indicated that the number of eggs correlated positively with the content of the glucosinolates glucoalyssin, glucobrassicanapi, 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-*Ht*1, B37-*Ht*2, B37-*Ht*3 und B37-*Ht*N. 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 *Ht*1 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 *Ht*1 und *Ht*3. In der südfranzösischen Region sind zudem 25% der Isolate virulent auf *Ht*N, 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 *Ht*1 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-

titative Resistenzen in den Zuchtprogrammen zu nutzen, um die Überwindung der monogenen Resistenzen zu bremsen.

44-7 - Smart breeding und Nutzung des Genpools von Wildarten zur Verbesserung der Krankheitsresistenz von Kartoffeln

Smart breeding and exploitation of the genepool from wild species for the improvement of disease resistance in potato

Janine König, Marion Nachtigall[2], Ramona Thieme[2], Jörg Schubert

Julius Kühn-Institut, Institut für die Sicherheit biotechnologischer Verfahren bei Pflanzen
[2]Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen

Die Kartoffel ist eine Kulturart mit vielfältigen Verwendungsmöglichkeiten sowie hohem Wertschöpfungspotential. Das JKI leistet einen Beitrag zu ihrer kontinuierlichen züch-terischen Verbesserung, wobei besondere Aufmerksamkeit auf die erhöhte Widerstandskraft gegen Krankheiten und Schädlinge gelegt wird. Bedeutsame Schaderreger der Kartoffel sind das Kartoffelvirus Y (*potato virus* Y, PVY) und der Oomycet *Phytophthora infestans* (Pi), der Erreger der Kraut- und Knollenfäule. Um das Resistenzniveau gegen diese Phyto-pathogene nachhaltig zu verbessern und eine dauerhafte Resistenz zu gewährleisten, müssen sowohl die genetische Basis der Kulturkartoffel durch die Überführung von Resistenzgenen aus dem umfangreichen Wildkartoffel-Genpool erweitert als auch bereits genutzte Resistenzgene pyramidisiert werden. Dazu werden Kreuzungsnachkommen mit co–dominanten Markern auf das Vorhandensein putativer Resistenzgene getestet und anschließend auf epistatische bzw. additive Effekte in ihrem Resistenzverhalten untersucht.

Abb. 1 Die diploide Wildart *Solanum tarnii* aus der Serie *Pinnatisecta* mit Inkompatibilität zur Kulturkartoffel

Die mexikanische Wildart *Solanum tarnii* Hawkes *et* Hjerting (Abb. 1) wurde durch Nachweis einer extremen PVY-Resistenz als relevante Genressource identifiziert. Eine F_2-Population wurde erzeugt, bei der ein Spaltungeverhältnis von 58 resistenten zu 22 PVY-anfälligen Linien vorliegt. Unter Anwendung der Diversity Array Technologie® (DArT) und durch den Einsatz von SSR-Markern wurde eine detaillierte genetische Karte erstellt, in der insgesamt 3.426 Marker den 12 Kopplungsgruppen zugeordnet werden konnten. Anhand dieser Karten und der entsprechenden phänotypischen Daten wurden drei Resistenzgene auf den Chromosomen III, V und XII identifiziert. Von diesen drei Kopplungsgruppen ist bisher nur auf dem Chromosom XII das Resistenzgen Ry_{sto} (Song et al. 2005) gegen PVY bekannt. In weiteren Untersuchungen sollen das Markerintervall verkürzt und diagnostische Marker abgeleitet werden, um eine markergestützte Selektion zu ermöglichen.

Literatur

Song Y.S., L. Hepting, G. Schweizer, L. Hartl, G. Wenzel, A. Schwarzfischer, 2005: Mapping of extreme resistance to PVY (Ry_{sto}) on chromosome XII using anther-culture-derived primary dihaploid potato lines. Theor. Appl. Genet. **111,** 879-887.