

Keimblättern unter höheren Temperaturen festgestellt werden, wobei weder ein Gewebekollaps noch eine Sporulation des Pilzes beobachtet wurde. Interessanterweise kann die Majorgenresistenz die Befallsstärke am Stängelgrund signifikant reduzieren. Die Resistenz am Stängelgrund in Caiman beruht vor allem auf dem Majorgen *Rlm7*, wohingegen die Stängelgrundresistenz in Uluru hauptsächlich auf der quantitativen Resistenz beruht. Auch unter erhöhten Temperaturen (27 °C) blieb die Stängelgrundresistenz bestehen.

Literatur

- FITT, B.D.L., H. BRUN, M. J. BARBETTI, S. R. RIMMER, 2006: World-wide importance of phoma stem canker (*Leptosphaeria maculans* and *L. biglobosa*) on oilseed rape (*Brassica napus*). Eur J Plant Pathol **114**, 3-15.
- ROUXEL T., A. PENAUD, X. PINOCHET, H. BRUN, L. GOUT, R. DELOURME, J. SCHMIT, M. H. BALESSENT, 2003: A ten-year survey of populations of *Leptosphaeria maculans* in France indicates a rapid adaptation towards the Rlm1 resistance gene in oilseed rape. Eur J Plant Pathol **109**, 871-81.
- SPRAGUE S.J., S. J. MARCROFT, H. L. HAYDEN, B. J. HOWLETT, 2006: Major gene resistance to blackleg in *Brassica napus* overcome within three years of commercial production in southeastern Australia. Plant Dis **90**, 190-8.

44-5 - Anfälligkeit von Raps -Resynthesen und -Sorten auf den Rapsstängelrüssler (*Ceutorhynchus napi* Gyll.) Befall – potentielle Resistenzfaktoren

Susceptibility of resynthesized lines and cultivars of oilseed rape on rape stem weevil (Ceutorhynchus napi Gyll.) infestation – potential plant traits responsible for resistance

Heike Schäfer-Kösterke, Bernd Ulber

Georg-August Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Agrarentomologie, Grisebachstraße 6, 37077 Göttingen, Germany

Crops of oilseed rape (*Brassica napus* L.) require multiple insecticide applications for pest control each year. Genetic host plant resistance might provide a promising alternative to the extensive use of chemical plant protection products. Eight *B. napus* genotypes showing a broad genetic variability (resynthesized lines, cultivars) were evaluated for resistance to rape stem weevil, *Ceutorhynchus napi* Gyll. (Col., Curculionidae), a major pest of winter oilseed rape, in a field trial with four replicated plots of each genotype in 2012/2013. The number of eggs and larvae within the stem pith of genotypes was recorded from plant samples collected at weekly intervals across the infestation period in April and May 2013. Plant genotype significantly affected the infestation by rape stem weevil. On several sampling occasions, the number of eggs and larvae per main stem significantly differed between the tested genotypes. The resynthesized line S30 showed the lowest number of eggs over the entire infestation period of rape stem weevil. In samples of April 29th, at the peak of egg abundance, S30 (= 0.80 eggs / main stem) showed a significantly lower number of eggs than the resynthesized lines H113 (= 6.60 eggs / main stem) and H30 (= 6.60 eggs / main stem) and the cultivar Sollux (11.35 eggs / main stem). The low number of eggs in S30 indicated antixenosis resistance in this line. Larval instars of rape stem weevil were also affected by the tested genotypes. Development time of larvae within S30 was significantly delayed compared to H30, while the larval development in Sollux did not differ from other genotypes. The delayed development of larvae in S30 indicated antibiosis resistance in this line. Stem length was significantly negative correlated with the number of eggs during the oviposition period. Stem biomass, nitrogen content in stems and the glucosinolate profile of uninfested stems were assessed in all genotypes as potential plant traits responsible for resistance. Stem biomass and nitrogen status in stems showed no clear relationship to the number of deposited eggs. The multivariate Partial Least Squares - Discriminant Analysis indicated that the glucosinolate profile of uninfested stems differed between the tested genotypes (PLS-DA, 39.70 % axis 1, 32.67 % axis 2). The resynthesized line S30 showed the lowest total glucosinolate content, while the (++) cultivar Sollux showed the highest total glucosinolate content. Because of the contrasting glucosinolate contents, glucosinolate profiles were related with the number of eggs in samples of April 29th (peak of egg abundance) by using the multivariate Partial Least Squares Regression. The multivariate PLSR

indicated that the number of eggs correlated positively with the content of the glucosinolates glucoalyssin, glucobrassicinapi, glucobrassicin, neoglucobrassicin and nasturtiin (PLSR, 48.58 % axis 1, 2.59 % axis 2).

Resynthesized line S30 can provide a potential source of resistance for breeding of winter oilseed rape with resistance to rape stem weevil. Stem length can affect the host plant acceptance, while stem biomass and nitrogen content in stems did not seem to be key plant traits affecting the host plant acceptance by rape stem weevil at any specific sampling occasion. Our study indicates that host plant acceptance by rape stem weevil can be stimulated by individual stem glucosinolates. Further experiments are needed to analyze the relationship between individual glucosinolates and the oviposition preference of rape stem weevil and to determine mechanisms responsible for resistance.

44-6 - Zweijähriges Rassen-Monitoring von *Exserohilum turcicum* in europäischen Maisanbaugebieten

Two-year race monitoring for Exserohilum turcicum in European maize growing regions

Hendrik Hanekamp, Andreas von Tiedemann, Birger Koopmann

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

Die Turcicum Blattdürre, verursacht durch den pilzlichen Erreger *Exserohilum turcicum*, gehört in Europa zu den ertragsrelevantesten Blattkrankheiten im Maisanbau. Eine Sammlung von *E. turcicum* Isolaten wurde auf ihre Virulenzeigenschaften und auf die regionale Verteilung von virulenten Rassen in den wichtigsten europäischen Maisanbaugebieten untersucht. Die Isolate wurden über zwei Jahre (2011 und 2012) in zehn verschiedenen Ländern von 140 verschiedenen Standorten gesammelt. Insgesamt wurden bisher 409 *E. turcicum* Isolate untersucht, 269 Isolate aus dem Jahr 2011 und 140 aus 2012. Die Rassenbestimmung wurde an Hand der Befallsreaktionen nach Ganzpflanzeninokulation auf einem Differentialset von fünf nah-isogenen Maisinzuchtlinien vorgenommen. Das Differentialset besteht aus den Linien B37, B37-Ht1, B37-Ht2, B37-Ht3 und B37-HtN. Es konnten zehn der 16 möglichen Rassen beschrieben werden. Für jedes der verwendeten Resistenzgene wurden virulente Isolate nachgewiesen, welche zum Teil regional stark begrenzt auftreten. Die vier am häufigsten beschriebenen Rassen sind in beiden Jahren die Rassen 0, 1, 3 und 3N. Die relativen Anteile der bedeutendsten Rassen variieren jedoch zwischen den Jahren. Im Jahr 2011 konnten mit den Rassen 0, 1, 3, 3N, 2, 123, 23, 13, 23N und 12 zehn der 16 möglichen Rassen beschrieben werden. Im Jahr 2012 wurden bisher die Rassen 0, 1, 3, 3N, 23N und 2 beschrieben. In beiden Jahren sind Rasse 0 Isolate, die sich avirulent gegenüber den getesteten Resistenzgenen verhalten, mit 50% in 2011 und 37% in 2012 vorherrschend. Die drei virulenten Rassen 1, 3 und 3N nehmen mit zusammen 42% den größten Teil der untersuchten Isolate in 2011 ein. Im Jahr 2012 decken diese drei Rassen 59% des beschriebenen Rassenspektrums ab. In den nördlichen, küstennahen Regionen mit hohen Maisanteilen in der Fruchtfolge (Nordwestdeutschland, Normandie/Bretagne) liegt der Anteil der avirulenten Isolate in beiden Jahren bei über 70%. In der Oberrheinregion, mit einem traditionell hohen Maisanteil, dominierten im Jahr 2011 Isolate mit einer Virulenz für Ht1 mit einem Anteil von über 50%. Die Isolate aus den Maisanbaugebieten in Südwestfrankreich und dem Inntal in Süddeutschland bzw. Österreich sind je mit einer Häufigkeit von 30% virulent auf Ht1 und Ht3. In der südfranzösischen Region sind zudem 25% der Isolate virulent auf HtN, was ein Alleinstellungsmerkmal für diese Region in Europa darstellt. Vor dem Hintergrund dieser Informationen wird deutlich, dass regional bereits Wirksamkeitsverluste einzelner Resistenzgene auftreten, insbesondere für das Resistenzgen Ht1 in der Oberrheinregion. Für die Vermeidung von Epidemien durch die Turcicum Blattdürre ist es daher wichtig diverse monogene Resistenzen in der Maiszüchtung zu berücksichtigen und zudem quan-