

'Baigent Brookfield' verwendet. Bisher wurden für vier dieser Sorten transgene Linien erzeugt. Die Integration der transferierten Gene wurde mit PCR bestätigt. Die Expression der Transgene wurde mit RT-PCR unter Standard Anzuchtbedingungen untersucht. Die Anzahl der Integrationsorte wurde mit Southern Blot Analyse bestimmt. Insgesamt konnten vier Linien mit nur einer T-DNA Integration identifiziert werden, welche für eine nachfolgende Hitzebehandlung zur Entfernung der Rekombinationskassette verwendet werden sollen. Um die Funktion des übertragenen Schorfresistenzgens zu untersuchen, wurde ein Schorfresistenztest im Gewächshaus durchgeführt. Zu diesem Zweck wurden Sprosse von den transgenen Linien und von Kontrollpflanzen auf 'Golden Delicious' Sämlinge veredelt. Die Inokulation erfolgte parallel mit Einsporisolen von den *Venturia inaequalis* Rassen 1 und 6. Dazu wurden Konidiensuspensionen mit einer Dichte von $3 \cdot 10^5$ bis $4 \cdot 10^5$ Konidien/ml hergestellt. Als Kontrollen dienten die untransformierten Sorten 'Pinova', 'Gala-Mitchgla', 'Novajo' und 'Baigent Brookfield'. Weitere Kontrollen waren die schorfresistenten Sorten 'Retina' und 'Prima', in welche *Rvi6* über klassische Züchtung eingebracht wurde und die als Rassetester für *Venturia inaequalis* Rasse 6 fungieren. Zusätzlich diente die Sorte 'Golden Delicious' als Kontrolle, da sie der Rassetester für *Venturia inaequalis* Rasse 1 ist. Die Bonitur erfolgte drei Wochen nach Inokulation entsprechend der Klassifizierung von Chevalier et al. (1991). Fast alle mit Rasse 6 inokulierten Pflanzen waren anfällig, was sich in einer starken Sporulation auf der Blattoberfläche zeigte. Dieses Ergebnis entspricht den Erwartungen da bekannt ist, dass die *Venturia inaequalis* Rasse 6 die Resistenz, welche durch das *Rvi6* Gen hervorgerufen wird, bricht. Die Inokulation mit Rasse 1 führte zu Symptomen bei den untransformierten Sorten und 'Golden Delicious'. Die schorfresistenten Sorten 'Prima' und 'Retina', sowie zwölf von vierzehn getesteten transgenen Linien wurden als resistent bonitiert. Zwei von vierzehn getesteten transgenen Linien zeigten Symptome. Ursache dafür könnte z. B. eine unvollständige Integration des Schorfresistenzgens sein. Zusammenfassend konnte für jede der vier Sorten mindestens eine resistente transgene Linie identifiziert werden. Die resistenten transgenen Linien werden anschließend einer Hitzebehandlung unterzogen um sich dem Ziel, cisgene schorfresistenter Apfelsorten herzustellen, anzunähern.

Literatur

CHEVALIER, M., Y. LESPINASSE, S. RENAUDIN, 1991: A microscopic study of different classes of symptoms coded by the Vf gene in apple for resistance to scab (*Venturia inaequalis*). *Plant Pathol.* 40, 249 - 256.

132b-Szentgyörgyi, E.¹⁾; Dierend, W.²⁾; Hanke, M.-V.¹⁾; Peil, A.¹⁾

¹⁾ Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

²⁾ Hochschule Osnabrück

Identifizierung *Rvi6*-schorfresistenter Kreuzungsnachkommen mittels Markergestützter Selektion und Phänotypisierung der Resistenz

Der durch den Ascomyceten *Venturia inaequalis* hervorgerufene Apfelschorf ist weltweit eine der bedeutendsten pilzlichen Erkrankungen der Gattung *Malus*. Ein Befall mit *V. inaequalis* führt zu einer Reduktion der Blattmasse, einer deutlichen Qualitätsminderung der Früchte sowie vorzeitigem Fruchtfall. Darüber hinaus neigen befallene Früchte zu einer verstärkten Fäulnisbildung, was erhöhte Verluste bei der Lagerung zur Folge hat. Die meisten kommerziell angebauten Apfelsorten sind anfällig gegenüber *V. inaequalis*. Um die Entwicklung des Pilzes zu hemmen, und somit mögliche ökonomische Verluste zu verringern, sind in Deutschland daher jährlich zwischen 17 und 20 Fungizidanwendungen notwendig – in anderen Ländern bis zu 30. Aufgrund der steigenden Nachfrage nach ökologisch bzw. nachhaltig produzierten Lebensmitteln könnte der Einsatz von Fungiziden durch den Anbau Schorf-resistenter Apfelsorten erheblich reduziert werden.

Das *Rvi6*-Gen aus der Wildarten-Akzession *Malus floribunda* 821 stellt das bestuntersuchte und meistgenutzte Resistenzgen in Züchtungsprogrammen dar. Entsprechend der Theorie einer Gen-für-Gen Beziehung vermittelt das *Rvi6*-Gen eine Resistenz gegenüber *V. inaequalis*-Stämmen, welche ein dem *Rvi6*-Gen korrespondierendes Avirulenzgen tragen. Es konnten jedoch schon Schorffrasen identifiziert werden, welche in der Lage sind, die *Rvi6* vermittelte Resistenz zu brechen. Gegenwärtig sind mehr als 70 verschiedene Apfelsorten mit *Rvi6*-Resistenz bekannt, welche jedoch nur teilweise im Erwerbsobstbau etabliert sind.

Untersuchungsgegenstand des Projektes sind ausgewählte Nachkommen von 11 verschiedenen Kreuzungspopulationen schorfanfälliger und *Rvi6*-resistenter Apfelsorten, welche aus dem Züchtungsprogramm der Züchtungsinitiative Niederelbe GmbH & Co kg (ZIN) stammen. Bis zum gegenwärtigen Zeitpunkt wurden Blattproben von 223 Apfel- und Zierapfelklonen mittels Marker-gestützter Selektion auf das Vorkommen des *Rvi6*-Gens untersucht. Dabei konnte das *Rvi6*-Gen bei insgesamt 130 verschiedenen Genotypen nachgewiesen werden. Von 48 der *Rvi6*-positiven Zuchtklone wurden Edelreiser auf die Unterlage M9 veredelt und mit verschiedenen *Venturia inaequalis*-Stämmen inokuliert, um die phänotypische Ausprägung der *Rvi6*-vermittelten Resistenz zu untersuchen.