

Mit dem Testsystem soll es Pflanzzüchtern zukünftig ermöglicht werden, Petersilienzuchtmaterial auf Resistenz zu prüfen, um neue mehlttauresistente Petersilienarten entwickeln zu können.

131-Leinhos, G.¹⁾; Krauthausen, H.-J.¹⁾; Brändle, F.²⁾

¹⁾ Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum Rheinpfalz

²⁾ Identxx GmbH

Falscher Mehltau an Petersilie – Erarbeitung von Screeningmethoden für die Resistenzzüchtung

Downy mildew on parsley – developing of screening methods for resistance breeding

In den vergangenen Jahren konnte eine starke Ausbreitung des Falschen Mehltaus an Petersilie durch den Erreger *Plasmopara petroselini* im Freilandanbau (ca. 1.700 ha in 2010) in allen wichtigen Anbauregionen Deutschlands festgestellt werden. Für gezielte Gegenmaßnahmen fehlen jedoch grundlegende Kenntnisse zur Biologie und Epidemiologie des Erregers. Selbst die taxonomische Zuordnung und das Wirtspflanzenspektrum sind nicht geklärt. Deshalb werden im Rahmen des Innovationsprogramms des BMELV in einem 3-jährigen Verbundprojekt mit der Gemeinschaft zur Förderung der Privaten Deutschen Pflanzenzüchtung e. V. (GFP) und dem Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen (JKI-Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst) am DLR Rheinpfalz erstmalig biologische Grunddaten zu *P. petroselini* erarbeitet, die als Basis für die Entwicklung von effektiven Screeningmethoden für die Pflanzenzüchtung dienen sollen.

Die Erarbeitung der biologischen Grunddaten von *P. petroselini* erfolgte im Gewächshaus und in Klimakammern an zwei Petersiliesorten mit einem ausgewählten Falschen Mehltau Isolat. Inokuliert wurde standardmäßig mit einer Sporangiensuspension in Leitungswasser (1 x 10⁵ Sporangien/ml) in einer feuchten Kammer mit gleichzeitiger Überprüfung der Zoosporenschlupf- und keimrate auf Leitungswasseragar. Anhand von Infektionsversuchen mit mehreren Temperaturstufen wurde ein Temperaturoptimum von ca. 10 °C für die Infektion ermittelt. Die weiteren Untersuchungen zur Blattnässedauer zeigten, dass diese und die Temperatur interaktiv auf die Infektion wirken, z. B. führten 4 h Blattnässe bei 15 °C zur gleichen Befallsstärke wie ca. 24 h Blattnässe bei 4 °C.

Die Latenzzeit von *P. petroselini* wurde im Gewächshaus (13 °C nachts, 14 - 24 °C tags, Mittelwert 15 °C, rel. Luftfeuchte 77 %) ermittelt und betrug 8 Tage. Maximale befallene Blattfläche und maximale Sporulation wurden nach 12 Tagen Kultur bei den gegebenen Klimabedingungen erreicht.

Für die Sporulation bei ca. 100 % rel. Luftfeuchte lag das Temperaturoptimum bei 15 °C; eine geringere Sporulationsdichte wurde bei 10 °C bzw. bei 20 °C bonitiert. Bei Temperaturen von 5 °C und 23 °C wurde die Sporangienbildung fast vollständig unterbunden.

Die ersten Untersuchungen zum Wirtspflanzenspektrum erfolgten mit einem *P. petroselini* -Isolat auf 12 Umbelliferen-Arten sowie zwei hoch anfälligen Sorten Blattpetersilie zum Vergleich. Nur auf der geprüften Liebstockel-Herkunft und einer Wurzelpetersilie konnte das verwendete Isolat zur Sporulation kommen (27 % bzw. 6 % Befallsstärke im Vergleich zu 49 % und 36 % Befallsstärke auf den beiden Blattpetersiliesorten).

Die erarbeiteten biologischen Grunddaten von *P. petroselini* dienen als Basis für die Entwicklung effizienter Methoden zum Resistenzscreening. In einem ersten Schritt wurden verschiedene Saat- und Anzuchttechniken geprüft: Einzelkorn- vs. Mehrkornsaat, Erdpresstöpfle vs. Direktsaat. Anschließend erfolgte die Inokulation mit *P. petroselini* in unterschiedlichen Pflanzenentwicklungsstadien (Keimblatt bis 5-Blatt-Stadium). Als makroskopische Kriterien für eine mögliche Resistenz gegen Falschen Mehltau wurden Befallshäufigkeit, Befallsstärke (Blattetagen, Gesamtpflanze), Sporulationsdichte und nekrotische oder chlorotische Läsionen an den Blättern bonitiert.

Aufgrund der verschiedenen Symptomausprägungen in einzelnen Sorten wurden diese einerseits histopathologisch untersucht. Andererseits konnte als molekulare Testmethode eine Erreger-spezifische PCR etabliert werden, mit der in ersten Versuchen Sortenunterschiede schon vier Tage nach Inokulation nachgewiesen werden konnten. Die weiterführenden Studien zum Wirtsspektrum und molekularbiologische Untersuchungen an Isolaten aus mehreren Regionen sollen die taxonomische Zuordnung des Erregers ermöglichen.