
Sektion 7 - Widerstandsfähigkeit gegen Schadorganismen

07-1 - Drechsler, N.¹⁾; Thieme, T.¹⁾; Shepherd, D. N.²⁾; Schubert, J.³⁾

¹⁾ BTL Bio-Test Labor GmbH Sagerheide

²⁾ Universität Kapstadt, Südafrika

³⁾ Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Jenseits von Afrika – Chancen für die Verbreitung des *Maize streak virus* in Deutschland

Out of Africa – chances for the spread of Maize streak virus in Germany

Das *Maize streak virus* (MSV, Geminiviridae) verursacht in Afrika eine der verheerendsten Maiskrankheiten und führt zu massiven Ertragsreduktionen. Dieses Virus tritt dort in der Subsahara-Region sowie auf umliegenden Inseln vom Tiefland bis in Höhen von 1800 m auf, wurde aber auch schon in Asien nachgewiesen. Es befällt neben Mais ungefähr 80 weitere Arten der Poaceae, darunter Zuckerrohr, Weizen, Reis, Hirse und Hafer. Vektoren sind nach bisherigen Untersuchungen mehrere Arten der Zikadengattung *Cicadulina*.

Im Rahmen der prognostizierten Klimaerwärmung und einer sich ändernden Landwirtschaft ist die Frage zu stellen, ob sich dieses Virus auch in Deutschland zu einem Problem entwickeln kann. Voraussetzung hierfür wäre (1.) eine Anfälligkeit der in Deutschland vorkommenden Gräser und (2.) das Vorhandensein geeigneter Vektoren.

Da das Eindringen des MSV in Deutschland wegen der sich ständig erweiternden Anbauflächen besonders für Mais, Hirse und Miscanthus negative Folgen haben könnte, wurden erste Untersuchungen an diesen Energiepflanzen durchgeführt. Als Infektionsmethode wurde eine in Südafrika entwickelte Agroinfektion genutzt. Hierdurch kann auf den Einsatz viruliferer Zikaden verzichtet werden, die eventuell entweichen könnten. Da Agroinfektionen mit kompletten Virusgenomen nur unter S2-Bedingungen durchgeführt werden dürfen, wurde auch die Persistenz der Agrobakterien in den Pflanzen untersucht. Um eventuell resistentes Material im weiteren Zuchtprozess nutzen zu können, ist der Negativ-Nachweis eine Voraussetzung. Erste Versuche zur Transmission des MSV mit einheimischen Vektoren wurden mit der Zikadenart *Psammodettix alienus* (Auchenorrhyncha: Cicadellidae) durchgeführt, dem Vektor des nahe verwandten *Wheat dwarf virus*.

Die Ergebnisse der Resistenztests und Transmissionsversuche werden vorgestellt.

07-2 - Mainka, C.¹⁾; Ortega, V.²⁾; Schulte, M.³⁾

¹⁾ Syngenta Seeds GmbH

²⁾ Syngenta Seeds S.A.S.

³⁾ Syngenta Agro GmbH

Breeding for *Helminthosporium turcicum* leaf disease resistance in early maize

Züchtung auf Resistenz gegen Helminthosporium-Blattdürre in frühreifen Maissorten

Helminthosporium turcicum (HT) is an upcoming disease in maize in Northern Europe. For infection temperatures of 18 °C and high leaf-moisture for more than eight hours advance the infestation. In years with special conditions (2007, 2008, 2011) the fungus can be found all over Germany, but also under cooler conditions in the Netherlands, Poland, Great Britain and Denmark. Cooler conditions favor the propagation with *Kabatiella zeae* ("eye spot"), which normally common in UK, could 2011 also be found in North Germany and the Netherlands. Warmer conditions favor *Helminthosporium carbonum*.

Helminthosporium turcicum ratings are also taken in varietal registrations trials in Germany; tolerance is a relevant factor for variety registration, even though the tolerance level is not indicated in the "Beschreibende Sortenliste". To face this new challenge for early-maturity groups of maize varieties, Syngenta started 2004 to integrate the screening of HT tolerance into the breeding process.

Breeding steps in pathology sites:

- Pre-Breeding: Screening of segregating populations lines "per se" testing in disease pressure environment.
- Line Development: "Topcross"-hybrids are tested in yield trials using disease screening. Elimination of susceptible genotypes.
- Product Evaluation: Potential varieties are characterized according to their disease tolerance level.

In locations offering reliable natural infection (Inn valley, Austria/Southern Germany; West-Bretagne, France), pre-breeding populations are screened and selected for HT tolerance. By this pre-selection the tolerance level of

segregating breeding populations can be improved before top cross and yield testing. Sources of tolerance are found in later material from North America and Italy, which has been developed under high disease pressure.

For development of high-yielding variety-components (lines) the Topcross-hybrids are also tested here and susceptible material is eliminated. It is the goal to improve the general level of HT tolerance. Several races of *Helminthosporium turcicum* are present in the field. According to the presence of various races and different genetic determinism on the germplasm, it is sometimes difficult to have a clear response on genetic tolerance behavior. The best way to have a stable tolerance is considered a quantitative approach to bring to the germplasm a global good tolerance to all pathotypes. A HT race-monitoring Syngenta is doing all over Europe, in 2011 identified a difficulty: While in the past years race 1 was dominant in the region, it was mainly race 2 in 2011. This changes the general behavior of the germplasm – some tolerant maize varieties become more susceptible. But a good "vertical" tolerance keeps the infection level often below the yield-relevant level. As a consequence of this observation, Syngenta in parallel to tolerance breeding pursues an alternative approach: fungicide solutions to be applied in case the natural tolerance of varieties is unsatisfactory or suddenly overcome by new HT races.

07-3 - Linkmeyer, A.; Hausladen, H.; Hückelhoven, R.; Hess, M.

Technische Universität München

Notwendigkeit und Potential von Fusariumresistenz in deutschen Sommergerstensorten

Necessity and potential of Fusarium resistance in German spring barley varieties

Monitoring-Untersuchungen an Erntegut von 2007 bis 2011 zeigten ein breites Auftreten verschiedener *Fusarium*-Arten an Sommergerste. Neben *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. sporotrichioides*, *F. poae*, *F. avenaceum* und *F. tricinctum* dominierte der Kornbefall mit *F. langsethiae*. Insbesondere 2007 wurden darüber hinaus erhöhte T-2- und HT-2-Gehalte im Erntegut gemessen. Anders zeigte sich der Befall in Wintergerste. Ähnlich dem Weizen war hier *F. graminearum* dominierend und führte insbesondere 2010 zu hohen DON-Kontaminationen im Korn.

Die Schadrelevanz der in dem Monitoring erfassten *Fusarium*-Arten wurde in dreijährigen Feldversuchen untersucht. Künstliche Inokulationen mit den T-2/HT-2-bildenden Arten *F. sporotrichioides* und *F. langsethiae* führten im Vergleich zum DON-Bildner *F. culmorum* nur zu schwacher Symptomausprägung an den Ähren. Alle drei Arten riefen aber starke Toxinkontaminationen im Erntegut hervor. Eine Abschätzung des Risikos für erhöhte Toxinwerte anhand sichtbarer Symptome war bei den Typ A Trichothecene bildenden Erregern demnach nicht möglich.

Im deutschen Gerstensortiment sind keine Resistenzen gegenüber Ährenfusariosen beschrieben. Daher wurde ein Resistenz-QTL aus einer Landsorte in den genetischen Hintergrund von vier deutschen Sommergerstensorten eingekreuzt und doppel-haploide Linien erzeugt. Insgesamt 129 doppel-haploide Linien, die für den Resistenz-QTL spalten, wurden durch künstliche Inokulation mit *F. culmorum* und *F. sporotrichioides* im Gewächshaus charakterisiert. Ein positiver Effekt des QTL auf den Fusarium-Befall konnte gezeigt werden. Durch die starke Heterogenität der Hintergründe und die quantitative Natur der Resistenz war der Effekt jedoch gering. Die Untersuchungen zeigen aber Potentiale der Resistenzzüchtung zur Kontrolle von Ährenfusariosen in Gerste auf. Ein möglicher Ansatz zur Verbesserung der Resistenzeigenschaften könnte sein, mehrere Resistenz-QTL im genetischen Hintergrund von Hochleistungssorten zu pyramidisieren.

07-4 - Rodemann, B.

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Anfälligkeit europäischer Weizensorten gegenüber *Drechslera tritici-repentis*, *Septoria tritici* und *Fusarium* sp.

Resistance phenotyping of European wheat cultivars against Drechslera tritici-repentis, Septoria tritici and Fusarium sp.

In einem BMBF-GABI-WHEAT-Projekt wurde die Populationsstruktur moderner deutscher und europäischer Weizensorten hinsichtlich Krankheitsresistenz, Ertrag und Ertragskomponenten evaluiert. Die Zielsetzung des Projektes war die Identifizierung von Assoziationen zwischen Daten molekularer Markeranalysen und o. g. Parameter als Basis für die Entwicklung neuer Weizensorten. Im Teilprojekt des Julius Kühn-Instituts wurde die Resistenz von 384 Weizenotypen gegenüber den Schaderregern *Fusarium graminearum* / *Fusarium culmorum*,