

sklerotien dringt *V. longisporum* in die Wurzel ein, von wo aus eine akropetale Ausbreitung im Leitbahnsystem der Pflanze erfolgt.

Ziel des Projektes ist die Identifizierung von neuen Winterraps-Linien mit Resistenz gegenüber dem Pilzpathogen *Verticillium longisporum* durch Screening diversen Genbank-Akzessionen von *Brassica napus*, sowie die Lokalisierung von *Verticillium* Resistenz assoziierten QTLs anhand von der RAPD, AFLP- und SSR-Markern erstellte genetische Karte. Es wurden bereit 140 Genbank-Akzessionen gegen *V. longisporum* durch künstliche Inokulation unter Gewächshausbedingungen getestet, wobei ein breites Spektrum am Resistenz/Toleranz beobachtet wurde. Winterrapsorten 'Express' (weniger anfällig) und 'Falcon' (sehr anfällig) wurden als Referenz-Kontrollen in unserem Experiment verwendet. Resistenztests wurden im Gewächshaus durchgeführt. Hierfür wurden ca. 10 Tage alte, in Quarzsand angezogene Keimlinge inokuliert. Nach dem Waschen der Wurzeln wurden diese bis auf ca. 1 - 2 cm gestutzt. Im Anschluss wurden die Wurzeln für eine Stunde in Sporensuspension inkubiert. Die Dichte der Sporensuspension betrug hierbei immer 106 Sporen/ml. Mit dem Erscheinen der ersten Symptome nach etwa 21 Tagen begann die wöchentliche Bonitur, die fünfmal durchgeführt wurde. Auf Basis der Bonitur wurde die AUDPC Kurve berechnet. Die Ergebnisse zeigten, dass 22 aus den 140 Rapsorten eine höhere Resistenz im Vergleich zu der Sorte 'Express' (*V. longisporum* tolerant) haben.

Weitere PCR-Marker werden in die bereits erstellte genetische Karte integriert um die Dichte von Marker zu erhöhen. Das erstellte Dendrogramm teilt die 140 Rapsorten in vier große Gruppen ein. Die Detektion und Nutzung der genetischen Diversität von Resistenzgenen beim Winterraps sind die Voraussetzungen für eine spätere Entwicklung von molekularer Marker für die markergestützte Selektion (MAS) in die Resistenzzüchtung.

**127-Calistru, A. E.; Lipsa, F.; Simioniu, D.-P.; Burlacu, M.-C.; Leonte, C.; Lazarescu, E.**

Agronomische & Veterinärmedizinische Universität zu Iași, Rumänien

### ***Sclerotinia sclerotiorum* resistenzassoziierter QTLs in diverse Genbank-Akzessionen von *Brassica napus***

*Association mapping of Sclerotinia sclerotiorum using diverse gene bank collections of Brassica napus*

In Europa und vor allem, auch in Deutschland, stellt Raps (*Brassica napus*) mit Abstand die wichtigste Ölsaat dar und dient aufgrund hoher Ölgehalte mit hohem Ölsäureanteil und mehrfach ungesättigte Fettsäuren primär als Öllieferant.

*S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary gehört innerhalb der Ascomycota in die Klasse der Discomycetes zu den apothecien bildenden Pilzen und verursacht eine Krankheit bezeichnet als Weißstängeligkeit.

Ziel des Projektes ist die Identifizierung von neuen Winterraps-Linien mit Resistenz gegenüber dem Pilzpathogen *Sclerotinia sclerotiorum* durch Screening diversen Genbank-Akzessionen von *Brassica napus*, sowie die Lokalisierung von *Sclerotinia* Resistenz assoziierten QTLs, anhand von RAPD, AFLP- und SSR-Markern erstellte genetische Karte. Bei Resistenzprüfungen von Genotypen gegenüber *S. sclerotiorum* durch künstliche Infektionen wurden drei verschiedene Isolate sowie Oxalsäure benutzt. Die Infektion erfolgt hauptsächlich unter Gewächshausbedingungen auf Blättern und Keimblättern sowie ins Feld am Stängel. Um eine unterschiedliche Sortenreaktion zu erfassen, wurden 140 Rapsorten parallel getestet. Jede Variante lag in 5-facher Wiederholung vor. Die Größe der Läsionen wurde täglich nach Erscheinen des ersten Flecks ermittelt. Ein Teil von den Winterraps-Linien wurde bereits mit allen drei Isolaten erfolgreich infiziert und signifikante Unterschiede zwischen den getesteten Linien und zwischen den drei Isolaten wurden festgestellt. Weitere PCR-Marker werden in die bereits erstellte genetische Karte integriert um die Dichte von Marker zu erhöhen. Die Detektion und Nutzung der genetischen Diversität von Resistenzgenen beim Winterraps sind die Voraussetzungen für eine spätere Entwicklung molekularer Marker für die markergestützte Selektion (MAS) in die Resistenzzüchtung.

**128-Bojahr, J.; Struck, C.**

Universität Rostock

### **Stem rust resistance in perennial ryegrass (*Lolium perenne*)**

Rust diseases are one of the economically important problems of cereals and grasses in many regions of the world. Stem rust of *Lolium perenne*, caused by the obligate biotrophic pathogen *Puccinia graminis* f. sp. *graminicola* can cause extensive loss of photosynthetic capacity associated with a decrease in forage and seed yield. A major advance in forage-grass breeding has been the integration of resistance against stem rust into forage-type cultivars. Thus, formerly cultivars were reported to be resistant to stem rust. However, recently the suscep-

tibility of forage grass against stem rust increased in some locations, consequently the search for ryegrass genotypes showing a high level of resistance against *P. graminis* is essential.

We screened 114 perennial ryegrass genotypes by testing leaf segments with rust sources from three locations in North and South Germany as well as one from Oregon/USA. Half of the genotypes were highly susceptible (51 %), 45 % were moderate resistant and only four genotypes showed strong resistance against the tested stem rust isolates. Using single spore isolates we then examined the fungal development by light microscopy with the aim of describing the infection structure formation and haustorium development in susceptible and resistant *Lolium* genotypes. In one of the resistant genotypes fungal growth was stopped completely between 72 and 96 hours after inoculation. In ongoing studies we'll isolate cells from the infection sites by laser capture microdissection to analyze gene expression and compare changes at transcriptome level between the resistant and susceptible *Lolium* genotypes.

### 129-Gärber, U.<sup>1)</sup>; Behrendt, U.<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup> Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

<sup>2)</sup> Oldendorfer Saatzucht

## Neue Forschungsprojekte in der ökologischen Salatzüchtung auf hohe Anpassungsfähigkeit und gute Pflanzengesundheit

*New research projects in organic breeding of lettuce for high adaptability and good plant health*

Im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft werden am Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen in Zusammenarbeit mit Kultursaat e. V. sowie der Oldendorfer Saatzucht seit 2011 zwei Züchtungsprojekte bearbeitet. Ziel beider Projekte ist es, Salate mit guten Produkteigenschaften und einer hohen Anpassungsfähigkeit für den Ökologischen Landbau zu entwickeln.

Wichtige Zuchtmerkmale sind Trockentoleranz, Anpassung an geringen Nährstoffbedarf, Schoßfestigkeit, Innenbrandtoleranz, eine hohe Widerstandsfähigkeit gegenüber Schaderregern, insbesondere gegenüber *Bremia lactucae* sowie Geschmack. In den Projekten werden verschiedene Züchtungswege beschritten. In einem Projekt in Zusammenarbeit mit Kultursaat e. V. soll die Entwicklung von Sorten durch Selektions- und Kreuzungszüchtung bei Standortanpassung durch dezentrale Züchtung ermöglicht werden. Parallel zueinander werden weitgehend homogene Linien durch Individualauslese an den Standorten selektiert und neue Kreuzungen durchgeführt. Das Anpassungspotential an lokale Gegebenheiten und allgemeine Stressfaktoren kann durch die Selektion an den Standorten evaluiert und genutzt werden. Die Kreuzungen dienen der Durchmischung des genetischen Potentials. 2011 wurden an den Standorten Holste, Kleinmachnow, Müllheim, Überlingen jeweils zehn Salatlinien / Sorten im Vergleich zu 'Neckarriesen' als anfälligem und 'Analena' als resistentem Standard geprüft. Müllheim war der Standort mit den geringsten Ernteausfällen. In Kleinmachnow waren die Ausfälle bei den Batavia-Salaten vorrangig auf Echten Mehltau (9 % bis 85 %) und bei den Kopfsalaten auf Fäule (18 % bis 43 %) zurückzuführen. In Holste und teils in Überlingen waren häufig Blattschäden durch *Microdochium panattonianum* zu verzeichnen, mit Ausfällen in Holste bis zu 84 % bei der Linie V20. Zudem traten in Überlingen Ernteausfälle durch Falschen Mehltau (10 % bis 24 %) und Brand (2 % bis 15 %) bei den Kopfsalaten, und Fäule (10 % bis 40 %) bei den Bataviasalaten auf.

In einem weiteren Projekt in Kooperation mit der Oldendorfer Saatzucht soll durch den Anbau von Liniengemischen und Kreuzungspopulationen eine partielle genetische Durchmischung erzielt werden, um die Anpassungsfähigkeit von Salat als Selbstbefruchter zu erhöhen. Zum Ersten sollen Liniengemische aus reinen Linien phänotypisch ähnlicher Salate gemischt aufgepflanzt und mit den entsprechenden Nachkommen-schaften aus Ramschen verglichen werden. Zum Zweiten sollen aus neuen Kreuzungen ähnlicher Linien genetisch heterogene Populationen hergestellt werden, die phänotypisch und anbautechnisch weitgehend homogen sind. Diese können jeweils bis zur F4 weitergeführt werden, da der Grad der Heterozygotie kontinuierlich abnimmt und müssen dann neu hergestellt werden. Diese Zuchtmethode wird hier Kreuzungspopulations-züchtung genannt. In die Züchtungsversuche sind drei Standorte (Holste, Kleinmachnow, Überlingen) einbezogen. 2011 wurden erstmals zehn Liniengemische aus vorhandenen Linien der Oldendorfer Saatzucht und marktgängigen Sorten im Frühanbau gesichtet und im Ramschverfahren vermehrt. Ein Liniengemisch wurde aufgrund von Frühschossern verworfen. Insgesamt zeigten sich die Liniengemische an den Standorten stabil, reagierten jedoch spezifisch auf die an den Standorten vorkommenden Einflussfaktoren. Bei der Sichtung im Herbst auf *Bremia*-Resistenz zeigte sich in Holste und Überlingen ein die Erntefähigkeit beeinträchtigender Befall durch Falschen Mehltau. Die höchsten Ausfälle durch *B. lactucae* in den Liniengemischen lagen bei 20 %, was derzeit von den Anbauern aufgrund fehlender Regulierungsmaßnahmen im ökologischen Anbau noch akzeptiert wird. Am stärksten waren die Ausfälle in Holste bei den Liniengemischen 10 und 8 mit 20 % bzw. 17 %