto de Biotecnología de Las Plantas, Santa Clara, Kuba, 10/2000

Prof. Lim Hak-Tae Kangwon National University, Division of Applied Plant Sciences, Chuncheon,  
Korea, 05/2000

Endale Gebre Kedisso Ethiopian Agricultural Research Organisation, Holetta Agricultural Research Center,  
Addis Abeba, Ethiopia 12/2000

## Institut für Resistenzgenetik Institute of Resistance Genetics Grünbach

Dr. Roumyana Todorova Bulgarian Academy of Sciences, Institute of Genetics, Sofia, Sofia, Bulgarien,  
08-09/2000

## Institut für gartenbauliche Kulturen Institute of Horticultural Crops Quedlinburg

Magdi Ali Ahmed Department of Horticulture, University of Asyut, Asyut, Ägypten, 11-12/2000

Anastasia Boudishevskaya All-Russian Research Institute of Phytopathology, 143050 Golitzino,  
Moscow region, Rußland, 10/2000-02/2001

Li Li Beijing Vegetable Research Centre, Beijing, China, 05-12/2000

Pham Thi Ly Thu Institute of Agricultural Genetics Tuliem, Hanoi, Vietnam, 05-12/2000

Dang Thi Van Research Institute of Vegetables and Fruits Department of Biotechnology, Hanoi,  
Vietnam, 12/2000

Zheng Xiaoying Beijing Vegetable Research Centre, Beijing, China, 05-07/2000

Xiao Yang Institute of Oil Crops of Agricultural Science, Jinzhuzhen, Guiyang, China,  
10/1997-10/2000

Assist. Prof. Jian Yuancai Beijing Vegetable Research Centre, Beijing, China, 01-02/2000

Assist. Prof. Jian Yuancai Beijing Vegetable Research Centre, Beijing, China, 11-12/2000

## Institut für Qualitätsanalytik Institute of Quality Analysis Quedlinburg

Simona Elementi University of Bologna, Faculty of Agricultural Sciences, Food Science and Tech-  
nology Laboratory, Cesena, Italien, 07-11/2000

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof  
Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof  
Siebeldingen

Prof. Dr. Temur Ortoidze

Institut für Garten- Weinbau und Kellerwirtschaft, Tiflis, Georgien, 06-08/2000