



Bundesministerium  
für Verbraucherschutz, Ernährung  
und Landwirtschaft

## **Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen**

## **Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants**



**Ahrensburg • Aschersleben • Braunschweig • Dresden-Pillnitz**

**Groß Lüsewitz • Quedlinburg • Siebeldingen**

**Jahresbericht 2001  
Annual Report**

Die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen im Internet

**<http://www.bafz.de>**

Hier finden Sie neben ständig aktuellen Informationen zu den Aktivitäten und allen Struktureinheiten der BAZ eine vollständige Übersicht der E-Mail-Adressen der Mitarbeiter.

The Internet address of the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants

**<http://www.bafz.de>**

Here you find up-to-date information about BAZ activities, a survey of the organizational units and a complete list of the staff's e-mail addresses.

Der Jahresbericht der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ)

erscheint in eigener Redaktion im Selbstverlag

Neuer Weg 22/23, D-06484 Quedlinburg

Fernruf: (03946) 4 70

Telefax: (03946) 4 72 02

e-mail: [bafz-al@bafz.de](mailto:bafz-al@bafz.de)

Fotos soweit nicht anders vermerkt, Institute und Bildstelle der BAZ

Herausgegeben von der Anstaltsleitung der BAZ, März 2002

Druck: KOCH-DRUCK Halberstadt

ISSN 0948-745X

Gedruckt auf chlorfrei gebleichtem Papier

**Bundesanstalt für Züchtungsforschung  
an Kulturpflanzen**

**Federal Centre for Breeding Research on  
Cultivated Plants**

**Ahrensburg • Aschersleben • Braunschweig • Dresden-Pillnitz  
Groß Lüsewitz • Quedlinburg • Siebeldingen**

**Jahresbericht 2001  
Annual Report**

# I. Aufgaben der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen

## I. Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants: Assignment

---

Die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) ist eine nicht rechtsfähige Bundesforschungsanstalt des öffentlichen Rechts. Sie ist ein führendes nationales und internationales Forschungszentrum mit Forschungsaufgaben im Bereich der Züchtungsforschung und Pflanzenzüchtung.

Als Teil der Ressortforschung des heutigen Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft (BMVEL) wurde sie mit Hauptsitz in Quedlinburg zum 01. Januar 1992 errichtet.

Mit den Standorten Ahrensburg, Aschersleben, Dresden-Pillnitz, Groß Lüsewitz, Quedlinburg sowie Siebeldingen gehören ihr insgesamt 9 Institute an; am Standort Braunschweig befindet sich außerdem die Arbeitsgruppe Genbank.

Von den rund 400 planmäßig Beschäftigten sind 80 als Wissenschaftler tätig; dazu kommen in allen personellen Bereichen 56 Mitarbeiter mit zeitlich befristeten Aufgaben.

Die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen bearbeitet im Rahmen ihrer Zuständigkeit Kulturpflanzen, mit Ausnahme forstlich genutzter Gehölzpflanzen, aus der Sicht der Züchtungsforschung und Pflanzenzüchtung.

Damit ist die Bundesforschungsanstalt in der Lage, dem BMVEL für politische und administrative Aufgaben Entscheidungshilfen zu geben sowie die Umsetzung agrarpolitischer Ziele für einen gesunden Landbau und nachhaltige Landwirtschaft vorzubereiten.

Auf der Grundlage der Forschungsprofile der Institute berät die Bundesforschungsanstalt die Bundesregierung zu Themen der Züchtungsforschung und Pflanzenzüchtung, insbesondere zu den Schwerpunkten:

- gesundheitlicher Verbraucherschutz durch umfassende Produktsicherheit
- Qualität von Nutzpflanzen im Nahrungs-, Futter- und Industriebereich
- Sicherheit bei neuartigen pflanzlichen Produkten
- Schutz und nachhaltige Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen
- Züchtung von Kulturpflanzen mit optimaler Produktqualität und Resistenzen gegen Schaderreger und Schädlinge
- Entwicklung von Strategien zur Kompensation der Wirkung umweltbedingter Schadfaktoren

The Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ) is a public institution without legal capacity. It is a major national as well as international centre for breeding research and plant breeding.

The Federal Centre was founded on January 1, 1992 as part of the research sector of the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL). The headquarters of BAZ are in Quedlinburg.

The BAZ comprises nine institutes located on the sites of Ahrensburg, Aschersleben, Dresden-Pillnitz, Groß Lüsewitz, Quedlinburg and Siebeldingen. A further division of BAZ, the gene bank, is situated in Braunschweig (Brunswick).

The BAZ currently employs a staff of 400, some 80 of whom are scientists. The permanent staff is complemented by 56 employees working on short-term contracts.

The activities of the BAZ are primarily concerned with breeding research conducted across the entire spectrum of cultivated plants, forest trees excepted.

This work enables the BAZ to assist the Federal Ministry in political and administrative decisions and to promote agricultural policies aimed at assuring ecologically sound farming and a sustainable agricultural production of high-quality and healthy food.

In accordance with the research profile of its various institutes, the BAZ advises the German government on issues of breeding research and plant breeding with the following priorities:

- consumer health protection through guarantee of safe plant products
- quality of plants for food, forage and industrial applications
- high safety standards for novel plant products
- conservation and sustainable use of plant genetic resources
- breeding of cultivated plants with optimal product quality and disease resistance
- development of strategies to compensate for the effects of factors harmful to the environment

- Förderung des konventionellen und ökologischen Landbaus
- Bewertung von Chancen und Risiken neuer Technologien in der Züchtung
- promotion of conventional and organic farming
- assessment of the chances and risks of new technologies in plant breeding

Daraus resultieren folgende Forschungsaufgaben:

These objectives include the following main areas of research:

**1. Züchtungsforschung zur Erstellung von dauerhaft gesundem Ausgangsmaterial für die praktische Züchtung:**

**1. Breeding research to provide basic plant material with stable disease resistance**

- Analyse der genetischen und molekulargenetischen Ursachen der Resistenz gegen biotische Schaderreger sowie Toleranz gegen abiotische Schadfaktoren
- epidemiologische Untersuchungen einschließlich der Virulenz- und Aggressivitätsanalyse der Pathogene im Hinblick auf Züchtungsstrategien
- hohe Energieausnutzung und hohes Nährstoffaneignungsvermögen
- Erforschung morphologischer, biochemischer und physiologischer Grundlagen für die Ausprägung von Krankheitsresistenz

- Analysis of the genetic and molecular basis of disease resistance and tolerance to biotic and abiotic stresses
- Epidemiological investigations of pathogens including the determination of virulence and aggressiveness with regard to breeding strategies
- Improving the efficiency of crops in using energy and nutrients
- Investigations of the morphological, biochemical and physiological basis of disease resistance

**2. Züchtungsforschung zur Bereitstellung von Ausgangsmaterial mit verbesserter Qualität für die Nutzung als Nahrungs- und Industriepflanzen:**

**2. Breeding research to improve the quality of basic plant materials for food and non-food applications**

- Erforschung der genetischen, physiologischen und biochemischen Grundlagen der Bildung wertgebender Inhaltsstoffe
- Analyse der kulturpflanzenartspezifischen Qualitätskomponenten, Beziehungen zwischen Analytik und Sensorik

- Investigations of the genetic, physiological and biochemical mechanisms for the synthesis of valuable compounds
- Analysis of quality components of cultivated plants; relationship between chemical analysis and sensory evaluation

**3. Züchtungsmethodische Arbeiten zur Verbesserung der Selektion:**

**3. Development of breeding methods to improve plant selection**

- Entwicklung von Testsystemen zur qualitativen und quantitativen Erfassung von Resistenz- und Qualitätsparametern
- Morphologische, biochemische und molekulargenetische Analyse von Merkmalen zur Entwicklung markergestützter Selektionsverfahren

- Development of test systems to determine quantitatively and qualitatively the parameters of resistance and quality
- Analysis of morphological, biochemical and molecular-genetic traits for marker-assisted selection

**4. Züchtungsmethodische Arbeiten im Bereich der Nutzung und Erstellung der genetischen Variabilität:**

**4. Development of breeding methods to enlarge and utilize genetic variability**

- Nutzung genetischer Ressourcen und Identifizierung von Resistenz- und Toleranzgenen
- Entwicklung neuer Züchtungsstrategien zur Einlagerung komplex vererbter Eigenschaften in Kulturpflanzen
- Nutzung der breiten genetischen Diversität

- Evaluation of genetic resources and identification of genes with relevance to resistance and tolerance
- Development of new strategies to incorporate complex characteristics into cultivated plants
- Utilization of the broad genetic diversity

Realisiert werden die Forschungsaufgaben durch

- Institut für Zierpflanzenzüchtung in Ahrensburg,
- Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik in Aschersleben,
- Institut für Epidemiologie und Resistenz in Aschersleben,
- Institut für Obstzüchtung in Dresden-Pillnitz,
- Institut für landwirtschaftliche Kulturen in Groß Lüsewitz,
- Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität in Groß Lüsewitz,
- Institut für gartenbauliche Kulturen in Quedlinburg,
- Institut für Pflanzenanalytik in Quedlinburg,
- Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof in Siebeldingen,
- Arbeitsgruppe Genbank in Braunschweig.

BAZ research is carried out by the

- Institute of Ornamental Plant Breeding at Ahrensburg
- Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics at Aschersleben
- Institute of Epidemiology and Resistance at Aschersleben
- Institute of Fruit Breeding at Dresden-Pillnitz
- Institute of Agricultural Crops at Groß Lüsewitz
- Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials at Groß Lüsewitz
- Institute of Horticultural Crops at Quedlinburg
- Institute of Plant Analysis at Quedlinburg
- Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof at Siebeldingen
- Gene bank division at Braunschweig.

## II. Organisation und Personal

### Organization and Personnel

---

#### Anstaltsleitung / Direction

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-208 E-Mail: bafz-al@bafz.de  
**06484 Quedlinburg** Fax: (03946) 47-202  
Leiter/Head: Direktor und Professor Dr. agr. habil. Manfred **Neumann**, Dipl.-Landwirt  
Pers. Referent/Pers. Assistent.: Wissenschaftlicher Direktor Dr. agr. Klaus **Peter**, HS-Gartenbauingenieur

#### Hauptverwaltung / Administration

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-340 E-Mail: bafz-hv@bafz.de  
**06484 Quedlinburg** Fax: (03946) 47-209  
Leiter/Head: Regierungsoberamtsrat Jörg Michael **Jahn**

#### Institute / Institutes

##### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding

Anschrift/Address: Bornkampsweg 31 Tel.: (04102) 802-0 E-Mail: bafz-zz@bafz.de  
**22926 Ahrensburg** Fax: (04102) 5 11 24  
Leiter/Head: Direktor und Professor Univ.-Prof. Dr. rer. hort. habil. Jürgen **Grunewaldt**,  
Dipl.-Gärtner

##### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Priv. Doz. Dr. rer. nat. Thomas **Debener**, Dipl.-Biologe  
Dr. rer. hort. Frank **Dunemann**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Hinrik **Junge**, Dipl.-Chemiker  
Dr. rer. hort. Jutta **Krüger**, Dipl.-Gärtnerin (bis 31.12.2001)  
Direktor und Professor Prof. Dr. rer. nat. habil. Walter **Preil**, Dipl.-Biologe (bis 31.07.2001)  
Dr. rer. nat. Annegret **Schum**, Dipl.-Biologin

Anja **Hattendorf**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt)  
Dr. rer. nat. Marcus **Linde**, Dipl.-Biologe (Projekt)  
Dr. rer. nat. Barbara **Merkt**, Dipl.-Biologin (Projekt)  
Mirco **Thiermann**, Dipl.-Biologe (Projekt)  
Annette **Urbanietz**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt)

##### Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics

Anschrift/Address: Theodor-Roemer-Weg 4 Tel.: (03473) 879-163 E-Mail: bafz-rp@bafz.de  
**06449 Aschersleben** Fax: (03473) 879-200  
Leiter/Head: Direktor und Professor Dr. rer. nat. habil. Thomas **Kühne**, Dipl.-Chemiker

##### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Wissenschaftliche Rätin Dr. rer. nat. Gudrun **Barchend**, Dipl.-Biologin  
Wissenschaftlicher Rat Dr. rer. nat. Fred **Ehrig**, Dipl.-Biologe  
Wissenschaftliche Rätin Dr. rer. nat. Jutta **Gabler**, Dipl.-Biologin  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Ute **Kastirr**, Dipl.-Agraringenieurin  
Wissenschaftliche Rätin Dr. agr. Marion **Nachtigall**, Dipl.-Biologin  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Frank **Rabenstein**, Dipl.-Biologe

Dr. rer. nat. Ernst **Reiss**, Dipl.-Chemiker  
Wissenschaftlicher Direktor Dr. rer. nat. habil. Jörg **Schubert**, Dipl.-Biologe

Dr. Alexander **Berestetski**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt bis 31.07.2001)  
Dr. Viktoria **Fomitcheva**, Dipl.-Biologin (Projekt ab 01.08.2001)  
Dr. Dirk **Mattern**, Dipl. Biologe (Projekt)  
Kerstin **Taubenrauch**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt)  
Annette **Kusterer**, Dipl.-Ing. (FH) f. Gartenbau (Projekt)

## Institut für Epidemiologie und Resistenz Institute of Epidemiology and Resistance

Anschrift/Address: Theodor-Roemer-Weg 4 Tel.: (03473) 879-171 E-Mail: bafz-er@bafz.de  
**06449 Aschersleben** Fax: (03473) 27 09  
Leiter/Head: Prof. Dr. agr. habil. Gerhard **Proeseler**, Dipl.-Landwirt

### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. rer. nat. Erika **Griesbach**, Dipl.-Biologin  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Antje **Habekuß**, Dipl.-Agraringenieurin  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Doris **Kopahnke**, Dipl.-Agraringenieurin  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Ilona **Krämer**, Dipl.-Biochemikerin  
Wissenschaftlicher Rat Dr. rer. nat. Hans-Ulrich **Leistner**, Dipl.-Biologe  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. agr. Klaus **Richter**, Dipl.-Gartenbauingenieur  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Edgar **Schliephake**, Dipl.-Biologe  
Wissenschaftlicher Direktor Dr. agr. Volker **Lind**, Dipl.-Agraringenieur

Dr. Elena **Dragavtseva**, Dipl.-Agraringenieurin (bis 30.06.2001)  
Dr. agr. Klaus **Graichen**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt ab 16.07.2001)  
Dr. Elena **Gultiaeva**, Dipl.-Agraringenieurin (bis 31.08.2001)  
Dr. agr. Hilke **Riemer**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt ab 01.01.2001)

## Genbank Gene Bank

Anschrift/Address: Bundesallee 50 Tel.: (0531) 596-617 E-Mail: bafz-gb@bafz.de  
**38116 Braunschweig** Fax: (0531) 596-365  
Leiter/Head: Wiss. Oberrat Dr. rer. hort. Lothar **Frese**, Dipl.-Agraringenieur

### Wiss.Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. sc. agr. Christoph **Germeier**, Dipl.-Agraringenieur

Ralf Holger **Krauß**, Dipl.-Geologe (Projekt bis 10.10.2001)

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding

Anschrift/Address: Pillnitzer Platz 2 Tel.: (0351) 2 61 62-14 E-Mail: bafz-oz@bafz.de  
**01326 Dresden** Fax: (0351) 2 61 62-13

Leiterin/Head: Direktorin und Professorin Dr. rer. nat. habil. Viola **Hanke**, Dipl.-Biologin

### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. agr. Barbara **Dathe**, Dipl.-Agraringenieurin (bis 31.05.2001)  
Prof. Dr. agr. sc. Christa **Fischer**, Dipl.-Landwirtin  
Christine **Grafe**, Dipl.-Agraringenieurin  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Monika **Höfer**, Dipl.-Biologin



Wissenschaftlicher Rat Dr. agr. Mirko **Schuster**, Dipl.-Agraringenieur  
Dr. agr. Ralf-Michael **Schönfeld**, Dipl.-Agraringenieur (bis 31.03.2001)  
Anastassija **Boudichevskaja**, Diplomagrnomin (Projekt ab 15.05.2001)  
Nikolai **Boudichevski**, Diplomagrnom (Projekt ab 01.06.2001)  
Henryk **Flachowsky**, Dipl.-Agraringenieur (Projekt ab 01.06.2001)  
Stefanie **Reim**, Dipl.-Agraringenieurin (Projekt ab 01.08.2001)

## Institut für landwirtschaftliche Kulturen Institute of Agricultural Crops

Anschrift/Address: Rudolf-Schick-Platz 3a Tel.: (038209) 45-200 E-Mail: bafz-lk@bafz.de  
**18190 Groß Lüsewitz** Fax: (038209) 45-222  
Leiter/Head: Direktor und Professor Priv. Doz. Dr. rer. hort. Peter **Wehling**, Dipl.-Agraringenieur

### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. agr. Ulrich **Darsow**, Dipl.-Landwirt  
Wissenschaftlicher Rat Dr. rer. hort. Bernd **Hackauf**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftlicher Rat Dr. agr. Matthias **Herrmann**, Dipl.-Landwirt  
Dr. agr. Hans **Lellbach**, Dipl.-Landwirt  
Wissenschaftlicher Rat Dr. sc. agr. Steffen **Roux**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftlicher Oberrat Eicke **Rudloff**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftliche Rätin Dr. rer. hort. Brigitte **Ruge**, Dipl.-Agraringenieurin  
Wissenschaftliche Rätin Dr. rer. nat. Margret **Scholz**, Dipl.-Biologin  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Karin **Sonntag**, Dipl.-Pädagogin, FA Biologie/Chemie  
Wissenschaftliche Rätin Dr. rer. nat. Ramona **Thieme**, Dipl.-Biologin

Anke **Linz**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, Projekt)  
Natalia **Makarova**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, DFG)  
Jana **Gramenz**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, Projekt)  
Dr. rer. nat. Bodo **Linz**, Dipl.-Biologe (Projekt ab 01. 09. 2000)  
Ina **Groeneveld**, Dipl.-Biologin (Projekt ab 01. 09. 2000)  
Susanne **Vogler**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, DFG-Projekt ab 01.03.2001)

## Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials

Anschrift/Address: Rudolf-Schick-Platz 3 Tel.: (038209) 45-100 E-Mail: bafz-sr@bafz.de  
**18190 Groß Lüsewitz** Fax: (038209) 45-120  
Leiter/Head: Direktor und Professor Prof. Dr. rer. nat. sc. Wilhelm **Flamme**, Dipl.-Chemiker

### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Christiane **Balko**, Dipl.-Agraringenieurin  
Wissenschaftliche Rätin Gisela **Jansen**, Dipl.-Chemikerin  
Dr. rer. nat. Hans-Ulrich **Jürgens**, Dipl.-Chemiker  
Wissenschaftliche Direktorin Dr. rer. nat. Sylvia **Seddig**, Dipl.-Chemikerin  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. Ing. Christina **Wegener**, Dipl.-Ingenieurin

## Institut für gartenbauliche Kulturen Institute of Horticultural Crops

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-577 E-Mail: bafz-gz@bafz.de  
**06484 Quedlinburg** Fax: (03946) 47-579  
komm. Leiter/Head (prov.): Direktor und Professor Dr. agr. Günter **Schumann**, Dipl.-Gartenbauingenieur

### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. rer. nat. Richard **Ahne**, Dipl.-Ingenieur  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Holger **Budahn**, Dipl.-Biologe  
Direktorin und Professorin Dr. rer. nat. Evelyn **Klocke**, Dipl.-Biologin

Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Reiner **Krämer**, Dipl.-Biologe  
Dr. agr. Frank **Marthe**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. agr. Thomas **Nothnagel**, Dipl.-Agraringenieur  
PD Dr. agr. habil. Friedrich **Pank**, Dipl.-Gärtner  
Direktor und Professor Dr. agr. habil. Herbert **Peterka**, Dipl.-Gartenbauingenieur  
Dr. nat. habil. Ulrich **Ryschka**, Dipl.-Biologe  
Dr. rer. nat. Paul **Scholze**, Dipl.-Landwirt  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. agr. Otto **Schrader**, Dipl.-Agraringenieur

Dr. rer. nat. Ute **Kästner**, Dipl.-Biologin (Projekt)

## Institut für Pflanzenanalytik

### Institute of Plant Analysis

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-259 E-Mail: bafz-qa@bafz.de  
**06484 Quedlinburg** Fax: (03946) 47-234  
Leiter/Head: Direktor und Professor Dr. rer. nat. Hartwig **Schulz**, Dipl.-Chemiker

#### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Wissenschaftliche Direktorin Dr. rer. nat. Edelgard **Hoberg**, Dipl.-Chemikerin  
Roselinde **Höfer**, Fachpädagogin für Biologie und Chemie (freigestellt für Hauptpersonalrat)  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Hans **Krüger**, Dipl.-Chemiker  
Dr. rer. nat. Rolf **Quilitzsch**, Dipl.-Physiker  
Dr. rer. nat. Wolfgang **Schütze**, Dipl.-Chemiker  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. rer. nat. Petra **Straka**, Dipl.-Biologin  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. rer. nat. Detlef **Ulrich**, Dipl.-Chemiker

Dinka **Colditz**, Dipl.-Ingenieurin (Projekt bis 31.08.2001)  
Denise **Distler**, staatl. gepr. Lebensmittelchemikerin (AiF-Projekt ab 01.11.2001)  
Sven **Pfeffer**, Diplomchemiker (FNR-Projekt ab 01.03.2001)  
Dr. rer. nat. Boris **Steuer**, Dipl.-Chemiker (FNR-Projekt bis 28.02.2001)

## Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof

### Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof

Anschrift/Address: Geilweilerhof Tel.: (06345) 41-114 E-Mail: bafz-rz@bafz.de  
**76833 Siebeldingen** Fax: (06345) 919050  
Leiter/Head: Direktor und Professor Dr. rer. nat. habil. Reinhard **Töpfer**, Dipl.-Biologe

#### Wiss. Mitarbeiter/innen/Co-workers:

Dr. rer. nat. Otto **Bachmann**, Dipl.-Biologe (bis 31.08.2001)  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. agr. Erika **Dettweiler-Münch**, Dipl.-Agrarbiologin  
Wissenschaftlicher Oberrat Prof. Dr. sc. agr. habil. Hellmut **Düring**, Dipl.-Agraringenieur  
Direktor und Professor Dr. sc. agr. Rudolf **Eibach**, Dipl.-Agraringenieur  
Wissenschaftliche Oberrätin Dr. sc. agr. Margit **Harst**, Dipl.-Agraringenieurin  
Wissenschaftlicher Oberrat Dr. agr. Martin **Klenert**, Dipl.-Meteorologe  
Wissenschaftliche Rätin PD Dr. rer. nat. habil. Eva **Zyprian**, Dipl.-Biologin  
Dr. Werner **Köglmeier**, Dipl.-Biologe

Dr. rer. nat. Beatrix-Axinja **Bornhoff**, Dipl.-Biologin (bis 31.08.2003)  
Dr. rer. nat. Jörg **Diefenbach**, Dipl.-Chemiker (Projekt bis 31.01.2003)  
Birgitta **Fischer**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, DFG-Projekt bis 05/2002)  
Dr. rer. nat. Ludger **Hausmann**, Dipl.-Biologe (Projekt)  
Andreas **Jung**, Dipl.-Biologe (Doktorand)  
Ilkhom **Salakhutdinov**, Dipl. Biologe (Projekt bis 31.12.2002)  
Alexandra **Syring-Ehemann**, Dipl.-Biologin (Doktorandin, bis 31.12.2001)

## Gemeinschaftliche Einrichtungen / General Services

### Hauptbibliothek

#### Main Library

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-409 E-Mail: bafz-zb@bafz.de  
**06484 Quedlinburg** Fax: (03946) 47-255  
Leiterin/Head: Grit **Lautenbach**, Dipl.-Bibliothekarin (FH)

### Arbeitsgruppe Elektronische Datenverarbeitung

#### Data Processing Unit

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 47-261 E-Mail: bafz-dv@bafz.de  
**06484 Quedlinburg** Fax: (03946) 47-255  
Leiter/Head: Wissenschaftlicher Rat Steffen **Kecke**, Dipl.-Mathematiker

### Versuchsfelder

#### Glasshouse and Field Services

##### Ahrensburg

Anschrift/Address: Bornkampsweg 31 Tel.: (04102) 802-55 E-Mail: bafz-zz@bafz.de  
**22926 Ahrensburg** Fax: (04102) 5 11 24  
Leiter/Head: N.N.

##### Aschersleben

Anschrift/Address: Theodor-Roemer-Weg 4 Tel.: (03473) 879-145 E-Mail: bafz-er@bafz.de  
**06449 Aschersleben** Fax: (03473) 27 09  
Leiter/Head: Michael **Kleemann**, Dipl.-Agraringenieur (FH)

##### Dresden-Pillnitz

Anschrift/Address: Pillnitzer Platz 2 Tel.: (0351) 2 61 62-34 E-Mail: bafz-oz@bafz.de  
**01326 Dresden** Fax: (0351) 2 61 62-13  
Leiter/Head: Frank **Urbitsch**, Dipl.-Agraringenieur

##### Groß Lüsewitz

Anschrift/Address: Rudolf-Schick-Platz 3a Tel.: (038209) 45-400 E-Mail: bafz-lk@bafz.de  
**18190 Groß Lüsewitz** Fax: (038209) 45-120  
Leiter/Head: Hans-Jürgen **Pienz**, Dipl.-Agraringenieur

##### Quedlinburg

Anschrift/Address: Neuer Weg 22/23 Tel.: (03946) 77 91 11 E-Mail: bafz-al@bafz.de  
**06484 Quedlinburg** Fax: (03946) 77 91 18  
Leiter/Head: Steffen **Schwarz**, Dipl.-Agraringenieur

##### Siebeldingen

Anschrift/Address: Geilweilerhof Tel.: (06345) 41-172 E-Mail: bafz-rz@bafz.de  
**76833 Siebeldingen** Fax: (06345) 919050  
Leiter/Head: Wilfried v. **Heßberg**, Agraringenieur (FH)

Mitglieder des Anstaltskollegiums\*  
Members of BAZ Board of Scientists

Mitglieder ex officio

Members ex officio

Dir. u. Prof. Prof. Dr. habil. W. <b>Flamme</b>	Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Dir. u. Prof. Univ.-Prof. Dr. habil. J. <b>Grunewaldt</b>	Institut für Zierpflanzenzüchtung
Dir.'n u. Prof.'n. Dr. habil. V. <b>Hanke</b>	Institut für Obstzüchtung
Dir. u. Prof. Dr. habil. T. <b>Kühne</b>	Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik
Dir. u. Prof. Dr. habil. M. <b>Neumann</b>	Anstaltsleiter
Prof. Dr. habil. G. <b>Proeseler</b>	Institut für Epidemiologie und Resistenz
Dir. u. Prof. Dr. G. <b>Schumann</b>	Institut für gartenbauliche Kulturen
Dir. u. Prof. Dr. H. <b>Schulz</b>	Institut für Pflanzenanalytik
Dir. u. Prof. Dr. habil. R. <b>Töpfer</b>	Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
Dir. u. Prof. Priv. Doz. Dr. P. <b>Wehling</b>	Institut für landwirtschaftliche Kulturen

Zugewählte Mitglieder

Elected Members

WissOR'n Dr. C. <b>Balko</b>	Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität
Dir. u. Prof. Dr. R. <b>Eibach</b>	Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
WissOR Dr. H. <b>Junge</b>	Institut für Zierpflanzenzüchtung
Dir. u. Prof. Dr. habil. H. <b>Peterka</b>	Institut für gartenbauliche Kulturen
WissOR Dr. F. <b>Rabenstein</b>	Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik
WissOR Dr. D. <b>Ulrich</b>	Institut für Pflanzenanalytik

Ständig beratendes Mitglied

Permanent Advisory Member

WissOR Dr. L. <b>Frese</b>	Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen (Genbank)
ROAR J. M. <b>Jahn</b>	Hauptverwaltung

Ständiger Teilnehmer

Permanent Participator:

WissDir Dr. K. <b>Peter</b>	Anstaltsleitung
-----------------------------	-----------------

\* Stand 31. 12. 2001

## Mitglieder des wissenschaftlichen Beirates\* Members of the Scientific Advisory Board

### Vorsitzender Chairman

Prof. Dr. W. **Friedt**

Justus-Liebig-Universität Gießen, Institut für  
Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Gießen

### Mitglieder Members

Prof. Dr. H. **Becker**

Georg-August-Universität Universität, Institut für  
Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Göttingen  
KWS Kleinwanzlebener Saatzucht AG, Einbeck  
Fa. N. L. Chrestensen, Erfurt

Dr. A. **Büchting**

N. L. **Chrestensen**

Prof. Dr. H.B. **Deising**

Martin-Luther-Universität, Landwirtschaftliche Fakultät,  
Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz, Halle  
Martin-Luther-Universität, Landwirtschaftliche Fakultät,  
Institut für Acker- und Pflanzenbau, Halle

Prof. Dr. W. **Diepenbrock**

Prof. Dr. G. **Forkmann**

TU München, Institut für Landwirtschaftlichen und  
Gärtnerischen Pflanzenbau, Lehrstuhl für Zierpflanzenbau,  
Freising

O. **Hespeler**

Dr. K. v. **Kameke**

K.-F. **Kaufmann**

Prof. Dr. H. **Lörz**

Gärtnerei Hespeler, Wannweil  
Saka-Ragis Pflanzenzucht GbR, Windeby  
Landesbauernverband Sachsen-Anhalt, Magdeburg  
Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik,  
Hamburg

Dr. W. **Müller**

Eidgenössische Forschungsanstalt für Obst-, Wein- und  
Gartenbau, Wädenswil

Prof. Dr. K. **Schaller**

Dr. A. **Schütte**

Prof. Dr. U. **Wobus**

Forschungsanstalt Geisenheim  
Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe, Gülzow  
Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung,  
Gatersleben

### Ständige Teilnehmer Permanent Participators

Dir. u. Prof. Dr. J.M. **Greef**

Dr. G. **Gündermann**

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft, Braunschweig  
Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft,  
Braunschweig

Präsident U. v. **Kröcher**

Dir. u. Prof. Dr. M. **Neumann**

Bundessortenamt, Hannover  
Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen,  
Quedlinburg

Vertreter des

Bundesministeriums für Verbraucherschutz,  
Ernährung und Landwirtschaft, Bonn

\* Stand 31. 12. 2001

Personalvertretungen\*  
Representations of the Personnel

Hauptpersonalrat  
Representative on the BML staff council

<b>Quedlinburg</b>	Roselinde <b>Höfer</b>	Neuer Weg 22/23 <b>06484 Quedlinburg</b>	Tel.: (03946) 47-239 Fax: (03946) 47-234
--------------------	------------------------	---	---

Gesamtpersonalrat  
BAZ Staff Council

Wiss. Oberrat Dr. Hinrik <b>Junge</b>	Bornkampsweg 31 <b>22826 Ahresburg</b>	Tel.: (04102) 802-60 Fax: (04102) 5-11-24
--	---	--

Örtliche Personalräte  
Local Staff Councils

<b>Ahrensburg</b>	Helmut <b>Seehaus</b>	Bornkampsweg 31 <b>22926 Ahrensburg</b>	Tel.: (04102) 802-77 Fax: (04102) 5-11-24
<b>Aschersleben</b>	Wiss. Rat Dr. H.-Ulrich <b>Leistner</b>	Theodor-Roemer-Weg 4 <b>06449 Aschersleben</b>	Tel.: (03473) 879-160 Fax: (03473) 27 09
<b>Dresden-Pillnitz</b>	Reinhild <b>Hofmann</b>	Pillnitzer Platz 2 <b>01326 Dresden</b>	Tel.: (0351) 2 61 62-29 Fax: (0351) 2 61 62-13
<b>Groß Lüsewitz</b>	Wiss. Oberrat Eicke <b>Rudloff</b>	Rudolf-Schick-Platz 3a <b>18190 Groß Lüsewitz</b>	Tel.: (038209) 45-314 Fax: (038209) 45-222
<b>Quedlinburg</b>	Almut <b>Garve</b>	Neuer Weg 22/23 <b>06484 Quedlinburg</b>	Tel.: (03946) 47-256 Fax: (03946) 47-255
<b>Sieboldingen</b>	Ellen <b>Bräutigam</b>	Geilweilerhof <b>76833 Sieboldingen</b>	Tel.: (06345) 41-135 Fax: (06345) 919050

\* Stand 31. 12. 2001

Personalübersicht 2001  
Table of Personnel

Organisationseinheit/Institut	Wissenschaftler			Techn. Angestellte			Verwaltungs- angestellte	Ar- beiter	Ge- samt
	a)	b)	c)	a)	b)	c)			
<b>Zentrale Quedlinburg</b>									
Anstaltsleitung	2			2			2		<b>6</b>
Abteilung EDV	1			2					<b>3</b>
Bibliothek				2					<b>2</b>
Hauptverwaltung				2			20	4	<b>26</b>
Quedlinburg Zentrale Gesamt	3			8			22	4	<b>37</b>
<b>Standort Quedlinburg</b>									
Gemeinschaftliche Einrichtungen				4				9	<b>13</b>
Inst. f. Pflanzenanalytik	8	2		14	1		1	1	<b>27</b>
Inst. f. gartenbauliche Kulturen	12	1		20	3		1	1	<b>38</b>
Institute Quedlinburg Gesamt	20	3		38	4		2	11	<b>78</b>
<b>Genbank Braunschweig</b>	2			3	2			4	<b>11</b>
<b>Standort Ahrensburg</b>									
Verwaltung							3	4	<b>7</b>
Inst. f. Zierpflanzenzüchtung	6	5		12	3			11	<b>37</b>
Ahrensburg Gesamt	6	5		12	3		3	15	<b>44</b>
<b>Standort Aschersleben</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				2			1	9	<b>12</b>
Inst. f. Resistenzforsch. u. Pathogendiagnostik	9	4		16	2		1	2	<b>34</b>
Inst. f. Epidemiologie und Resistenz	9	2		13	5	1	1		<b>31</b>
Aschersleben Gesamt	18	6		31	7	1	3	11	<b>77</b>
<b>Standort Dresden</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				3			1	11	<b>15</b>
Inst. f. Obstzüchtung	5	5		14	3		1	4	<b>32</b>
Dresden Gesamt	5	5		17	3		2	15	<b>47</b>
<b>Standort Groß Lüsewitz</b>									
Verwaltung u. Gemeinschaftl. Einrichtungen				1	1		2	14	<b>18</b>
Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen	11	2	1	18	5		2	2	<b>41</b>
Inst. f. Stressphysiologie u. Rohstoffqualität	6			12	1		1	1	<b>21</b>
Groß Lüsewitz Gesamt	17	2	1	31	7		5	17	<b>80</b>
<b>Standort Grünbach</b>									
Grünbach	1							2	<b>3</b>
<b>Standort Siebeldingen</b>									
Verwalt. und Gemeinschaftl. Einrichtungen				4			5	18	<b>27</b>
Inst. f. Rebenzüchtung Geilweilerhof	8	2	1	27	4		1	9	<b>52</b>
Siebeldingen Gesamt	8	2	1	31	4		6	27	<b>79</b>
<b>BAZ Gesamt</b>	<b>80</b>	<b>23</b>	<b>2</b>	<b>171</b>	<b>30</b>	<b>1</b>	<b>43</b>	<b>106</b>	<b>456</b>

- a) planmäßiges Personal  
b) Zuwendungen Dritter  
c) DFG

### III. Bericht des Anstaltsleiters

#### Director's Report

---

Die 2001 durch die Bundesministerin für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft eingeleitete Agrarwende hat in der Politik nicht nur viel Bewegung hervorgerufen, sondern auch dazu beigetragen, dass unserem langjährigen Forschungskonzept zur Verwirklichung der Zielstellungen „gesunde Pflanze“ und damit mehr „Qualität für den Verbraucher“ stärkere Beachtung und Anerkennung entgegengebracht wird. Im Kapitel IV ist dargelegt, wie die Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) diesen Anforderungen gerecht wird und damit in der Lage ist, den speziellen Beratungsbedarf des Ministeriums abzudecken.

Der Arbeitsbericht zeigt, dass die Wissenschaftler wiederum ihre Ergebnisse in zahlreichen Beiträgen auf nationalen und internationalen Tagungen vorgestellt haben. Erfreulich ist dabei die zunehmende Anzahl von persönlichen Einladungen, die Zeugnis geben von anerkannter Kompetenz. Dem Bericht ist weiterhin zu entnehmen, in welcher Weise und in welchem Maße die Ergebnisse der Praxis zur Verfügung stehen.

Als Einrichtung des öffentlichen Dienstes sieht sich die Bundesanstalt verpflichtet, ihre Forschungsergebnisse in Bezug auf landwirtschaftlich/gärtnerische Produktion und zu Verbraucherschutz einer breiten Öffentlichkeit zu vermitteln. In besonderer Weise bot die Internationale Grüne Woche (IGW) in Berlin dazu Gelegenheit. In drei Bereichen konnten die Besucher die Arbeiten der Bundesforschungsanstalt kennen lernen. Für die Züchtung wurde dargestellt, welche Wege die BAZ bei der Forschung für die Erzeugung nachhaltig gesunder Kulturpflanzen mit hoher Qualität einschlägt und wie mit Hilfe der Biotechnologie gesunde Pflanzen mit hoher Qualität zu erzeugen sind. Bei Apfel konnten die Neuzüchtungen der BAZ dem Publikum auch zur Verkostung angeboten werden.

Damit wurde den Obsterzeugern gleichzeitig Unterstützung gegeben, denn es erweist sich generell als sehr schwierig, neue, beim Verbraucher unbekanntere Sorten am Markt zu platzieren.

Umso höher sind die Ergebnisse mit der aus der Bundesanstalt hervorgegangenen Rebsorte 'Regent' zu werten. So wurden für das Jahr 2001 nach Angaben des Statistischen Bundesamtes bzw. der Anerkennungsstellen für Rebenpflanzgut 2,2 Mio Pfropfreben dieser Sorte hergestellt. Damit liegt 'Regent' mit 8 % der insgesamt 28,2 Mio Pfropfreben an vierter Stelle (nach 'Dornfelder', 'Spätburgunder' und 'Ruländer'). Diese Zahlen spiegeln die wachsende Bedeutung dieser nicht zuletzt wegen ihrer hohen Weinqualität geschätzten pilzwidderstandsfähigen Rebsorte wider. Mit der BAZ-Rebsorte 'Regent' verfügt der deutsche Weinbau erstmals über eine Sorte, die durch ihren geringen Bedarf an chemischen Pflanzenschutzmaßnahmen dem Ziel einer ökologisch ausgerichteten Weinproduktion entspricht.

Die Ergebnisse der Reben- und der Obstforschung sind geeignet, die Praxisrelevanz unserer wissenschaftlichen Arbeit darzustellen.

In der Süß- und Sauerkirschenzüchtung wurden neben der Selektion neuer Sorten die Untersuchungen zu Fragen der Resistenz gegenüber Sprühfleckenkrankheit, *Blumeriella jaapii*, und der Monilia-Spitzendürre, *Monilinia laxa*, weitergeführt.

In der Beerenobstzüchtung konzentrierten sich die Arbeiten im Wesentlichen auf die Obstart Erdbeere. Im Jahr 2001 erhielten die Pillnitzer Sorten 'Fraroma' und 'Frabella' Sortenschutz.

Im Verbund mit anderen Bundesanstalten nutzte die BAZ im Rahmen der Senats-Wanderausstellung „Über den Tellerrand geschaut“ die Möglichkeit, die Bedeutung der Züchtungsforschung in Bezug auf die Produktion gesunder Nahrungsmittel darzustellen. Bei der Ausstellungsdemonstration in Quedlinburg wurde ein besonderer Tag für die Schulen organisiert.

Erfolg gab es auch bei der Initiative „Jugend forscht“. Schüler und Lehrer wurden an den verschiedenen Institutsstandorten mit den Arbeiten der BAZ vertraut gemacht; die Jugendforschergruppen errangen in den Disziplinen Biologie und Mathematik/Informatik bei Regional-, Landes- und Bundeswettbewerben hervorragende Ergebnisse.

Im Rahmen der Initiative der Bundesregierung richtet die BAZ derzeit zwei neue Ausbildungsplätze (Landwirt) ein und wird damit die Anzahl der Auszubildenden auf 31 erhöhen.

Am Standort Aschersleben fand eine internationale Tagung zu „New aspects of resistance research on culti-



vated plants“ statt. Daran nahmen Gäste aus verschiedenen europäischen Ländern (Großbritannien, Polen, Russland, Ungarn, Weißrussland) und aus Afrika teil.

Gemeinsam mit dem NABU wurde im November 2001 in Quedlinburg ein Workshop zum Thema „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und ökologischer Landbau“ organisiert. Mit diesem Workshop, der erstmalig Experten der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, des NABU und verschiedener anderer mit ökologischem Landbau verbundener Organisationen (u.a. Bioland, Naturland, GÄA, Demeter) zusammenführte, wurden in zahlreichen Vorträgen die Arbeitsgebiete aktueller Züchtungsforschung dargestellt und Ansätze möglicher Zusammenarbeit erarbeitet. Qualität landwirtschaftlicher und gärtnerischer Produkte beginnt bereits mit der Züchtungsforschung. Die Notwendigkeit der Züchtungsforschung und deren gesellschaftliche Leistungen für die verbraucherorientierte Entwicklung der Landwirtschaft wurde deutlich definiert.

Auch in das von der BAZ initiierte Projekt EVA 2, mit dem seit längerem Resistenzdaten ermittelt werden und das auch der Erschließung genetischer Ressourcen dient, sind „Ökozüchter“ einbezogen.

Die BAZ ist in besonderem Maße für die Erschließung pflanzengenetischer Ressourcen sowie für deren Ex-situ, In-situ- (Obst + Reben) und On-farm-Bewirtschaftung zuständig. Der Wissenschaftsrat der Bundesrepublik Deutschland gab vor einiger Zeit die Empfehlung, die Ex-situ-Sammlungen in einer Genbank zu konzentrieren. Zur Zeit laufen die Vorbereitungen, die Braunschweiger Sammlung der BAZ und entsprechendes know how nach Gatersleben zu überführen. Der BAZ wird künftig die „Genbank Obst“ als In-situ-Sammlung in Dresden Pillnitz angegliedert.

Als nationales Kompetenzzentrum für die Evaluierung genetischer Ressourcen fallen der BAZ zunehmend Aufgaben der Informationsbereitstellung zu. Dies betrifft sowohl die Sammlung, Auswertung und Präsentation von Forschungsergebnissen und den Datenaustausch über Sammlungen pflanzengenetischer Ressourcen im nationalen und internationalen Rahmen als auch die Auswertung dieser Informationen zum Zweck der wissenschaftlichen Beratung politischer Entscheidungsträger.

In mehreren Schritten wird auf der Basis eines Datenbank Management Systems (DBMS) ein möglichst webbasiertes Informationssystem in der BAZ entwickelt. Dieses System erfüllt einerseits umfangreiche Funktionen zur Unterstützung interner Abläufe (Dokumentation und Sammlung von Ergebnisdaten, methodischer Ansätze und relevanter wissenschaftlicher Literatur sowie Labormanagement) und befriedigt andererseits die Informationsbedürfnisse der Nutzer (Politik, Züchter, wissenschaftliche Einrichtungen). Ausgehend von den bereits vorhandenen Datenbeständen wird das neue Informationssystem bisher separat geführte Datenbestände und deren Funktionalitäten soweit erforderlich harmonisieren und vereinigen und darüber hinaus neue Funktionen ermöglichen.

Die im letzten Jahresbericht erwähnten, mit Hilfe der EST-Datenbankanalyse neu entwickelten Mikrosatellitenmarker konnten inzwischen in eine erste „funktionelle Genomkarte“ des Roggens mit insgesamt 56 Mikrosatellitenmarkern integriert werden. Diese und weitere zu integrierende Marker stehen nun als Werkzeuge für die gezielte Identifizierung wertgebender chromosomaler Abschnitte und Merkmalsgene in Roggen und Triticale zur Verfügung und können für wissenschaftliche Zwecke über die BAZ-Homepage angefordert werden.

Im Dezember 2001 wurde das neue Intranet für alle Institute der BAZ freigeschaltet. Die wesentlichen Inhalte der „alten“ Intranetseiten sind im neuen Auftritt integriert, neue Informationen sind hinzugekommen. Hervorzuheben ist, dass ab sofort eine Recherchemöglichkeit auf das Web of Science für alle Institute zur Verfügung steht. Damit sind weitere Verbesserungen zum Informationsgewinn gegeben.

Nachdem durch die Rekonstruktion des Instituts in Dresden-Pillnitz sehr gute Arbeitsbedingungen im Laborbereich geschaffen wurden, konnte im Jahr 2001 auch der Bau einer Versuchsgewächshausanlage mit Funktionsgebäude und Außenanlagen für das Institut für Obstzüchtung abgeschlossen werden.

Die für 2001 geplanten Aktivitäten Neubau eines Instituts- und Verwaltungsgebäudes in Quedlinburg laufen planmäßig. Zum Anfang des Jahres 2002 ist die Auswertung und Preisverleihung im Rahmen eines Architektenwettbewerbs geplant.

The turnaround in agriculture initiated in the year 2001 by the Federal Minister for Consumer Protection, Food and Agriculture did not only set off a lot of political activity. It also attracted growing attention and approval to the long-term commitment of BAZ to the breeding of „healthy plants“ and the „supply of high quality products to the consumer“. Chapter IV of the Annual Report describes the measures the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ) has taken to meet these standards and to advise the Ministry in its special areas of expertise.

In 2001, the BAZ researchers continued to communicate their results in numerous lectures and posters at national and international conferences. It is pleasant to note the growing number of invited lectures which are also a sign of acknowledged expertise. This report further points out in which way and to what extent the results are translated into practical achievements.

As a research institution of the public sector, the BAZ sees it as its obligation to inform the general public about the research results with relevance to agricultural and horticultural production as well as consumer protection. The Berlin Agricultural Show provided an excellent forum for this purpose. Visitors to the fair were introduced to three major fields of BAZ research. For the part of breeding, it was demonstrated in which direction BAZ research develops to enable a sustainable production of healthy and high-quality crops and how biotechnology contributes to reach this aim. In a special tasting, the audience was invited to test the new apple cultivars of the BAZ breeding programme.

Moreover, this campaign supported the fruit grower's cause, since it turns out to be generally very difficult to establish new varieties which are unknown to the consumer on the market.

The more important are the results stated for the grapevine variety 'Regent', the breeder's rights of which are with the BAZ. The German Federal Office of Statistics and the regional offices of grapevine classification announced for 2001 a production of 2.2 Mio grafts of the cv. 'Regent'. Hence, 'Regent', which made up 8 per cent of the 28.2 Mio grafted vines produced that year, occupies the fourth rank after 'Dornfelder', 'Spätburgunder' and 'Ruländer'. These figures reflect the growing importance of this fungus-resistant red wine which is largely appreciated, not at least, for its high wine quality. With the BAZ grapevine 'Regent', the German viticulturists dispose for the first time of a grapevine which meets the standards of an ecologically sound wine production since it requires only a minimum of chemical pest control.

The results cited for the research on grapevine and fruit may serve to demonstrate the practical relevance of our scientific work.

In the breeding of sweet and sour cherries, the selection of new varieties as well as the investigations on the resistance to *Blumeriella jaapii* and *Monilinia laxa* were continued. Among the soft fruits investigated, priority was given to strawberry. In the year 2001, the cultivars 'Fraroma' and 'Frabella' were given variety protection.

The BAZ and other federal research centres participated in a travelling exhibition which informed its visitors on the production of healthy and safe foodstuffs. The BAZ used this forum to demonstrate the contribution of breeding research to healthy nutrition. When the exhibition was shown in Quedlinburg, an Open Day for schools was organized.

Another successful balance can be drawn for the national young researchers competition „Jugend forscht“. School students and teachers became acquainted with the work done in various BAZ institutes. The teams of young researchers participated successfully with topics from the fields of biology and mathematics/computer science in the competitions at regional, Laender and federal level.

The BAZ supports the Federal Government's programme to secure training prospects for the younger generation and is now establishing two additional places for the training of farmers. This measure will increase the number of BAZ apprentices to 31.

With the topic „New aspects of resistance research on cultivated plants“ an international conference was held at Aschersleben, which was attended by guests, among others, from European countries (Great Britain, Poland, Russia, Hungary, and Belorussia) and from Africa.

In November 2001, the nature conservancy association NABU and the BAZ jointly organized the workshop „Breeding research, plant breeding and organic farming“ at Quedlinburg. This workshop united for the first time experts of the BAZ, the NABU and other organizations promoting organic farming (e.g. Bioland, Naturland, GÄA, Demeter) who addressed topical issues of modern breeding research and made initial steps towards co-operation. The quality of agricultural and horticultural products begins already at the stage of breeding research. The workshop clearly defined the necessity of breeding research and its social benefits for a consumer-oriented development of agriculture.

Organic breeders are also involved in a project called EVA 2 which the BAZ has initiated to compile research data on plant resistance on a long term basis and to evaluate genetic resources.

A priority area of BAZ work is the evaluation of plant genetic resources as well as their ex situ, in situ (fruit and grapevine in particular), and on-farm cultivation. Some time ago, the Scientific Council of the Federal Republic of Germany recommended a concentration of ex situ collections in one gene bank. At present, the transfer of the BAZ collection and its relevant know-how from Braunschweig to the Gene Bank Gatersleben is being prepared. Furthermore it is planned to integrate the Gene Bank for Fruit Resources as in situ collection into the BAZ Institute of Fruit Breeding at Dresden-Pillnitz.

As a national centre of expertise for the evaluation of genetic resources, the BAZ has to direct an ever growing attention to the provision of information. This refers to the collection, assessment and dissemination of research results and the exchange of data from collections of plant genetic resources at national and international level. In addition, the compiled information require a thorough evaluation since they are the scientific basis used to design and support policy and legislation.

In successive steps, the BAZ is building up a comprehensive web-based information system using the database management technology (DBMS). On the one hand, this system basically contributes to a rationalization of the internal workflow (documentation and compilation of research data, methodic approaches and relevant scientific literature as well as laboratory management). On the other hand, it satisfies the need for information of its various users (politicians, plant breeders, scientific institutions). Making use of the data already stored, the new information system is designed to unite separate data stocks and, if necessary, to co-ordinate their functioning. In addition, new applications are being developed.

Last year's Annual Report reviewed the novel EST-derived microsatellite markers. This report gives account of the integration of 56 microsatellites into a first „functional map“ of the rye genome. These markers and supplementary ones are an efficient tool for the precise identification of important chromosome sections and genes in rye and triticale. They are made available for non-commercial research on the BAZ homepage.

In December 2001, the new intranet presence of the BAZ was launched which integrated the well-established contents of the „old“ pages and completed them by a large variety of new items. In addition, the library services and the acquisition of information were basically improved by providing access to the search facilities of the Web of Science to all BAZ institutes.

After the reconstruction of the institute building in Dresden-Pillnitz had provided excellent working conditions in the laboratories of the Institute of Fruit Breeding, the year 2001 was marked by the construction of the greenhouse complex and its technical maintenance ward and outdoor area.

The activities for the construction of a new laboratory and administrative building in Quedlinburg were making progress according to the 2001 schedule. For early 2002, it is planned to make a final selection from among the contributions to the architectural competition and to award prizes to the winners.

## IV. Forschung Research

---

### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute for Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

Das Institut für Zierpflanzenzüchtung (IZZ) ist aus einer 1948 von R. v. Sengbusch gegründeten Forschungsstelle hervorgegangen, die 1959 den Status eines eigenständigen Max-Planck-Institutes für Kulturpflanzenzüchtung erhielt. Im Jahre 1970 wurde diese Einrichtung als Bundesforschungsanstalt für Gartenbauliche Pflanzenzüchtung in den Geschäftsbereich des Bundesministers für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten übernommen. Zu den Forschungsaufgaben gehörte die züchterische Bearbeitung von Gemüse- und Zierpflanzenarten sowie von Baumobst. Die BFA für Gartenbauliche Pflanzenzüchtung wurde 1990 geschlossen und als Institut für Gartenbauliche Pflanzenzüchtung mit dem Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof vereinigt. Bereits 1993 erfolgte dann die Zuordnung als Institut für Zierpflanzenzüchtung zur Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen. Die Züchtungsvorhaben an Gemüsearten sind eingestellt, die an Obstarten werden abgeschlossen und teilweise an das Institut für Obstzüchtung der BAZ in Dresden-Pillnitz verlegt. Das Institut für Zierpflanzenzüchtung hat jetzt die Aufgabe, bei ein- und mehrjährigen krautigen und verholzenden Pflanzenarten Zuchtmethoden zu erarbeiten und genetisch definiertes Basismaterial zu erstellen. Dabei stehen Aspekte der gesunden Pflanze und der Produktqualität im Vordergrund.

Die Auswahl der zu bearbeitenden Zierpflanzen erfolgt unter dem Gesichtspunkt ihrer wirtschaftlichen Bedeutung und der Zugänglichkeit für eine züchterische Veränderung. Berücksichtigung finden insbesondere Vertreter aus den großen Produktionssegmenten „Gehölze“, „Stauden“ und „Unterglaskulturen“.

Mit dieser Vorgabe werden zur Zeit hauptsächlich bearbeitet: *Cyclamen*, *Erica*, *Euphorbia* (u. a. Weihnachtsstern), *Dahlia*, *Begonia*, *Rhododendron* und *Rosa*. *Tibouchina*, *Ruellia* und *Clerodendrum* stellen Ausgangsmaterial für die Entwicklung „Neuer Zierpflanzen“.

Neben den klassischen Methoden zur Schaffung genetischer Vielfalt werden die Mutationsinduktion *in vitro*, die Gewinnung Homozygoter aus Mikro- und Makrosporen, die Fusion von Protoplasten und die Transformation angewendet. Die Zuordnung wirtschaftlich bedeutender Gene zu Kopplungsgruppen und die Markierung dieser Gene mit selektierbaren Markern soll die Effizienz der Selektion erwünschter, seltener oder erst an ausgewachsenen Pflanzen erkennbarer Kombinationen steigern. Die Identifizierung von Genotypen, vornehmlich mit Hilfe molekularer Marker, gewinnt auch für die Durchsetzung von Sortenschutzrechten und die Charakterisierung „abgeleiteter“ Zierpflanzensorten zunehmend an Bedeutung.

Als wesentliche Forschungsergebnisse sind zu nennen:

- *Rhododendron*: Verwendung von *Rhododendron micranthum*, *Rhododendrum ferrugineum* (Abbildung 1) und anderer Arten als Kreuzungselter zur Entwicklung „kalktoleranter“ *Rhododendron*-Formen.



Abb. 1: F<sub>1</sub> aus der Kreuzung *Rh. ferrugineum* mit *Rh. micranthum*

Fig. 1: F<sub>1</sub> out of the cross *Rh. ferrugineum* and *Rh. micranthum*

- *Rosa*: Anwendung eines *Agrobacterium* vermittelten Transformationssystems mit somatischen Embryonen, die Regeneration von Rosen aus fusionierten Protoplasten, die Kartierung des Rosengenomes, die Ermittlung der Populationsdynamik von Rosenblüten schädigenden unterschiedlichen Thripsarten, die Charakterisierung der lokalen Population der Erreger des Sternrußtaues (*Marssonina rosae*) bzw. des Mehltaus (*Sphaerotheca pannosa*) und die Selektion resistenter bzw. toleranter Rosengenotypen gegen diese beiden Erreger.
- *Cyclamen*: Anwendung des *Agrobacterium*-vermittelten Transfers unspezifisch wirkender Gene gegen pilzliche Erreger, vor allem *Fusarien* und Selektion transgener Pflanzen mit ausgeprägter Pilztoleranz.
- *Calluna vulgaris*: Erstellung von „Fingerprints“ zur Beschreibung von Kreuzungseltern und deren Nachkommen, spontanen Mutanten und deren Ausgangssorten und der Homogenität innerhalb von Klonsorten, Entwicklung von „Knospenblühern“.
- *Erica gracilis*: Aufstellung eines Differentialsortimentes für den Erreger der Stengelgrundfäule (*Cylindrocladium scoparium*), Erstellung von „Fingerprints“ zur Genotypidentifizierung und Entwicklung von Basimaterial mit neuen Blütenfarben, langer Blühdauer, verändertem Habitus und Toleranz gegen biotische und abiotische Schadfaktoren.
- *Dahlia*: Genetische Analyse wirtschaftlich bedeutender Merkmale, zuchtmethodische Untersuchungen, Analyse der Abstammung der kultivierten Dahlie zur Resynthese und Verbreiterung der genetischen Basis und Untersuchungen zur Dahlien-Systematik (Abbildung 2).
- *Euphorbia* und *Jatropha*: Übertragung des „Verzweigungsfaktors“ aus *E. pulcherrima* in *E. fulgens* und in *Jatropha integerrima* (Figure 3), so dass deren Nutzung als Topfpflanze große Marktchancen erhält.
- *Tibouchina*: Nach Bestrahlung mit Röntgenstrahlen die Induktion von Mutanten mit kurzen Internodien, die als kompakte Wuchsformen ohne Anwendung von chemischen Stauchemitteln verwendet werden.
- *Apfel*: Kartierung des Apfelgenomes, vor allem der Mehltau- und Schorfloci, die Identifizierung von RAPD-Markern für die Mehltaresistenz aus *Malus zumi* und den Apfelschorflocus  $V_t$ , die Identifizierung der Rasse 6 des Apfelschorfes und die Selektion von Leistungstypen, deren Sortenwert derzeit geprüft wird.



Abb. 2: *Dahlia* Wildform als Resynthese-Elter

Fig. 2: *Dahlia* wild species used for resynthesis

The Institute for Ornamental Plant Breeding (IZZ) originates from the v. Sengbusch Research Station founded in 1948, and integrated into the Max-Planck-Society as Institute for Research on Cultivated Plants in 1959.

In 1970 this Institute was taken over by the Federal Ministry of Agriculture as Federal Centre for Breeding Research on Horticultural Plants. The research activities were concentrated on vegetables, ornamentals and later on fruit trees, as well.



Abb. 3: *Jatropha integerrima* als Ausgangsform für verzweigte Genotypen

Fig. 3: *Jatropha integerrima* as basic material for branched genotypes

After a very short reunion with the Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof the former Institute for Horticultural Plant Breeding was in 1993 assigned as Institute for Ornamental Plant Breeding to the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ). The breeding research in vegetables is ceased, those in fruit species will be completed and partly transferred to the BAZ Institute for Fruit Breeding at Dresden-Pillnitz.

The Institute for Ornamental Plant Breeding is now in charge to develop breeding methods in annual and perennial plant species, and to make basic material available. In this connection aspects of plant health and product quality are to the fore.

The selection of ornamentals investigated is performed according to their economic importance and the chance of genetic alteration. Mainly members of the production segments shrubs, perennials and glass house crops are considered. Under these prerequisites *Cyclamen*, *Erica*, *Euphorbia*, *Dahlia*, *Begonia*, *Rhododendron*, and *Rosa* are investigated. *Tibouchina*, *Ruellia*, and *Clerodendrum* are basic material to develop „New Ornamentals“.

Besides classical methods to increase genetic variability, the mutation induction *in vitro*, the production of homozygotes out of micro and macro spores, the fusion of protoplasts, and the transformation is performed. The mapping of economic important genes and their labelling is used to increase the selection efficiency of seldom occurring or only in grown up plants detectable combinations. The identification of genotypes with molecular markers gains importance also for the protection of breeders rights.

Important research results are:

- *Rhododendron*: the use of *R. micranthum*, *R. ferrugineum* and other species as cross parent to develop „lime tolerant“ *Rhododendron* types (Figure 1).
- *Rosa*: the use of an *Agrobacterium* mediated transformation system with somatic embryos, the regeneration of *Roses* out of fused protoplasts, the mapping of the *Rosa* genome, the description of the different Thrips damaging rose flowers, and the selection of Rose genotypes resistant or tolerant against black spot (*Marssonina rosae*) and mildew (*Sphaerotheca pannosa*).
- *Cyclamen*: the use of *Agrobacterium* to transfer unspecific resistance genes against fungi, mainly *Fusarium*, and selection of transgenic plants with high fungal tolerance.
- *Calluna vulgaris*: the description of cross parents and their progenies, spontaneous mutants and their mother varieties as well as homogeneity within clone varieties using fingerprints; release of bud bloomers.
- *Erica gracilis*: the selection of a differential set for *Cylindrocladium scoparium*, the development of fingerprints to identify genotypes, and the generation of stock material with bright new colours, extended blooming period, altered habitus and tolerance to biotic and abiotic stress.
- *Dahlia*: Genetic analysis of economically important traits, testing of breeding methods, analysis of origin of the cultivated Dahlia for resynthesis and increasing the genetic basis, and investigation on the taxonomy of Dahlia (Figure 2).
- *Euphorbia* and *Jatropha*: the transfer of the „branching“ factor from *E. pulcherrima* into *E. fulgens* and *Jatropha integerrima* resulting in a high pot plant potential (Figure 3).
- *Tibouchina*: the selection of X-ray induced mutants with reduced internode length as prototypes for pot plants.
- *Apple*: the genome mapping, the identification of RAPD markers for mildew resistance out of *Malus zumi* and the apple scab locus  $V_f$ , and the selection of potential new varieties.

# 1. Gentechnologie Gene technology

## 1.1. Genetische und molekularbiologische Charakterisierung der Sternrußtauresistenz aus *Rosa multiflora*

### Genetic and molecular characterization of black-spot resistance from *Rosa multiflora*

Debener, T.; Kaufmann, H.; Mattiesch, L.; Blechert, O.; Gusick, C.; Hattendorf, A.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Entwicklung sternrußtauresistenter Rosensorten durch die Einkreuzung von Resistenzen aus Wildarten erfordert ein längerfristiges Zuchtprogramm, das mehrere Rückkreuzungsgenerationen beinhaltet. Dieser Zeitraum kann durch den Einsatz molekularer Marker verkürzt werden, indem eng mit der Resistenz gekoppelte Marker zur markergestützten Selektion herangezogen werden. Darüber hinaus können Markertechniken eingesetzt werden, um den mit der Resistenz eingekreuzten Genomanteil der Wildart, der für Rosensorten unerwünschte Eigenschaften mit sich bringt, schneller zurückzudrängen.

Breeding of rose cultivars which are resistant to blackspot, the most important fungal disease in the field, is a very time consuming process. To reduce this time period, molecular markers tightly linked to the resistance gene may be

used for marker assisted selection procedures. Marker techniques may also be applied to reduce the proportion of the wild species genome, which has been transferred together with the resistance and which is responsible for undesired morphological characters.

#### Ergebnisse:

Die Arbeiten an der Feinkartierung des Resistenzgens *Rdr1* wurden 2001 fortgeführt. Dabei wurde ein Schwerpunkt der Arbeiten auf die Untersuchung und Erweiterung des bereits im Jahr 2000 begonnenen Kontigs um das Resistenzgen *Rdr1* gesetzt. Hier traten Probleme durch repetitive DNA-Elemente im Bereich des bisher erstellten Kontigs auf, die eine eindeutige Zuordnung vieler BAC-Endfragmente erschwerte. Da auf dem Kontig eine größere Familie von Resistenzgenanalogen mit hoher Sequenzähnlichkeit zueinander vorhanden ist, war auch die Zuordnung und Kartierung von Kandidatengen schwierig. Außerdem erwies sich die Heterozygotie der Rose als Hindernis, da zusätzliche Polymorphismen zwischen sonst homologen BAC-Klonen die Anordnung verschiedener BACs nur nach aufwändigen Analysen möglich machten. Trotzdem konnten drei neue BAC-Klone durch Hybridisierung der BAC-Genbank aus *Rosa rugosa* mit verschiedenen Endfragmenten dem Kontig zugeordnet werden, wodurch das Kontig um ca. 120 kb erweitert wurde (Abbildung 1). Zur Zeit werden die entsprechenden Endfragmente in spaltenden Nachkommenschaften getestet.

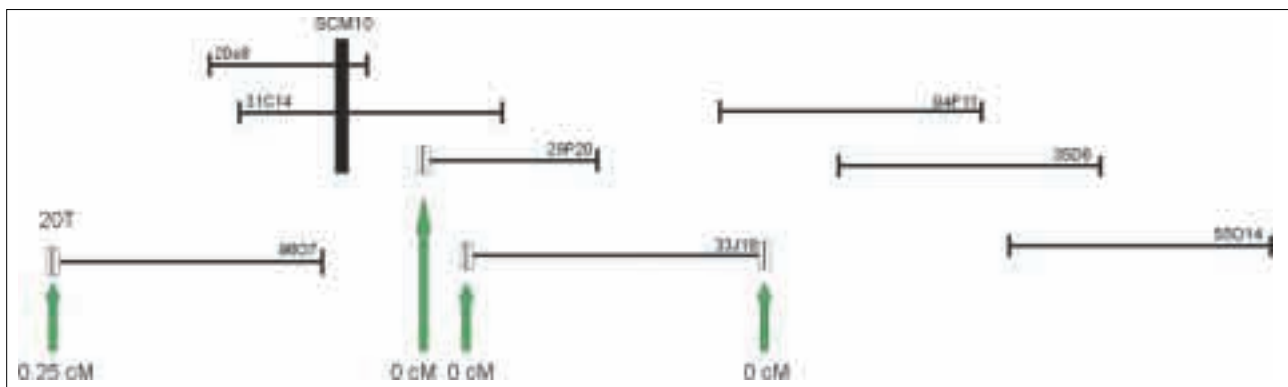


Abb. 1: Kontig überlappender BAC-Klone in der Nähe des Resistenzgens *Rdr1*

Fig. 1: Kontig with overlapping BAC-clones around the resistance gene *Rdr1*

Ein zweiter Schwerpunkt lag in der Isolierung neuer Marker, die auf der telomeren Seite von *Rdr1* engere Kopplung als die bisher isolierten Marker aufweisen. Der ursprünglich auf der zentromeren Seite mit 0,75 cM am dichtesten gekoppelte Marker *Rd1* musste nach Korrekturen in den Boniturdaten in den diploiden Populationen ohne Rekombination zu *Rdr1* platziert werden, bleibt aber in tetraploiden Populationen weiterhin durch eine Rekombinante von *Rdr1* getrennt. Durch eine neue Analyse von bulks anfälliger und resistenter Pflanzen sowohl mit konventionellen AFLPs als auch mit einer Kombination von AFLPs und degenerierten Kandidatengenprimern für Resistenzgenanalogue wurden sechs neue Marker identifiziert, von denen zwei enger an *Rdr1* gekoppelt waren. Insgesamt wurden bisher 696 Primerkombinationen getestet. Für

einen dieser Marker wurden bereits BAC-Klone isoliert, deren Endfragmente zur Zeit auf Rekombination zu *Rdr1* untersucht werden, um sie dann auf dem Kontig zu positionieren.

Für die schnellere Identifizierung von Kandidatengen für *Rdr1* wurden parallel zur Verwendung von degenerierten Primern in Kombination mit AFLP-Primern auch Resistenzgenanalogue Sequenzen (RGAs) kloniert und weiter untersucht. Dazu wurden in einem ersten Ansatz durch RT-PCR mit drei degenerierten Primerpaaren nach Kanazin et al. (1996) und Pan et al. (2000) zunächst nur exprimierte RGAs amplifiziert und sequenziert. Von den insgesamt 82 sequenzierten Klonen konnten 77 nach Datenbankvergleichen als RGAs identifiziert werden. Von diesen wurden 34 verschiedene Klone, die keine Stopkodons enthielten, für

weitere Untersuchungen verwendet (Tabelle 1). Diese Klone wurden durch RGAs vom Kontig um Rdr1 ergänzt, die von den entsprechenden BAC-Klonen isoliert wurden. Ein direkter Sequenzvergleich der sequenzierten RGAs ergab, dass die meisten Klone eine relativ geringe Ähnlichkeit auf der DNA-Ebene aufweisen und nur zwei Gruppen mit Klone relativ hoher Ähnlichkeit vorhanden sind. Die Untersuchung der Verteilung einzelner Klone in den Teilbanken für jedes Primerpaar ergab, dass offensichtlich jede Primerkombination für sie typische Sequenzen mit relativ geringer Ähnlichkeit zu den anderen RGA-Sequenzen amplifiziert. (Tabelle 2). Aus jeder Klonegruppe wurden die auf der DNA-Ebene am weitesten voneinander entfernten Klone für eine Lokalisierung im Rosengenom ausgewählt und als CAPS- oder SSCP-Marker kartiert. Ein Klon von bisher zwölf getesteten wies eine geringe Kopplung zentromerisch zu Rdr1 auf.

Abstract:

Efforts to fine map and clone Rdr1, a gene conferring resistance to blackspot was continued in 2001. Due to the presence of repetitive DNA elements and the high heterozygosity of roses problems occurred during the assembly of new clones into the contig. However, three new clones extending the contig of about 120 kb could be identified. Though several markers without any recombination to Rdr1 are available new markers with few recombinants telomeric of Rdr1 have to be identified in order to shorten the process of chromosome walking. Apart from AFLPs and AFLP-RGA primer combinations cloned and sequenced RGAs are currently used to identify new candidate sequences.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hamburg, Lörz, H.; Kaufmann, H.; Firma Rosen Tantau, Uetersen; Firma Kor-des Söhne, Sparrieshoop; Firma Noack Rosen, Gütersloh. (BAZ-6131)

Tab. 1: Liste der sequenzierten, exprimierten RGAs aus Rosen  
Table 1: List of the sequenced, expressed RGAs from roses

	sequenzierte Klone gesamt	RGA's	RGA's ohne Stop-Codon	unterschiedliche RGA's ohne Stops
<b>DERES</b>	34	34	28	18
<b>3</b>	21	18	14	8
<b>11</b>	26	25	20	8
<b>gesamt</b>	<b>81</b>	<b>77</b>	<b>62</b>	<b>34</b>

Tab. 2: Analyse der sequenzierten RGAs aus Rosen in bezug auf ihre Häufigkeit (in %) in den Teilgenbanken

Table 2: Analysis of the frequency (%) of sequenced RGAs in the different sublibraries

Sonden	DERES	3	11	33J18
D1-A2	37	0	0	0
D1-B1	2	1	0	0
D1-D13	46	0	0	0
D1-F1	~ 50	0	0	0
D1-M1	38	0	1	0
3a-A7	5	9	0	0
3a-C2	0	37	0	0
3a-C12	0	18	0	0
3a-L5	0	6	0	0
11a-G2	0	2	38	0
11a-G8	0	1	17	0
11a-H10	0	0	3	0
11b-E10	0	0	47	0
11b-L4	0	0	0	0
33J18-3-C5	0	0	0	~ 95
33J18-4-F24	0	0	0	~ 95

## 1.2. Induktion von Resistenzen gegenüber pilzlichen Schaderregern in Rosen durch Transformation mit Genen für antifungale Proteine

**Induction of resistances to fungal diseases in roses via transformation of genes for antifungal proteins**  
Dohm, A.; Ludwig, C.; Schilling, D.; Debener, Th.

Zielsetzung/Aim:

In der Rosenzüchtung gewinnen aufgrund eines verstärkten Umweltbewusstseins der Verbraucher und einer veränderten Pflanzenschutzmittelgesetzgebung Krankheitsresistenzen als Zuchtziele immer größere Bedeutung. Neben Insekten wie Thripsen und Läuse sind die pilzlichen Krankheiten Sternrußtau und Mehltau besonders wichtig. Die Einkreuzung von Resistenzgenen aus Wildarten wird behindert durch die unterschiedlichen Ploidiestufen verschiedener Rosenarten und die mögliche Kopplung der angestrebten Resistenzen mit unerwünschten Merkmalen. Eine Alternative stellt das gezielte Einbringen von Resistenzgenen durch Transformation dar. Dieses Verfahren bietet außerdem den Vorteil, dass rassenunspezifische Resistenzgene aus anderen Pflanzenarten oder sogar aus anderen Organismen eingebracht werden können, die vermutlich zu dauerhaften Resistenzen führen. Als potentielle, nicht rassenspezifische Resistenzgene gegen Sternrußtau und Mehltau wurden verschiedene Gene für Ribosomen inhibierende Proteine, Chitinasen und Glucanasen



aus Gerste (von G. Jach, MPI Köln zur Verfügung gestellt) sowie das T<sub>4</sub>-Lysozym-Gen (von K. Düring, MPB Köln erhalten) verwendet. Diese Gene wurden mit Hilfe des *Agrobacterium tumefaciens* vermittelten Gentransfers und Regeneration über somatische Embryogenese in Rosen transformiert.

Depending on an enhancing ecological awareness and a changing plant protection legislation in rose breeding, resistances are becoming more and more important. Besides insects like thrips and aphids the fungal diseases blackspot and powdery mildew are of main economical importance. The integration of resistance genes via crosses with wild species is complicated due to varying ploidy levels in rose species and a possible linkage of resistance genes with undesired traits. Alternatively, resistance genes can be transferred via transformation. One advantage of this strategy is the possibility to include non race specific resistance genes from other plant species or even from other organisms. These genes are expected to ensure long term resistances. Potential candidates for non race specific resistance genes against blackspot and powdery mildew are genes for ribosome inhibiting proteins, chitinases and glucanases from barley, which were kindly provided by G. Jach (MPI, Cologne) as well as the T<sub>4</sub>-Lysozyme gene, which was isolated by K. Düring (MPB, Cologne). These genes were transferred into roses via *Agrobacterium tumefaciens* mediated gene transfer and subsequent plant regeneration by somatic embryogenesis.

Ergebnisse:

Im Berichtsjahr 2001 wurden die mit den oben genannten Genen transformierten Pflanzen abschließend hinsichtlich ihrer Resistenz gegen Sternrußtau, der wichtigsten Pilzerkrankung von Gartenrosen, analysiert. Eine deutliche Reduktion der Anfälligkeit im Vergleich zu nicht transformierten Kontrollpflanzen um etwa 40 % wurde mit einem Konstrukt erreicht, in dem ein Gen für ein Ribosomen inaktivierendes Protein aus Gerste mit einem Gen für ein Signalpeptid aus Kartoffel kombiniert ist. Das Signalpeptid vermittelt den Transport des Ribosomen inhibierenden Proteins in den extrazellulären Raum. Die übrigen Konstrukte führten zu keiner signifikanten Reduktion der Anfälligkeit gegen Sternrußtau.

Weiterhin wurden in Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe von Prof. Forkmann der TU München Transformationen mit einem anti-sense-Konstrukt des Flavonol-Hydroxyl-Transferase-Gens aus Apfel durchgeführt. Dieses Gen bewirkt eine Blockade im Flavonstoffwechsel und führte nach Transformation in Apfel zu erhöhter Pilzresistenz.

Ein wesentlicher Schwerpunkt der Transformationsarbeiten lag weiterhin auf der Entwicklung von alternativen Selektionsstrategien, um auf den Einsatz von Antibiotikaresistenzen verzichten zu können. Einerseits stehen Gene für verschiedene Enzyme zur Verfügung, die im Zuckerstoffwechsel der Pflanzen für die Nutzbarmachung bestimmter Zucker von Bedeutung sind. Voraussetzung für ihren Einsatz als Selektionsmarker ist, dass die transformierte Pflanze den entsprechenden Zucker nur mit Hilfe

des Enzyms nutzen kann. Um diese Information für Rosen zu erhalten, wurde somatische Embryonen der Sorte 'Pariser Charme' auf Medien mit verschiedenen Zuckerkombinationen kultiviert und die Sprossregenerationrate ermittelt. Die Ergebnisse fasst zusammen: Einige alternative Zucker wie Xylose oder Fructose führten im Mittel zu signifikant höheren Regenerationsraten als die standardmäßig genutzte Saccharose. Weiterhin ergab sich ein signifikanter Effekt der Kalluslinie, von der die somatischen Embryonen stammten, so dass sich keine einheitliche Selektionsschwelle ermitteln lässt. Ein ähnliches Bild zeigte sich in Versuchen mit 2-Deoxyglucose (2-DOG). 2-DOG wird im Cytosol zu 2-DOG-6-Phosphat phosphoryliert, das für Pflanzenzellen toxisch ist. In Tabak führte die konstitutive Expression des Enzyms 2-DOG-6-Phosphat-Phosphatase aus Hefe zu Resistenz gegenüber 2-DOG. Auch für 2-DOG war die Konzentration, bei der die Regeneration der somatischen Embryonen vollständig unterdrückt war, signifikant abhängig vom Rosengenotyp und der Kalluslinie. Aufgrund dieser Ergebnisse ist die Nutzung der zur Verfügung stehenden Enzyme aus dem Zuckerstoffwechsel für das hier genutzte Transformationssystem nicht praktikabel.

Eine weitere Selektionsmöglichkeit stellt die Kultivierung von Rosensprossen auf Substraten mit geringeren Eisenkonzentrationen dar, worauf Rosenpflanzen innerhalb weniger Wochen mit deutlichen Chlorosen reagieren. Robinson et al. (Nature 397, S. 694 – 697, 1999) isolierten aus *Arabidopsis thaliana* ein Gen, das durch pH-Wert-Absenkung in der Rhizosphäre eine erhöhte Eiseneffizienz vermittelt. Dieses Fro2-Gen wurde in somatische Rose-embryonen transformiert und insgesamt 42 unabhängige Fro2-transgene Sprosse regeneriert. Die Etablierung eines *in vitro* Tests auf verbesserte Eiseneffizienz war nicht erfolgreich, so dass eine Stichprobe der transgenen Sprosse bewurzelt wurde. Diese Pflanzen werden in laufenden Versuchen im Vergleich zu nicht transgenen Kontrollpflanzen in Substraten kultiviert, deren pH-Wert höher 7 eingestellt wurde.

Weiterhin wurden die Versuche zur Etablierung eines *in planta* Transformationssystems fortgesetzt. Bereits im Vorjahr wurden in Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe von C. Poncet an der INRA, Antibes, Rosenpflanzen im Gewächshaus mit Agrobakterien-Wildstämmen infiltriert, die aus Rosen isoliert und mit einem pBin 19-Konstrukt + GUS-Intron-Gen transformiert worden waren. Die infiltrierten Pflanzen waren systemisch mit Agrobakterien infiziert, was sich anhand von GUS-Expression männlicher und weiblicher Blütenorgane zeigte (s. Abbildung 1). Der Analyse von über 200 Blüten infiltrierter Pflanzen im GUS-assay zufolge zeigten etwa 50 % der Blüten GUS-Expression, wobei die Frequenzen in Abhängigkeit vom verwendeten Agrobakterienstamm und von Experiment zu Experiment schwankten. Um zu überprüfen, ob das GUS-Gen stabil in die Keimzellen integriert wird oder ob es sich lediglich um transiente Expression handelt, wurden die infiltrierten Pflanzen im laufenden Jahr in Kreuzungen sowohl als Pollenspender als auch als mütterlicher Elter eingesetzt. Etwa 70 % der bestäubten Blüten entwickelte

sich zu Hagebutten. Aus den Hagebutten konnten insgesamt nahezu 6000 Samen geerntet werden, die z. Zt. ausgesät werden. Die daraus hervorgehenden Keimlinge sollen auf GUS-Expression überprüft werden. Da die verwendeten *Agrobacterium*-Wildstämme auf ihren Ti-Plasmiden noch die Gene für Nopalin- bzw. Octopinsynthese tragen, bilden die infiltrierten Rosen an ihren Wurzelhälsen gelegentlich Tumore. Zudem treten morphologische Abweicher auf, die sich in veränderten Blatt- und Blütenformen sowie in verkürzten Internodien äußern. Die Phänomene ähneln denen somaklonaler Varianten nach *in vitro* Regeneration und sind demnach auf die erhöhte Hormonproduktion infolge der Agrobakterieninfektion zurückzuführen.

**Abstract:**

In 2001 transgenic rose plants with different combinations of antifungal genes were analysed for their resistance to blackspot, which is the economical most important disease of garden roses. A significant reduction of susceptibility to blackspot of about 40 % compared to non transgenic control plants was achieved with a barley ribosome inhibiting protein fused to a plant secretion peptide from potato. Further transformation experiments were performed with an antisense construct of the FHT-gene from apple, which was provided by Prof. Forkmann and his group (TU Munich).

In order to find alternatives to selectable markers based on antibiotics, the possibility to use particular enzymes for sugar metabolism was tested. As one prerequisite for this strategy plants must be unable to metabolise the corresponding sugar. But our studies on the effectiveness of various carbon sources on adventitious shoot formation of somatic embryos revealed even higher regeneration frequencies for some alternative sugar formulations than for sucrose, which is routinely used as carbon source in MS culture medium. Furthermore, the varying response of somatic embryos originating from different calli complicates the determination of an appropriate media formulation for selection (Table 1). As a consequence, the use of enzymes for sugar metabolism as an alternative selection strategy in roses seems to be difficult.

Because rose plants respond to reduced iron supply with chlorotic leaves within a few weeks, a gene making plants „iron efficient“ seems to be a suitable selection marker. For this purpose transformation experiments were performed with the Fro2-gene from *Arabidopsis thaliana* (Robinson et al. Nature, 397, pp. 694 – 697, 1999), which encodes a ferric chelate reductase. In running experiments clones of 42 different transgenic plants are tested for enhanced iron efficiency compared to control plants by cultivation in substrates of pH 7.

In order to establish an *in planta* transformation system, greenhouse grown rose plants were infiltrated with *Agrobacterium tumefaciens* wild strains, which had been isolated out of roses and were transformed with an additional plas-

mid carrying a GUS(Int) gene by the group of C. Poncet (INRA, Antibes). As a consequence, the infiltrated plants proved to be systemically infected with agrobacteria. On average about 50 % of the analysed flowers showed GUS expression of pollen or pistils (Figure 2), although the frequencies varied between independent plants and infiltration experiments. Furthermore, abnormalities of various morphological characters due to *Agrobacterium* infection were observed, for example tumor formation, decreased plant growth, abnormal branching types as well as deviating leaf and flower morphology. Because the expression of a transgene in germ cells does not guarantee its stable transmission in crosses, the infiltrated plants were used in crossing experiments. 70 % of the pollinated flowers formed hips. From these, almost 6000 seeds were harvested and sown. The emerging seedlings will be analysed for GUS-expression.



Abb. 1: Blüte einer mit *A. tumefaciens* infiltrierten Rosenpflanze mit GUS-Expression in Antheren und Stempeln

Fig. 1: Flower of rose plant showing GUS-expression in anthers and pistils due to infiltration with *A. tumefaciens*

In Zusammenarbeit mit: Fa. W. Kordes' Söhne, Klein Offenseth Sparrieshoop; Fa. Noack's Rosen, Gütersloh; Fa. Rosen Tantau, Uetersen; INRA, Antibes, AG Prof. Forkmann, TU München (BAZ-6136)

Tab. 1: Sprossregeneration somatischer Embryonen der Rosensorte 'Pariser Charme' in Abhängigkeit von der C-Quelle im Kulturmedium

Table 1: Shoot regeneration of somatic embryos of the rose cultivar 'Pariser Charme' in relation to the sugar composition of the culture medium

C-Quelle	Somatische Embryonen von der Kalluslinie						Mittelwert
	1	2	3	4	5	6	
3 % Saccharose	28 %	19 %	4 %	0 %	25 %	3 %	13 %
1.5 % Saccharose	13 %	17 %	2 %	4 %	16 %	1 %	9 %
3 % Xylose	<b>48 %</b>	22 %	<b>24 %</b>	<b>14 %</b>	<b>51 %</b>	4 %	<b>27 %</b>
1.5 % Saccharose + 1.5 % Xylose	23 %	20 %	9 %	9 %	33 %	5 %	17 %
3 % Mannose	0 %	0 %	0 %	0 %	4 %	1 %	1 %
1.5 % Mannose + 1.5 % Saccharose	18 %	20 %	20 %	12 %	38 %	4 %	19 %
3 % Glukose	5 %	21 %	2 %	7 %	32 %	6 %	13 %
1.5 % Glukose + 1.5 % Saccharose	15 %	18 %	2 %	9 %	32 %	2 %	14 %
3 % Mannit	0 %	0 %	0 %	0 %	3 %	4 %	2 %
1.5 % Mannit + 1.5 % Saccharose	43 %	12 %	20 %	11 %	25 %	<b>8 %</b>	18 %
3 % Fructose	28 %	<b>33 %</b>	11 %	11 %	46 %	4 %	<b>23 %</b>
1.5 % Fructose + 1.5 Saccharose	18 %	24 %	22 %	7 %	30 %	3 %	17 %
1.5 % Saccharose + 3 % PEG 8000	8 %	14 %	16 %	7 %	28 %	3 %	13 %

Fett gedruckte Zahlen repräsentieren die jeweils höchste Regenerationsrate der einzelnen Kalluslinien.

Bold numbers represent the highest regeneration frequency of the particular callus lines.

### 1.3. Untersuchungen zur Stabilität von transgenen *Rosa x hybrida* Genotypen

#### Analyses of transgene expression in *Rosa x hybrida* genotypes

Marschke, J.; Dohm, A.; Debener, T.

#### Zielsetzung/Aim:

Rosen gehören aufgrund ihrer ökonomischen Relevanz und ihrer weiten Verbreitung zu den weltweit bedeutendsten Ziergehölzen. Nachdem sich die Züchtungspraxis der vergangenen Jahrzehnte im wesentlichen sehr einfacher konventioneller Strategien bediente, werden seit einigen Jahren zunehmend modernere Techniken aus dem Bereich der pflanzlichen Biotechnologie und der Molekularbiologie angewandt. In diesem Zusammenhang wird u.a. zur Verbesserung des Zierwertes und der Resistenzeigenschaften in verschiedenen Forschungslabors an der Herstellung transgener Rosen gearbeitet.

Bevor transgene Rosen langfristig auch kommerziell genutzt werden können, müssen vor einer Freisetzung bzw. Inverkehrbringung verschiedene Parameter der Stabilität der eingebrachten Merkmale untersucht werden, da für Gehölze bisher kaum Informationen über diese Problematik verfügbar sind.

Concerning their economic importance and their widespread distribution, roses belong to the most important ornamentals worldwide. Apart from classical breeding strategies that dominate present day breeding, increasing efforts are underway to utilise biotechnological methods for the generation of new genotypes with enhanced resistance to pests and pathogens and increased ornamental characters. However, almost no information about the stability of transgenes in woody perennials is available up to

date. Therefore, it is necessary to obtain basic information about transgene stability in roses before they can be utilised safely on a commercial level.

#### Ergebnisse:

Im Rahmen eines Verbundprojektes „Grundlagen für die Risikobewertung bei der Freisetzung gentechnisch veränderter Gehölzpflanzen“ (finanziert durch das Umweltbundesamt und das Umweltministerium Schleswig-Holstein) sollen grundlegende Daten zur Stabilität von „Transgenen“ in Rosen untersucht werden. Dabei sollen die spezifischen Eigenarten von Rosen als vegetativ vermehrtem Ziergehölz, wie z.B. die lange Lebensdauer, die Vermehrung der meisten Sorten durch Veredelung auf Unterlagen sowie die hohen Vermehrungsraten berücksichtigt werden. Insbesondere sollen die Stabilität der Genexpression innerhalb einzelner Pflanzen, zwischen verklonten Pflanzen über mehrere Generationen, zwischen Nachkommen und Mutterpflanzen nach Auskreuzungen sowie nach der Einwirkung von Hitze- und UV-Stress untersucht werden.

Ab Juni 2001 wurde mit der Herstellung vegetativer sowie generativer Nachkommenschaften von Rosengentypen begonnen, die das Gus-Intron Gen tragen. Dazu wurden Kreuzungen zwischen neun transgenen Linien der Rosensorten 'Heckenzauber' und 'Pariser Charme' und den nicht transgenen Genotypen 91/100-5- und 'Ingrid Weibull' durchgeführt. Außerdem wurden Stecklinge mehrerer Linien in vitro hergestellt und in das Gewächshaus überführt. Parallel dazu wurde ein quantitativer Gus-Test für Rosen angepasst und erste Messungen durchgeführt. Diese ergaben für die Expressionsstärke des Gus-Gens neben Unterschieden zwischen verschiedenen transgenen Linien auch quantitative Unter-

schiede zwischen den verschiedenen Altersstadien von Blättern sowie zwischen jungen Stecklingen und den Mutterpflanzen.

Abstract:

After a quantitative gus assay had been established for roses with several adjustments in the extraction procedure first measurements were made concerning the gus expression within plants and between plants and their vegetatively propagated progeny. Quantitative differences occurred between different developmental stages of leaves as well as between young cuttings and their mother plants. Crosses were performed between nine transgenic lines of the varieties Heckenzauber and Pariser Charme with two non-transgenic lines in order to investigate the stability of gene expression in subsequent sexual generations.

In Zusammenarbeit mit:

PD. Dr. M. Fladung, BFH, Institut für Forstgenetik, Großhansdorf; PD Dr. K. Zoglauer, Humboldt-Universität, Berlin, Dr. F. Dunemann, BAZ, IZZ, Ahrensburg; Umweltbundesamt, Ministerium für Umwelt, Naturschutz und Forsten des Landes Schleswig Holstein. (BAZ-6141)

#### 1.4. Untersuchungen über das Ausmaß von Genfluss von Kulturrosenbeständen in benachbarte natürliche Bestände

##### Analyses of gene flow between artificial and natural field populations of roses

Schreiber, M.; Hattendorf, A.; Debener, T.

Zielsetzung/Aim:

Intensive Arbeiten zur Entwicklung transgener Rosen in verschiedenen nationalen und internationalen Forschungseinrichtungen erfordern neue Instrumente zur Unterbindung einer unbeabsichtigten Ausbreitung der eingebrachten Fremdgene in Wildpopulationen sowie zur Beurteilung der Wahrscheinlichkeit der Ausbreitung dieser Gene durch Pollenübertragung.

Eine besondere Problematik transgener Rosen liegt darin, dass Rosen als Gehölze langlebig sind und als Einzelpflanze z. T. mehrere Jahrzehnte überdauern. Damit kann es zu einer lang andauernden Einwirkung des übertragenen Fremdgens auf die Umwelt kommen. Weiterhin sind in der heimischen Flora Populationen von Wildrosenarten vorhanden, mit denen Kulturrosen potentiell kreuzbar sind, so dass eine Verbreitung von Transgenen in natürlichen Wildpopulationen nicht ausgeschlossen werden kann. Dieser Bereich erlangt besondere Bedeutung durch die Tatsache, dass Rosen Fremdbefruchter sind, die u.a. von Insekten mit großem Aktionsradius (z.B. Hummeln) bestäubt werden.

As transgenic roses have been generated by various research institutions and private companies worldwide, research is needed to evaluate putative risks of unwanted gene flow from transgenic to natural populations. Of particular importance is the perennial life style of roses as well as their breeding system as insect pollinated outcrossers and

the fact that natural populations of wild species are widely distributed over the northern hemisphere. Therefore new strategies to suppress outcrossing of transgenic roses as well as research investigating the rate of gene flow from cultivated to natural populations is needed.

Ergebnisse:

Im vorliegende Projekt sollen im Rahmen des BMBF-Verbundprojektes „Spezifische Umweltwirkungen transgener Gehölze“ Untersuchungen zur Abschätzung des Genflusses zwischen Kulturrosen und Wildpopulationen durchgeführt werden.

Dazu sollen:

- (1) Grundlegende Informationen zu Genflussraten in experimentellen Beständen durch die Verwendung von selbstinkompatiblen Fängerpflanzen mit Hilfe molekularer Marker gemessen werden und
- (2) Informationen über Genflussraten aus großen Produktionsbeständen in umliegende natürliche Bestände durch die Verwendung von kulturrosenspezifischen Markern ermittelt werden.

Abschließend soll eine Bewertung der erhobenen Daten in Bezug auf die Freisetzung transgener Rosen vorgenommen werden.

Für das Teilprojekt (1) wurden im Herbst 2001 Rosenpflanzungen an den Standorten Ahrensburg, Siebeldingen und Groß-Lüsewitz angelegt (Abb. 1). Dabei wurde ein Block aus Pollenspendern der Sorten ‘Pariser Charme’ und ‘Heckenzauber’ direkt und im Abstand von je 20 und 200 Metern mit selbstinkompatiblen Fängerpflanzen der Linie 93/1-117 umgeben. Die erste Analyse der Genflussraten in diesen Beständen wird im Sommer 2002 erfolgen.

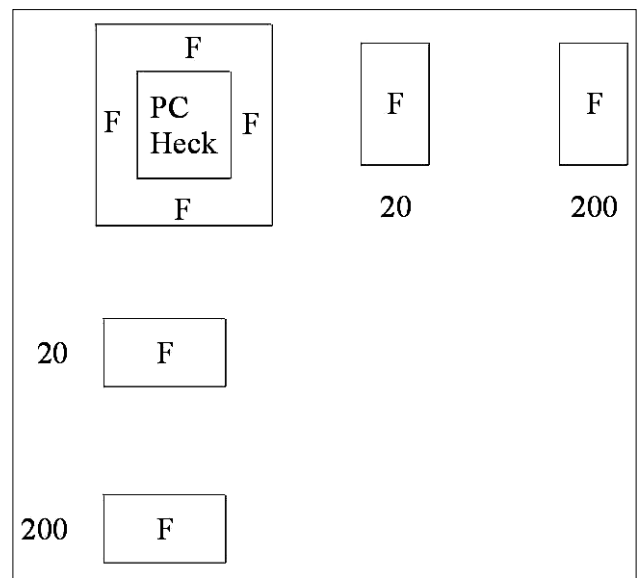


Abb. 1: Schematische Anordnung der Pflanzen zu den Genflussuntersuchungen im Teilprojekt 1. Heck = ‘Heckenzauber’, PC = ‘Pariser Charme’, F = Fängerpflanzen

Fig. 1: Schematic representation of the field design for subproject 1. H = ‘Heckenzauber’, PC = ‘Pariser Charme’, F = plants used as pollen sinks.

Für das Teilprojekt (2) wurden große Bestände von Kulturrosen der Firmen Kordes Söhne und Rosen Tantau ausgewählt und Wildrosen in der unmittelbaren Nachbarschaft identifiziert. Blätter und Hagebutten dieser Wildrosen wurden im Sommer bzw. Herbst geerntet und sollen auf das Vorhandensein von kulturrosentypischen Markerallelen untersucht werden.

Parallel wurden verschiedene Mikrosatellitenmarker auf ihre Verwendbarkeit für Genflussuntersuchungen getestet.

#### Abstract

Within an applied project funded by the Federal Ministry of Research and Education gene flow in roses will be investigated. In the first subproject a field experiment has been set up in which two rose varieties will serve as pollen sources and a diploid self-incompatible genotype will serve as the pollen sink. This arrangement was planted in three locations and progeny will be tested with molecular markers for gene flow from source to sink. In a second setup wild rose plants in the vicinity of large rose plantations of two rose breeders will be monitored for seed set caused by gene flow from cultivated genotypes. For this purpose molecular markers are currently tested.

In Zusammenarbeit mit: Fa Kordes Söhne; Fa Rosen Tantau, Dr. Ben Vosmann, PRI, Wageningen.  
(BAZ-6142)

#### 1.5. Genetische und molekulargenetische Charakterisierung von gartenbaulich wichtigen Merkmalen bei *Rhododendron*

##### Genetic and molecular characterization of horticulturally important trait in *Rhododendron*

Dunemann, F.; Illgner, R.; Radies, M.; Stange, I.; Seehaus, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Die wichtigste abiotische Schadursache bei *Rhododendron* ist die auf eine ausgeprägte Empfindlichkeit gegenüber hohen Kalkgehalten im Boden zurückzuführende Eisenmangelchlorose. Das Anbaugelände für *Rhododendron* könnte ohne weitere Erhöhung des Torfverbrauches ausgedehnt werden, wenn kalktolerante Formen gezielt durch züchterische Maßnahmen geschaffen werden könnten. Neben genetisch-züchterischen Untersuchungen der Kalktoleranz und weiterer gartenbaulich interessierender Merkmale wie Blütenfarbausprägung und Stecklingsbewurzelungsfähigkeit wird mit Hilfe molekularer Markertechniken versucht, an der Merkmalsausprägung beteiligte Gene zu kartieren und Verfahren zur markergestützten Selektion von Basismaterial zu entwickeln.

Lime-induced iron chlorosis is the most important nutritional disorder in *Rhododendron*. The area of *Rhododendron* cultivation could be extended without further increase of peat consumption, if lime tolerant genotypes could be generated by systematic breeding approaches. In addition to a genetic analysis of the lime tolerance and other traits being important for breeders and growers molecular ana-

lyses are aimed at the identification of molecular markers and mapping of candidate genes.

#### Ergebnisse:

Vorrangiges Ziel ist die Schaffung von züchterisch nutzbarem Basismaterial mit erhöhter abiotischer Stresstoleranz, d. h. vor allem mit verbesserter Kalktoleranz. Um dieses Ziel zu realisieren, werden zwei unterschiedliche Strategien verfolgt. Im Kontaktbereich Boden-Pflanze ist vor allem ein hinsichtlich Ausdehnung und Nährstoffaufnahme optimiertes Wurzelsystem zu schaffen. Daneben ist der Mineralstoffwechsel und hier ganz besonders der Eisenstoffwechsel des Gesamtsystems Pflanze zu berücksichtigen, da Kalkstress bei Ericaceen in erster Linie zu Erscheinungen des Eisenmangels führt. Im Laufe der letzten Jahre wurden mehr als 50 F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften mit insgesamt mehr als 3.000 Pflanzen erstellt, im Gewächshausversuch auf Kalktoleranz getestet und danach im Freiland ausgepflanzt. Die Ausgangseltern waren dabei zunächst vor allem hinsichtlich einer größtmöglichen Diversität beim Merkmal Kalktoleranz ausgewählt worden (kalktolerant: z.B. 'Cunningham's White', Rh 48; kalkempfindlich: z.B. 'Ehregold', Rh 16), um Populationen für molekulare Kartierungsaufgaben und genetische Untersuchungen zu erhalten. Die vorläufig auf Einzelpflanzenbasis als kalktolerant selektierten Eliten werden weiterhin auf ihre Eignung als Basismaterial geprüft. Hierzu werden die Pflanzen *in vivo* und/oder *in vitro* verklont und anschließend einem erneuten Kalkstresstest unterzogen. Im Laufe des Jahres 2001 wurden weitere 15 Eliten aus F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften selektiert, die im Gewächshausversuch zum Teil hohe Kalkgaben von bis zu 20 Gramm CaCO<sub>3</sub> /Liter Substrat ohne sichtbare Chlorosen überstanden und gleichzeitig eine vergleichsweise gute Wurzelausprägung aufwiesen. Die bisherigen Prüfungen der bis einschließlich 1999 in F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften selektierten Elitepflanzen haben noch nicht zu Genotypen geführt, die eine signifikant höhere Leistung aufweisen als die besten der vorhandenen INKARHO-Unterlagengenotypen, welche ebenfalls F<sub>1</sub>-Hybriden darstellen. Ziel weiterer Kreuzungsarbeiten muss es daher sein, durch gezielte Kombination der besten selektierten Genotypen eine weitere Akkumulation vorteilhafter Gene zu erhalten und damit den erreichten Level an Kalktoleranz weiter anzuheben. Dass dies grundsätzlich möglich ist, demonstriert die Art *R. micranthum*, die als absolut kalktolerant bezeichnet werden kann, aber leider nicht mit den gärtnerisch interessierenden großblütigen Arten kreuzbar ist. Inzwischen sind mehr als 10 größere F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften mit insgesamt ebenfalls mehr als 2.000 Sämlingen vorhanden, die sich zur Zeit in einem Gewächshausversuch zur Kalktoleranztestung befinden. Aufgrund der polygenen Vererbung des Merkmals Kalktoleranz und der relativ langen juvenilen Phase der *Rhododendron* (2-4 Jahre) ist für die Schaffung optimierter kalktoleranter Unterlagen sicherlich noch mit einem Zeitraum von 5-10 Jahren zu rechnen. Die Selektionsarbeiten sollen dabei mit Hilfe der in den Vorjahren für *Rhododendron* entwickelten molekularen Markertechniken und der identifizierten QTLs für Chloroseempfindlichkeit und Bewurzelungsfähigkeit unterstützt werden.

Innerhalb des am IZZ untersuchten Genpools treten alle bei Rhododendron bekannten Blütenfarben (weiß, rosa, gelb, violett, „blau“) auf. Die Variation innerhalb der einzelnen NKS ist groß und erlaubt weitere Analysen der Blütenfarbvererbung und molekulare Markerentwicklungen für einzelne Farbkomponenten. Bislang wurden zwei Gene kartiert, die an der Farbänderung weiß-rosa beteiligt sind und vermutlich dem Anthocyanstoffwechsel zuzuordnen sind. Um zu analysieren, um welche der vielen bereits bei Pflanzen bekannten Gene es sich handelt, sollen biochemische Analysen sowie weitere molekulare Kartierungsarbeiten durchgeführt werden.

Im Frühsommer 2001 wurden umfangreiche Kreuzungsarbeiten durchgeführt, die sich in die drei Forschungsbereiche Kalktoleranz /Eiseneffizienz, Blütenfarben und UV-Schutzmechanismen aufgliedern. Im Bereich Kalktoleranz wurden erstmalig auch umfassend diallele Kombinationen zwischen den kommerziell erfolgreichsten INKARHO-Unterlagengenotypen wie z. B. Rh 10, Rh 37 und Rh 48 ('Dufthecke') berücksichtigt. Um die Möglichkeiten einer bei Rhododendron bislang nicht realisierten blauen Blütenfarbe zu untersuchen, wurden in Zusammenarbeit mit der Züchterfirma HACHMANN diallele Kombinationen zwischen den besten „blau“ (real: dunkelviolet) - blühenden Sorten 'Blue Boy', 'P. Alan' und 'M. Menard' durchgeführt. Ziel ist es, einzelne Komponenten des Farbstoffwechsels zu analysieren und zu kartieren, wie z. B. pH-regulierende Gene oder unerwünschte, die vorhandenen Delphinidin-Farbpigmente überlagernde Anthocyan-Komponenten. Hierdurch sollen Aussagen über zukünftige konventionelle Züchtungsstrategien oder gentechnologische Ansätze möglich werden. Unter dem Gesichtspunkt einer globalen Zunahme der UV-Strahlung werden zunehmend Forschungsprogramme aufgelegt, die sich mit den molekularen und physiologischen Grundlagen der UV-Schutzmechanismen von höheren Pflanzen befassen. Am IZZ wurden im Freiland mehrere Rhododendronpflanzen gefunden, die wiederholt offenbar eine UV-Überempfindlichkeit („Sonnenbrand“) aufwiesen. Mit diesen Pflanzen wurde intensiv gekreuzt, um Modellpopulationen für entsprechende UV-Versuche an immergrünen Gehölzen anzuziehen.

Abstract:

One of the major tasks of rhododendron research at IZZ Ahrensburg is to breed lime tolerant rhododendrons which may be used as rootstocks or as a cultivar on its own root. For this approach the rooting system itself as well as the physiology of the whole plant regarding iron nutrition has to be considered. During the past years more than 3.000 F seedlings originating from crosses „tolerant“ x „susceptible“ and „tolerant“ x „tolerant“, respectively, have been tested in greenhouse trials for improved rooting behaviour and less pronounced iron chlorosis symptoms. Several elite plants were selected, propagated by *in vivo* or *in vitro* methods and tested again for lime tolerance. Up to the selections of 1999, no F<sub>1</sub> genotypes could be found which show a significantly better lime tolerance than the best INKARHO® rootstock genotypes developed earlier at IZZ by W. PREIL. These plants also represent F<sub>1</sub> material. We

assume that due to the complex inheritance of lime tolerance it will be essential to select improved genotypes carrying the desired gene combinations in later generations. A crossing programme has been set up which is aimed at the production and analysis of F<sub>2</sub> populations. During 2001 more than 2.000 F<sub>2</sub> seedlings derived from 10 different crosses have been raised and are presently tested in lime enriched soils. Selection work will be supported by molecular marker analyses since QTLs for rooting ability and iron chlorosis tolerance have been already identified earlier in the project. Two large „model“ populations (> 500 seedlings each) have been created and will be used in future for more detailed QTL marker analysis and the mapping of candidate genes involved in rooting characteristics and iron metabolism. Beside the work with lime tolerance also the research on flower colours will be continued. So far two genes were mapped that are involved in the colour switch from white flowers to pink/violet flowers. It is not yet clear if one of them is the ANS gene itself or a regulator gene. In future, we are mainly interested in developing really „blue“ flowering rhododendrons. As the basic pigment delphinidine is very often present in rhododendrons we plan to investigate some factors like pH-regulating genes or the contribution of undesired flavonoid pigments. For this approach several diallele crosses between three of the „best“ so-called blue-flowering cultivars were made successfully.

(BAZ-6126)

#### **1.6. Transformation von *Rhododendron* mit Genen zur Erhöhung der abiotischen Stresstoleranz**

##### **Transformation of *Rhododendron* with genes for abiotic stress tolerance**

Dunemann, F.; Illgner, R.; Radies, M.; Stange, I.; Seehaus, H.

Zielsetzung/Aim:

Bei nahezu allen Arten der Gattung *Rhododendron*, sowie zahlreichen weiteren Angehörigen der *Ericaceae*, tritt in der gärtnerischen Kultur als physiologische Störung die kalkbedingte Eisenmangelchlorose auf. Ziel des Projekts ist es, gentechnische Lösungsansätze für eine verbesserte Wurzelansatzung auf ungünstigen Böden und eine Erhöhung der Eiseneffizienz unter Stressbedingungen zu entwickeln. Die Bearbeitung der Aufgabe erfolgt in zwei parallel verfolgten Transformationsvorhaben auf der Basis eines zuvor entwickelten Agrobacterium-vermittelten Transformationssystems.

Lime induced iron chlorosis is the most important nutritional disorder in large flowering evergreen *Rhododendron* species and hybrids. In addition, lime induced chlorosis affects numerous other horticultural and agricultural crops grown on calcareous soils throughout the world. The project is aimed at the improvement of the rooting system and the enhancement of iron efficiency under lime stress conditions by using an Agrobacterium mediated gene transfer protocol developed previously.

Ergebnisse:

**Transformation mit *rol*-Genen.** Transformationen mit *rol*-Genen aus *Agrobacterium rhizogenes* wurden in der Vergangenheit bereits mehrfach bei anderen Zierpflanzenarten, wie z. B. Rosen, erfolgreich zur Modifikation des Pflanzenhabitus und der Blütenausprägung, vor allem aber zur Optimierung des Wurzelsystems und zur Verbesserung der Stecklingsbewurzelung verfolgt. Dieser relativ unspezifische Ansatz wurde am IZZ in den letzten Jahren auch bei Rhododendron bearbeitet. Aus diversen Transformationsversuchen steht inzwischen ein sehr umfangreicher transgener Pflanzenbestand zur Verfügung. Insgesamt sind weit mehr als 500 Pflanzen aus 14 verschiedenen *rol*-transgenen Linien im Gewächshaus, teilweise bereits als blühende Pflanze, vorhanden. Im allgemeinen zeigen die meisten Linien den für *rol*-Gentransformationen typischen Habitus (Abbildung 1). So konnten neben einem mehr oder weniger stark ausgeprägten Zwergwuchs eine intensivere Seitentriebbildung, kleinere und/oder gewellte Blätter und ein generell langsamerer Wachstum beobachtet werden. Einige der *rolABC*- bzw. *rolB*-transgenen Linien besitzen allerdings nur einen leicht veränderten Phänotyp und wachsen ohne sichtbare Störungen. Besonders bemerkenswert ist das sehr starke Wurzelwachstum einiger Linien, welches sich bereits bei der *in vitro* Bewurzelung zeigte und auch später im Gewächshaus beobachtet werden konnte. Kalkstressversuche auf *in vitro* Basis haben eindeutig ein besseres Bewurzelungsverhalten gezeigt (Abbildung 2) und lassen vermuten, dass auch unter natürlichen Bedingungen mit einer erhöhten Toleranz gegenüber Kalkstress gerechnet werden kann. Die endgültigen Ergebnisse aus den Gewächshausversuchen werden für den Sommer 2002 erwartet. Im Laufe des Berichtsjahres wurden weitere molekulare Untersuchungen mit Schwerpunkt auf Southern-Hybridisierungen und RT-PCR zur Expressionsanalyse durchgeführt. Dabei zeigte sich, dass die meisten Linien ein bis drei Kopien der entsprechenden *rol*-Gene enthalten und dass in einem Falle aus *rolABC*-Transformation das *rolC*-Gen nicht mehr nachzuweisen war, was sich auch im Phänotyp der Pflanze widerspiegelte.



Abb. 1: Typische Beispiele für verschiedene *rolABC*-transgene Rhododendronlinien

Fig. 1: Typical examples for different transgenic rhododendron lines transformed with the *rolABC* combination

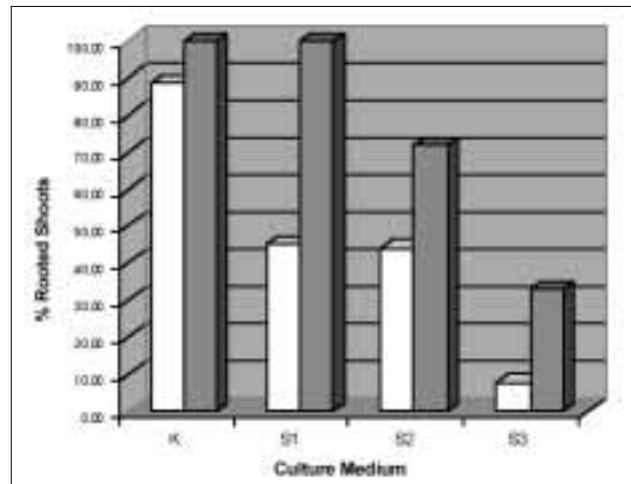
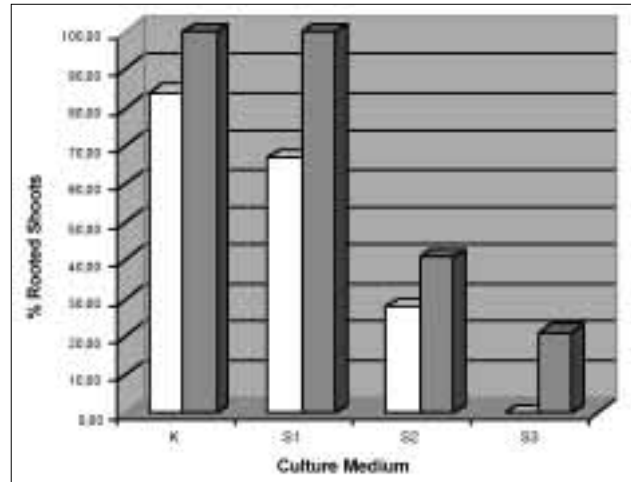


Abb. 2: *In vitro* Bewurzelungsverhalten von zwei verschiedenen *rolABC*-transgenen Genotypen und den nichttransgenen Ausgangsgenotypen unter verschiedenen Kalkstressbedingungen; oberes Diagramm: Kontrolle RD2-2 (weiß) und *rolABC*-7/7-1 (grau); unteres Diagramm: Kontrolle RD2-30 (weiß) und *rolABC*-8/3-6 (grau). Kulturmedien: K: Kontrolle - Standard; S1: 10 mM NaHCO<sub>3</sub>, pH 6,0; S2: 10 mM NaHCO<sub>3</sub>, pH 7,5; S3: 20 mM NaHCO<sub>3</sub>, pH 6,5

Fig. 2: *In vitro* rooting ability of two *rolABC*-transgenic lines and their original genotypes under increasing lime stress conditions; top: control RD2-2 (white) and *rolABC*-7/7-1 (grey); bottom: control RD2-30 (white) and *rolABC*-8/3-6 (grey). Culture media: K: control - standard culture medium; S1: 10 mM NaHCO<sub>3</sub>, pH 6.0; S2: 10 mM NaHCO<sub>3</sub>, pH 7.5; S3: 20 mM NaHCO<sub>3</sub>, pH 6.5

Neben den sich möglicherweise aus einem größeren Wurzelsystem ableitenden Vorteilen im Hinblick auf die Mineralstoffaufnahme und abiotische Stresstoleranz könnten *rol*-transgene Rhododendrongenotypen noch in anderer Hinsicht für Züchterfirmen interessant sein. Da einige der *rolABC*-Linien eine mehr oder weniger stark ausgeprägte Zwergwüchsigkeit zeigen, ist es vorstellbar, diese Genotypen als zwergwuchsinduzierende Veredelungsunterlagen (evtl. mit gleichzeitig stärker ausgeprägter Kalktoleranz)

für die Rhododendronproduktion zu nutzen. Hierfür gibt es weltweit bereits eine Reihe von Beispielen aus dem Baumobstbereich. Entsprechende Veredelungsversuche sind für den Winter 2002 vorgesehen. Alternativ könnten aber auch konventionelle Kreuzungen zwischen blühenden *rol*-Pflanzen und entsprechenden starkwüchsigen Sorten durchgeführt werden.

**Transformation mit Genen des Eisenstoffwechsels (*Fro2*, *LeIrt1*).** Der zweite Ansatz zur gentechnologischen Lösung des Eisenchlorose-Problems der immergrünen Rhododendren beinhaltet die Transformation mit spezifischen Genen des Eisenstoffwechsels der Pflanze. Eisenmangelchlorosen treten nicht nur innerhalb der Familie der *Ericaceae* auf, sondern sind vielfach eines der Hauptprobleme in der Kultur z. B. von *Citrus*, *Malus*, Pfirsich und Weinreben. Die Arbeiten an Rhododendron besitzen daher auch einen gewissen „Modellcharakter“ bei der Klärung der Frage, wie die mineralische Nährstoffversorgung von Kulturpflanzen mit Hilfe gentechnologischer Lösungsansätze optimiert werden kann. Das von N. ROBINSON aus *Arabidopsis thaliana* isolierte *Fro2*-Gen, welches unter Eisenmangelbedingungen in Arabidopsiswurzeln verstärkt exprimiert wird, konnte erfolgreich in verschiedenste Rhododendron-Unterlagengenotypen eingebracht werden. Zur Zeit stehen mehr als 30 transgene Linien aus Transformationen der Genotypen ‘Cunningham’s White’, Rh 10, Rh 33 und Rh 37 zur Verfügung. Da es sich bei den Unterlagen Rh 10 und Rh 37 um die im IZZ von W. PREIL entwickelten INKARHO-Unterlagen mit verbesserter Kalktoleranz handelt, könnte mit einer Optimierung der Eisernahrung ein weiterer Zuwachs an Toleranz gegenüber ungünstigen Bodenverhältnissen erreicht werden. Insgesamt sind aus mehreren erfolgreichen Transformationsexperimenten ca. 500 transgene Pflanzen aus mehr als 30 verschiedenen Einzeltransformationsereignissen (Linien) im Gewächshaus vorhanden. Ein Teil des Materials befindet sich seit Herbst 2001 im Kalkstresstest. Die im Laufe des Jahres 2001 durchgeführten molekularen Analysen auf PCR-Basis und mit Hilfe von DNA-Hybridisierungen haben eindeutig den transgenen Charakter der Pflanzen bestätigt. Erste Expressionsstudien lassen vermuten, dass das *Fro2*-Gen in Rhododendron ausgeprägt wird. Messungen der Eisenreduktaseaktivität von Eisenmangel-gestressten Hydrokulturpflanzen ergaben noch kein einheitliches Bild. Es scheint sich jedoch anzudeuten, dass in einigen Linien eine bis zu etwa 50 % höhere Eisenreduktaseaktivität unter Eisenstressbedingungen vorliegen könnte. Besonders bemerkenswert ist gegenwärtig die auffällig hohe Wachstumsleistung der meisten Linien.

Eine ebenfalls für gentechnische Ansätze sehr interessante Gruppe von Zielgenen ist für die Produktion von  $Fe^{2+}$ -Transportproteinen verantwortlich. Dieser Eisentransport durch biologische Membranen scheint nach neuerer wissenschaftlicher Erkenntnis dem Reduktionsschritt direkt

nachgeschaltet zu sein. Eine Tomaten-cDNA (*LeIrt1*) mit sehr hoher Homologie zum *Arabidopsis*-Gen *Irt1*, die in der Lage ist, entsprechende Hefemutanten zu komplementieren (ECKHARDT et al., *Plant Mol. Biology* 45, 2001, S. 437 - 448), wurde zur Erstellung eines für die Agrobakterien-vermittelte Transformation geeigneten Genkonstruktes verwendet. Anschließend wurden die Rhododendrongenotypen ‘Cunningham’s White’, Rh 33, Rh 37 und Rh 10 transformiert. Die Arbeiten sind zur Zeit noch in einem frühen Stadium. Es liegen allerdings möglicherweise bereits vier transgene *in vitro* Sprosse vor, die bislang in der Lage waren, auf einem mit dem Herbizid „Basta“ angereicherten Nährmedium zu überleben. Diese Pflanzen sollen in gleicher Weise wie bei den anderen Transformationsexperimenten frühzeitig *in vitro* zu Linien vermehrt werden, um genügend Material für weitere molekulare, physiologische und gärtnerische Untersuchungen zu produzieren. Für die kommenden zwei Jahre ist auch geplant, bereits vorliegende *Fro2*-transgene Pflanzen zusätzlich mit *LeIrt1* zu transformieren.

Abstract:

An *Agrobacterium tumefaciens*-mediated gene transfer technique was established for large flowering evergreen Rhododendron hybrids and used for the transfer of target genes. Two different strategies have been followed. In an unspecific approach *rol* genes from *Agrobacterium rhizogenes* were used. Fourteen *rol*-transgenic rhododendron lines were created. Eleven lines have been transformed with the *rolABC* gene combination under the control of the native promoter, and the remaining 3 lines with the 35S-*rolB* construct. Severe growth retardation was only observed in two of the 35S-*rolB*-transgenic lines. The other lines showed morphological alterations and often strong root systems. Even on lime enriched culture media *in vitro* rooting was significantly enhanced in some lines. We assume that an improved rooting performance could be obtained that may contribute to a better adaptation of *Rhododendron* to calcareous soils. In a second approach a gene coding for the enzyme ferric-chelate reductase (*Fro2*) was introduced into 30 different lines. This enzyme is also in *Rhododendron* responsible for a better iron uptake under low iron stress soil conditions and should be increased by using a constitutive promoter. Transfer and expression of *rol* genes as well as the *Fro2* gene in different rhododendron rootstock genotypes were proved by molecular analysis of DNA and RNA.

In Zusammenarbeit mit: Humboldt-Universität Berlin, Inst. für Angewandte Botanik, U. Eckhardt, T.J. Buckhout; Universität Oldenburg, Abt. Biologie, W. Schmidt, A. Schikora (BAZ-6143)



## 1.7. Untersuchungen zur Risikoabschätzung und Merkmalsstabilität transgener immergrüner Rhododendren

### Investigations on risk assessment and gene stability in transgenic evergreen rhododendrons

Merk, B.; Radies, M.; Seehaus, H.; Dunemann, F.

#### Zielsetzung/Aim:

Bei Rhododendron besteht aufgrund der vorliegenden befruchtungsbiologischen wie ökologischen Situation prinzipiell die Möglichkeit eines vertikalen Gentransfers und damit verbunden eine Erhöhung des Ausbreitungspotentials bestimmter Genotypen in naturnahe und forstlich genutzte Ökosysteme. Ausgehend von nicht-transgenen Rhododendrongenotypen soll im Freilandversuch mit Hilfe hochvariabler Mikrosatelliten-Loci evaluiert werden, wie groß die Wahrscheinlichkeit eines Genflusses ist. Zusätzlich soll stellvertretend für immergrüne Laubgehölze am Beispiel Rhododendron die Merkmalsstabilität vorhandener gentechnisch veränderter Rhododendren im S1-Gewächshaus untersucht werden. Hierfür steht eine größere Auswahl an Pflanzen zur Verfügung, die mit dem GUS-Reporter gen sowie mit *rolABC*-Genen transformiert wurden. Für die Expressionstudien sollen die Pflanzen auch verschiedenen Umweltstressoren wie UV-Licht und erhöhter Temperatur ausgesetzt werden.

Because of the biological and ecological situation in *Rhododendron* a vertical gene transfer by pollen is principally possible. Also a spread of distinct transgenic genotypes into natural ecosystems and forests cannot be excluded. By using non-transgenic rhododendron genotypes the risk of a vertical gene flow will be assessed in the field on the basis of highly variable microsatellite loci as model genes. In addition, the gene stability of GUS- and *rolABC*-transgenic genotypes will be analysed under different conditions in the greenhouse. It will also be studied if environmental stress factors, such as UV-light and enhanced temperature, can influence the gene expression of transgenes controlled by different promoters.

#### Ergebnisse:

Zur Hauptblütezeit der Rhododendren im Mai 2001 wurden für das Genflussexperiment die Rhododendrongenotypen 'Cunningham's White', 'Catawbiense grandiflorum', 'Blue Peter', 'Progres' und 'Nova Zembla' in 50 l -Container getopft und diese im Freiland des Ahrensburger Instituts an drei verschiedenen Stellen in Form so genannter „Kreuzdesigns“ aufgestellt. Dabei wurde 'Cunningham's White' als Pollendonator zusammen mit 'Progres' als „Pollenfänger“, 'Catawbiense grandiflorum' als Donor mit 'Blue Peter' und ebenfalls 'Catawbiense grandiflorum' als Pollenspender zusammen mit 'Nova Zembla' kombiniert. Ein Genotyp (je 2 bis 4 Pflanzen) wurde jeweils in der Mitte, der andere auf den Armen des Kreuzes in verschiedenen Abständen von der Mitte aufgestellt. Die im Herbst 2001 geernteten Saatgutmengen variierten erheblich zwischen den Pflanzen des jeweiligen Designs, sind aber ausreichend, um im Winter/Frühjahr 2002 umfangreiche molekulare Analysen mit

Hilfe von Mikrosatellitenmarkern durchzuführen. Die benötigten spezifischen SSR-Primer für *Rhododendron* wurden bereits im Rahmen des Forschungsvorhabens „Genetische und molekulargenetische Charakterisierung von gartenbaulich wichtigen Merkmalen bei *Rhododendron*“ entwickelt. In entsprechenden Experimenten wurde ermittelt, welche der ca. 30 vorliegenden Mikrosatelliten-Primer für das ausgewählte Pflanzenmaterial am geeignetsten sind. Die für die Merkmalsstabilitätsuntersuchungen vorgesehenen Pflanzen wurden molekular eingehend charakterisiert. Während im Fall der *rol*-Gene der transgene Phänotyp relativ einfach visuell zu bonitieren war, wurden bei GUS-transgenen Genotypen histochemische Tests und fluorometrische Messungen durchgeführt, um vor Beginn der eigentlichen Stabilitätsuntersuchungen den Ist-Zustand zu erfassen. Bei den fluorometrischen GUS-Untersuchungen gab es insofern Schwierigkeiten, als der im Blattextrakt gemessene Proteingehalt, der üblicherweise als Bezugsgröße für die GUS-Aktivität verwendet wird, je nach Zelltyp stark schwankte. Da außerdem das Alter von Rhododendrenblättern nicht eindeutig bestimmbar ist, wurde darauf verzichtet, Blätter verschiedener Pflanzen zu messen. Innerhalb einer Pflanze konnte jedoch gezeigt werden, dass die GUS-Expression mit dem Alter der Blätter abnimmt. Da auch der spezifische Einfluss eines nicht-konstitutiven Promotors untersucht werden soll, wurden entsprechende neue Transformationsexperimente mit der Aufzucht von *in vitro* Material vorbereitet. Es ist geplant, den lichtinduzierbaren *rbcS* (Rubisco)-Promotor für GUS-Expressionsstudien an gestressten Rhododendronpflanzen einzusetzen. Fluorometrische GUS-Messungen an verschiedenen Pflanzenteilen sollen durch molekulare Analysen auf RNA- und DNA-Ebene unterstützt werden.

#### Abstract:

During the flowering time in May 2001 the rhododendron cultivars 'Cunningham's White' (CW), 'Catawbiense grandiflorum' (CG), 'Blue Peter' (BP), 'Progres' (PR) and 'Nova Zembla' (NZ) were potted in 50 l containers and positioned in various so-called cross designs in the fields of the Institute. In these designs CW and PR, CG and BP, as well as CG and NZ were combined, respectively. One of the respective genotypes (2-4 plants) was positioned in the centre of the cross, the other in different distances from it on its four arms. The amount of seeds harvested in autumn varied significantly from plant to plant but is sufficient to perform molecular marker analyses during winter/spring 2002 by using SSR primers developed in an earlier project for Rhododendron. For those gene expression studies, planned in the next year, histochemical tests and fluorometric measurements on leaves from GUS-transgenic rhododendron plants of different age have already been carried out. It could be shown in these studies that within a particular plant the GUS-expression decreases with increasing age of the leaves. Beside the investigations on already available GUS- and *rolABC*-transgenic rhododendron genotypes it is planned to create further transgenic plants, which will have the GUS-gene under the control of the light-induced *rbcS* (Rubisco)-promotor.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Zierpflanzenzüchtung, Ahrensburg, T. Debener;  
BA für Forst- und Holzwirtschaft, Inst. für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Großhansdorf, M. Fladung;  
Humboldt-Universität Berlin, Institut für Biologie, K. Zoglauer,  
(BAZ-6140)

### **1.8. Genetische und molekulargenetische Charakterisierung der Mehltaresistenz des Apfels**

#### **Genetic and molecular characterization of powdery mildew resistance in apple**

Urbanietz, A.; Radies, M.; Illgner, R.; Dunemann, F.

Zielsetzung/Aim:

Dauerhafte Resistenz gegen Echten Mehltau (*Podosphaera leucotricha*) ist eines der Hauptzuchtziele in der Apfelzüchtung. Eine Erweiterung der genetischen Basis von Mehltaresistenz ist eine wichtige Grundlage für zukünftige Resistenzzüchtungsstrategien. Neben einer genaueren Charakterisierung von monogen dominant vererbten Resistenzen wie  $Pl_1$  oder  $Pl_2$  sollen daher auch polygen vererbte Resistenzen aus Sorten und Wildarten für die Züchtung erschlossen werden. Eine gezielte Markeranreicherung im Bereich des Resistenzlocus  $Pl_1$  soll die Voraussetzung für eine effektive markergestützte Selektion im Rahmen einer späteren Pyramidisierung verschiedener Mehltaresistenzen schaffen. Die Untersuchung von Einsporisolen des Erregers soll Aufschluß über eine mögliche Existenz physiologischer Rassen bei *Podosphaera leucotricha* geben.

Durable resistance to powdery mildew (*Podosphaera leucotricha*) is one of the major aims in apple breeding. An extension of the genetic base of powdery mildew resistance is an important aspect for optimizing future breeding strategies. Therefore, besides the characterization of known major genes like  $Pl_1$  or  $Pl_2$  further polygenically controlled resistances from some varieties and wild species should be evaluated for breeding purposes. A molecular marker enrichment around the  $Pl_1$  locus will enable an effective marker assisted selection for the pyramidisation of different powdery mildew resistance genes. The phytopathological and molecular evaluation of monoconidial strains of the fungus will give results about putative physiological races of *Podosphaera leucotricha*.

Ergebnisse:

Um neue Resistenzquellen für zukünftige Zuchtvorhaben

zu erschließen, ist im Jahre 1998 ein Testsortiment, bestehend aus 20 überwiegend älteren Kultursorten, 9 als resistent geltenden Wildarten, 5 schorfresistenten Sorten und 2 anfälligen Kontrollsorten an fünf Standorten innerhalb Europas aufgepflanzt worden. Der natürlich aufgetretene Befall wurde über drei Jahre regelmäßig visuell erfasst. Als Ergebnis ist eine Liste von Genotypen entstanden, welche standortunabhängig ein hohes Maß an Resistenz aufweisen und somit als Kreuzungspartner in zukünftigen Resistenzzuchtprogrammen besonders zu empfehlen sind (Tabelle 1).

Zur Klärung der Existenz physiologischer Rassen von *Podosphaera leucotricha* sind Einsporisolate des Erregers erstellt worden, welche seit drei Jahren auf *in vitro* Sprossen der anfälligen Apfelsorte 'Gibb's Golden Gage' erhalten werden. Da zu Beginn noch kein geeignetes System zur phytopathologischen Differenzierung der Isolate zur Verfügung gestanden hat, ist zunächst damit begonnen worden, diese auf molekularer Basis unter hauptsächlichlicher Verwendung der AFLP-Technik voneinander zu unterscheiden. Der Polymorphiegrad war sehr gering (0,04 %), welches die Tatsache unterstreicht, dass die sexuelle Form des Erregers offenbar für die Verbreitung nicht von Bedeutung ist. Auf der Basis von 54 reproduzierbaren Polymorphismen wurde ein genetischer Stammbaum erstellt, der die Diversität der 31 untersuchten Isolate widerspiegelt (Abbildung 1).

Auf Grund ihrer genetischen Distanz sind anschließend sechs Isolate ausgewählt worden, die in Inokulationsversuchen auch im Bezug auf ihre Virulenz charakterisiert werden sollten. Dafür hat sich eine Inokulation von Einzelblättern in einem Inokulationsturm als sinnvolle Simulation von Freilandbedingungen herausgestellt. Als Pflanzenmaterial ist auf das oben bereits vorgestellte Testsortiment zur Identifizierung neuer Resistenzquellen zurückgegriffen worden. Die Pflanzen wurden in einer Gewächshauskabine befallsfrei kultiviert. Für die Inokulationsversuche sind junge Blätter auf Benzimidazol-Agar aufgelegt worden um anschließend im Inokulationsturm mit einer durchschnittlichen Sporendichte von 5 Sporen pro  $mm^2$  inokuliert zu werden. Für die Inokulation wurden die Konidien mit Hilfe von Druckluft von den infizierten Apfelsprossen in den Turm geblasen und die Sporendichte auf ausgelegten Objektträgern mit Hilfe eines Stereomikroskops erfasst. Als Zwischenergebnis können zur Zeit vier Einsporisolate auf Grund der Befallsstruktur von sieben Apfelgenotypen eindeutig voneinander unterschieden werden. Dies ist ein Hinweis darauf, dass physiologische Rassen des Erregers existieren und Resistenzen der Wirtspflanze rassenspezifisch sein können.

Tab. 1: Befallsbewertung des Testsortiments nach drei Jahren  
 Table 1: Infection analysis of the test collection after three years of assessment

Gesund	Leichter Befall ('feldresistent')	Anfällig
Dülmener Rosenapfel	Democrat	Alkmene
Rote Sternrenette	Lord Lambourne	Carola
Discovery	Pi-As-22/17	Danziger Kantapfel
<i>M. robusta persicifolia</i>	Melba	Delicious
<i>M. hupehensis</i>	Peasgood's Nonesuch	James Grieve
White Angel	Roter Berlepsch	Laxton's Superb
D 12	Stirling Castle	Rewena
Mildew Immune Seedling	<i>M. sylvestris</i>	Tydemans Late O.
<i>M. baccata</i> 'Jackii'	Maiden's Blush	Worcester
<i>M. bacc.</i> mandshurica	Glockenapfel	Jonathan
<i>M. trilobata</i>	TN 10-8	Gibb's Golden Gage
<i>M. coronaria</i>		Fiesta
		Durello di Forli
		Prima
		<i>M. zumi calocarpa</i>

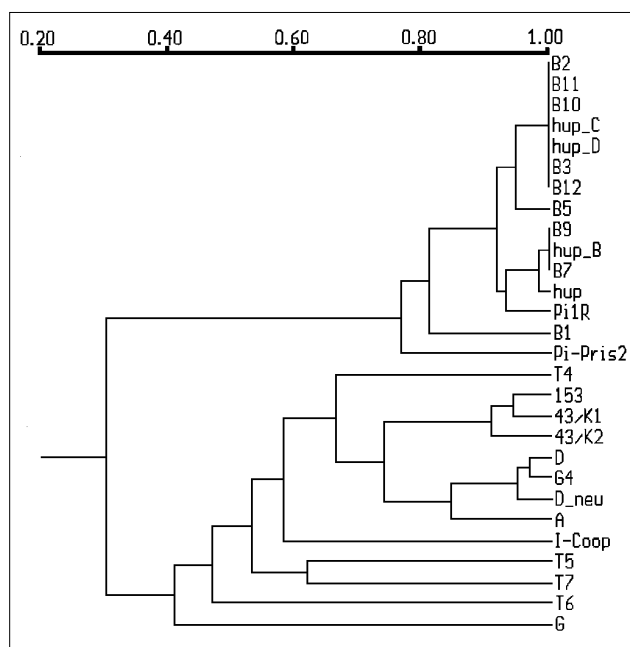


Abb. 1: Genetischer Stammbaum von 28 Einsporisolen von *Podosphaera leucotricha*

Fig. 1: Genealogical tree of 28 monoconidial strains of *Podosphaera leucotricha*

Im Rahmen der Markerabsättigung im Bereich des Pl-Locus sind insgesamt 800 AFLP-Primerkombinationen in einer 'Bulked-Segregant-Analyse' auf Polymorphismen zwischen anfälligen und resistenten Genotypen getestet worden. Daraus hervorgegangen sind neun Marker mit Kopplung an Pl. Zwei der AFLP-Marker, als AFLP 1 und AFLP 2 bezeichnet, liegen deutlich näher am Zielgen als der bisher am engsten gekoppelte Marker, der SCAR-Marker AT20-450. Mit dem Ziel, beide Marker effizient in einer späteren markergestützten Selektion einsetzen zu können, wurde daran gearbeitet, sie in SCAR-Marker umzuwandeln. Die in einer ersten Sequenzierung der AFLP-Fragmente entstandenen SCAR-Primer ermöglichten keine Unterscheidung von resistenten und anfälligen

Genotypen auf Agarose-Gelen. Erst unter Verwendung der SSCP-Technik war eine Differenzierung möglich. Die Sequenzunterschiede der SCAR-Fragmente von Anfälligen und Resistenten sind demnach sehr gering. Eine getrennte Sequenzierung ergab nur zwei Basen Unterschied für AFLP1 und drei Basen Unterschied bei AFLP 2. Auf der Basis dieser Sequenzunterschiede sind neue Primer hergestellt und getestet worden. Eine Auftrennung auf Agarose-Gelen war auch hier nicht möglich, so dass weiterhin ein Einsatz dieser Primer nur unter Verwendung der SSCP-Technik möglich ist.

Abstract:

Resistance to powdery mildew caused by the obligate biotrophic fungus *Podosphaera leucotricha* is one of the major aims in apple breeding. To extend the genetic base of mildew resistance new sources of resistance have been tested on five different locations in Europe. As a result a list of genotypes has been formed that show a high level of resistance at all locations and can therefore be recommended for further breeding programmes.

To prove the putative existence of physiological races of *Podosphaera leucotricha* 31 monoconidial isolates of the fungus have been produced. A genetic characterisation has been performed using the AFLP technique. A genealogical tree has been designed that shows the generally low genetic diversity of the 31 isolates. Due to their genetic distance six isolates were chosen for further phytopathological tests to find virulence differences between these strains. At the moment it is possible to distinguish four of the strains based on infection patterns of seven apple genotypes. This indicates that physiological races of *Podosphaera leucotricha* do exist and that there may be race specific resistances of the host.

A marker enrichment around the major resistance gene Pl<sub>1</sub> has been done using a bulked segregant analysis. Within a progeny of 400 individuals two AFLP markers have been detected that are more closely linked to Pl<sub>1</sub> than the SCAR marker AT20-450. Both markers have been converted to

SCAR-markers. Using these markers within a set of genotypes segregating for Pl<sub>1</sub>, a differentiation of the resistance type is possible at present only by applying the SSCP technique.

In Zusammenarbeit mit:

INRA Angers, Frankreich, Lespinasse, Y., Durel, C. E.; PRI Wageningen, Niederlande, Schouten, H., van der Weg, E.; ETH Zürich, Schweiz, Gessler, C., Kellerhals, M.; BAZ-IOZ, Dresden-Pillnitz, Fischer, C.; HRI East Malling, Großbritannien, Evans, K., James, C.; DCA-BO Bologna, Italien, Sansavini, S., Tartarini, S.; Pomology Institute, Naoussa, Griechenland, Manganaris, S.; [EU-Projekt FAIR5 – CT97 – 3898] (BAZ-6140)

### **1.9. Entwicklung molekularer Marker für polygen vererbte Schorf- und Mehlttauresistenz beim Apfel** **Development of molecular markers for polygenically controlled scab- and powdery mildew resistance in apple**

Thiermann, M.; Dunemann, F.

Zielsetzung/Aim:

Die im Rahmen des EU-Projektes „D.A.R.E.“ (Durable Apple Resistance in Europe) durchgeführten Arbeiten zielen auf die Charakterisierung dauerhafter Resistenzen gegen die wichtigsten Pilzkrankheiten bei *Malus*, Apfelschorf und Apfelmehltau. Zu diesem Zweck werden im Rahmen des EU-Projektes vier Basispopulationen molekular und phytopathologisch untersucht, die auf die Kreuzung zwischen fünf verschiedenen Apfelsorten mit unterschiedlichen Resistenztypen zurückgehen. Ziel der Arbeiten des Ahrensburger Teilprojektes ist es, eine molekulare Kopplungskarte für die Population C3 zu erstellen. Die Karte soll anschließend genutzt werden, um mit Hilfe von QTL- und Kandidatengen-Analysen noch weitgehend unbeschriebene dauerhafte Resistenzquellen für Apfelschorf und Apfelmehltau genetisch und molekulargenetisch zu charakterisieren.

The work is done in framework of the European project „D.A.R.E.“ (Durable Apple Resistance in Europe). The aim of the work is the characterization of durable resistances against the two major fungal diseases in *Malus*, apple scab and powdery mildew. The whole project is based on four populations derived from crosses between five apple cultivars with different resistance types. The work at IZZ Ahrensburg is aimed at the construction of a molecular linkage map for population C3 ('Discovery' x 'Prima'). This map shall be used for QTL- and candidate gene analyses to characterize so far undefined polygenically inherited scab and powdery mildew resistances.

Ergebnisse:

Als Material für das Vorhaben steht eine Nachkommenschaft (C3-Population) aus der Kreuzung Discovery x Prima zur Verfügung. Die Sorte Prima enthält das Major-

gen *Vf* für Schorffresistenz. In der Sorte Discovery sind unbekannte polygene Resistenzen sowohl für Schorffresistenz als auch für Mehlttauresistenz vorhanden. Darüber hinaus besitzen beide Eltern das Resistenzgen *Vg* für Schorffresistenz. Die Pflanzen dieser Nachkommenschaft sind im Institut für Obstzüchtung (Dresden-Pillnitz) aufgefällt, wo sie auf Schorf- und Mehlttauresistenz bonitiert werden. Rassenspezifische Schorffresistenzdaten werden beim französischen Partner in Angers ermittelt. Es werden 150 Pflanzen aus der 250 Pflanzen umfassenden C3-Gesamtpopulation für die durchgeführten Untersuchungen verwendet. Die Kartierung erfolgte auf der Basis von AFLP- und Mikrosatellitenanalysen. Die vorläufigen Markerkarten für Discovery und Prima aus dem Jahr 2000 wurden auf der Grundlage zusätzlicher AFLP- und Mikrosatellitenanalysen erweitert. Bis zum Ende des Berichtsjahres wurden 536 AFLP-Marker, 43 Mikrosatelliten und ein an das *Vf*-Resistenzgen eng gekoppelter SCAR-Marker kartiert. Die 150 C3-Nachkommen wurden mit 27 AFLP-Primerkombinationen analysiert.

Die Markerkarten wurden mit Hilfe der Kartierungssoftware Joinmap Version 3.0 erstellt. Die Kopplungskarte von Discovery besteht aus 17 Gruppen mit 271 AFLP- und 42 SSR-Markern. Die Prima-Karte besteht ebenfalls aus 17 Gruppen und basiert auf 244 AFLP-, 39 SSR- und dem AL07-SCAR-Marker. Das Genom des Apfels umfasst 17 Chromosomen, sodass die Anzahl der Kopplungsgruppen der Anzahl der Chromosomen entspricht. Des Weiteren ist auf sämtlichen Kopplungsgruppen mindestens ein Mikrosatelliten-Marker kartiert, so dass die Vergleichbarkeit mit den Karten der anderen Partner gewährleistet ist.

Für die QTL-Analysen wird die Software MapQTL Version 4.0 eingesetzt. Auf Grundlage der Kopplungskarten wurden QTL-Analysen mit den Schorf- und Mehltauboniturdaten aus den Jahren 1999 bis 2001 vom Standort Dresden-Pillnitz durchgeführt. Bei der getrennten Verrechnung der Infektionsdaten aus den drei Jahren konnten für beide Eltern sowohl für Schorf- als auch für Mehltau Kopplungsgruppen mit starken QTL-Effekten ermittelt werden. Beim Mehltau treten über sämtliche Bonituren im Zeitraum 1999 bis 2001 sowohl bei Discovery als auch bei Prima starke QTL-Effekte auf der Gruppe 9 auf. Beim Apfelschorf zeichnen sich bei beiden Eltern die Gruppen 1 und 2 durch starke Effekte aus.

Neben der Komplettierung der Markerkarten und QTL-Analysen lag ein Schwerpunkt der Arbeit in der Resistenz-Kandidatengen-Analyse. Für die Analyse wurden degenierte Resistenzgen-Primer nach Leister et. al. (Nature Genetics 1996) und Pan et. al. (J. Mol. Evol. 2000) verwendet. Diese Primer binden in unterschiedlichen Bereichen konservierter Motive von Resistenzgenen der NBS-LRR-Klasse [nucleotide binding site / leucine rich repeat]. Zu dieser Klasse gehört der größte Teil der heute analysierten pflanzlichen Resistenzgene. Die NBS-LRR Resistenzgene gliedern sich auf Grund ihrer N-terminalen Endigung in zwei Gruppen. Die Gruppe I wird von den NBS-LRR-TIR Resistenzgenen gebildet, und die Gruppe II von den NBS-LRR-non-TIR Resistenzgenen. Es wurden 16 verschiedene Primerkombinationen verwendet. Ein Teil

dieser Kombinationen amplifiziert spezifische Fragmente aus einer der beiden Gruppen der NBS-LRR Resistenzgene. Acht dieser Kombinationen waren NBS-LRR Gruppe I spezifisch und fünf NBS-LRR Gruppe II spezifisch. Bei drei Kombinationen handelte es sich um universelle Kombinationen.

Insgesamt wurden über 60 der mit den verschiedenen Primerkombinationen aus Discovery amplifizierten Fragmente kloniert und sequenziert. Auf Grundlage der erhaltenen Sequenzdaten wurde ein Stammbaum der Resistenzgenanalogen [RGA] erstellt (Abbildung 1). Anschließend wurden PCR-Primer für 40 *Malus*-spezifische Resistenzgenanalogue erstellt. Diese RGA sollen nun in einem Subset von 70 Nachkommen der C3-Population mit Hilfe der SSCP-Technik [single strand conformation polymorphism] (Abbildung 2) und gegebenenfalls durch einen CAPS-Ansatz [cleaved amplified polymorphic sites] kartiert werden. Nach Abschluß dieser Arbeiten sollen diese in die Kopplungskarten integriert werden, so daß im Frühjahr 2002 abschließende Kopplungskarten für Discovery und Prima erstellt werden können.



Abb. 1: Stammbaum von 69 *Malus* Resistenzgen-Analogen auf Basis eines Clustal-W-Sequenzvergleichs

Fig. 1: Genealogical tree of 69 *malus* resistance gene analoges based on a Clustal-W-sequence alignment

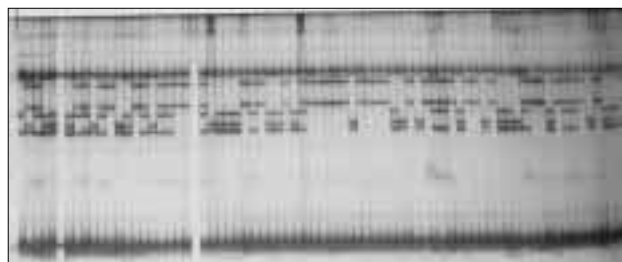


Abb. 2: SSCP-Muster des *Malus*-spezifischen Resistenzgen-Analogen 4F8; 70 Isolate + Eltern Discovery und Prima; 0,5 x MDE-Gel

Fig. 2: SSCP patterns of the *Malus*-specific resistance gene analog 4F8; 70 isolates + parents Discovery und Prima; 0,5 x MDE gel

#### Abstract:

A molecular linkage map has been constructed for cultivated apple using 150 individuals of the population C3 which has been „designed“ to allow especially the mapping of quantitatively inherited fungal resistances. Both parents of the C3 progeny are monogenically and polygenically scab resistant. In addition, ‘Discovery’ is mildew resistant, but the genetic base of the resistance is yet unknown. Linkage mapping was performed using AFLP as well as SSR marker technology. From an AFLP primer screening based on 256 combinations 27 primer combinations were selected for mapping. A total of 536 AFLP markers and 43 SSR-loci have been mapped in 17 parent specific groups each, which is the basic chromosome number in apple. A first approach to use the preliminary maps for QTL mapping of polygenes involved in apple scab and powdery mildew resistance looked promising. Separate QTL calculations, using the mildew scoring data from the years 1999 to 2001, suggest strong QTL effects on different linkage groups of ‘Discovery’ and Prima.

In the last stage of the project we are now analyzing 40 *Malus*-specific resistance gene analogs (RGA). These specific sequences were amplified out of Discovery with degenerated primers of conserved motives of the NBS-LRR class of resistance genes. More than 60 DNA fragments were cloned and sequenced. New PCR-primers for *Malus*-specific RGA mapping were constructed. Seventy individuals of the C3-population are screened mainly by using the SSCP-technique.

In Zusammenarbeit mit: INRA Angers, Frankreich; Lespinasse, Y., Durel, C.E.; PRI Wageningen, Niederlande; Schouten, H., van der Weg, E.; ETH Zürich, Schweiz; Gessler, C., Kellerhals, M.; BAZ-IOZ Dresden-Pillnitz, Fischer, C.; HRI East Malling, Großbritannien; Evans, K., James, C.; DCA-BO Bologna, Italien; Sansavini, S., Tartarini, S.; Pomology Institute, Naoussa, Griechenland; Mangararis, S.; EU-Projekt FAIR5 - CT97 - 3898 (BAZ-6140)

## 2. In vitro Techniken In vitro techniques

### 2.1. Somaclonale Variation bei aus Protoplasten regenerierten Rosen

#### Somaclonal variation in protoplast derived roses

Schum, A.; Hofmann, K.

#### Zielsetzung/Aim:

Protoplastenkulturen bieten gegenüber klassischen Züchtungsverfahren zusätzliche Perspektiven, die genetische Variabilität kultivierter Rosen zu erweitern. Der Einsatz somatischer Hybridisierungen und direkter Transformation soll insbesondere zur Erschließung neuer Resistenzquellen gegenüber pilzlichen Krankheitserregern wie Sternrußtau (*Diplocarpon rosae*) überprüft werden.

In comparison with conventional breeding methods protoplast cultures offer additional potentials for increasing the genetic variability in cultivated roses. Application of somatic hybridization and direct transformation are pursued with the aim of exploitation of new sources of resistance against fungal pathogens such as *Diplocarpon rosae* (blackspot).

#### Ergebnisse:

Aus embryogenen Zellsuspensionskulturen isolierte Protoplasten der Gartenrosensorten 'Pariser Charme' und 'Heckenzauber' wurden in diversen unabhängigen Versuchsansätzen zu Pflanzen regeneriert. Bei der Hybride *Rosa persica* x *R. xanthina* gelang die Pflanzenregeneration ausgehend von Protoplasten, welche aus nicht embryogenen Zellsuspensionskulturen gewonnen wurden. Regenerierte Primärsprosse wurden in vitro geklont, bewurzelt und zur weiteren Charakterisierung in die Gewächshauskultur überführt.

Allein aus Protoplasten regenerierte Pflanzen der Hybride *R. persica* x *R. xanthina* gleichen morphologisch in vitro produzierten Kontrollen. Bei beiden Sorten weisen dagegen die in ersten Versuchsansätzen regenerierten Pflanzen stark gestauchte Internodien und einen massiven Blattachselknospenaustrieb auf, der sich auf die gesamte Länge der Sprossachse erstreckt. Es kann vermutet werden, daß dieser Habitus nicht zwangsläufig genetisch bedingt ist, sondern vielmehr eine physiologische Störung infolge der während der in vitro Kultur applizierten Cytokinine darstellt. Dieser atypische Wuchscharakter erhielt sich während einer bis zu drei Jahren andauernden Kultur im Gewächshaus und zeigte sich auch bei von derartigen Pflanzen abgenommenen Stecklingen. Nach Abänderung des Regenerationsprotokolls traten derartige Störungen weniger häufig auf. Allerdings wurden bei beiden Sorten weiterhin regelmäßig Veränderungen in vegetativen (Tabelle 1) und generativen (Tabelle 2) Merkmalen beobachtet. Betroffen ist zum einen der Habitus in Bezug auf Pflanzengröße, Internodienstauchung, Buschigkeit und Ausrichtung der Seitentriebe. Variationen im Laub betreffen Blattgröße, Farbe, Konsistenz, Fiederform sowie die Ausprägung des Blattrandes. Veränderungen im Bereich

der Blüten zeigen sich bei der Größe, dem Grad der Blütenfüllung, der Petalenform und der Blütenfarbe. In etlichen Fällen treiben die Blüten anstelle einer Ausbildung von Staub- und Fruchtblättern konstant auch während der lichtstarken Jahreszeit vegetativ durch.

Als auslösende Faktoren für die sehr stark auftretende somaklonale Variation kommen Phasen im dedifferenzierten Zustand in Betracht, welche an mehreren Stellen des gesamten Zyklus der Protoplastenkultur durchlaufen werden. Ausgehend von in vitro Blättchen muß zunächst Kallus induziert und vermehrt werden. Von diesem werden dann Zellsuspensionskulturen angelegt, welche als Ausgangsmaterial für die Protoplastenisolierung dienen. Die anschließende Regeneration erfolgt nach einer weiteren Kallusphase über eine somatische Embryogenese mit anschließender Adventivsprossbildung aus den Kotyledonen heraus. Die Verwendung von in vitro Sprossen oder Blättchen zur Isolierung der Protoplasten würde die kritischen Phasen im dedifferenzierten Zellzustand beschränken. Allerdings sind derartige Systeme in der Praxis nicht einsetzbar, da (1) mit Ausnahme einzelner Genotypen nur geringe Protoplastenausbeuten aus diesem Ausgangsmaterial gewonnen werden können und (2) diese Protoplasten lediglich Kallus nicht morphogenen Charakters regenerieren. Für die angestrebten somatischen Hybridisierungen mit Wildarten ist ein gewisses Maß an somaklonaler Variation tolerabel, solange die reproduktiven Organe nicht davon betroffen sind. Die Strategie der Introgression von Resistenzgenen über Protoplastenfusionen erfordert in jedem Fall eine Rückkreuzung der resultierenden Fusionshybride mit Kultursorten und anschließende strenge Selektion von Phänotypen, die den Ansprüchen der gartenbaulichen Praxis entsprechen.

#### Abstract:

In several independent experiments plantlets were regenerated from protoplasts derived from embryogenic cell suspensions in case of cvs. 'Pariser Charme' and 'Heckenzauber' and from non embryogenic cell suspensions in case of the hybrid *Rosa persica* x *R. xanthina*. Primary shoots were cloned in vitro, rooted and transferred to the greenhouse for further characterization. Protoplast derived plants of the hybrid were identical to in vitro produced controls in vegetative traits. In contrast, plants regenerated from protoplasts of the two cultivars exhibited a high degree of alterations both in vegetative and generative characters. Affected were traits such as habit (plant height, elongation of internodes, degree of branching, orientation of lateral shoots), leaves (size, colour, consistency, shape of leaflets, outline of leaf margin) and flowers (size, colour, number and shape of petals). It can be assumed, that the observed alterations result both from physiological disorders caused by growth regulators applied in the course of in vitro culture as well as from mutations. The use of in vitro shoots instead of cell suspensions as source for protoplasts would certainly limit risks of somaclonal variation, as dedifferentiated phases prior to protoplast isolation are avoided. However, with the exception of a few genotypes, only negligible numbers of protoplasts could be ob-

tained from such material. Furthermore, culture of such protoplasts resulted only in callus of non morphogenic character. A certain degree of somaclonal variation may be tolerable as long as reproductive organs are not concerned. Protoplast fusion with the aim of introgression of resi-

stance genes from wild species will require further backcrosses between resulting somatic hybrids and cultivars in any case, followed by careful selection in order to obtain individuals of horticultural value.

Tab. 1: Von somaklonaler Variation betroffene vegetative Merkmale bei aus Protoplasten regenerierten Rosen der Sorten 'Pariser Charme' und 'Heckenzauber' (Auftreten in Prozent bei unabhängig voneinander regenerierten Klonen)

Table 1: Somaclonal variation observed in vegetative characters of plants regenerated from protoplasts of rose cultivars 'Pariser Charme' and 'Heckenzauber' (occurrence in percentage of independently regenerated clones)

<b>Merkmal</b>	<b>Bonitur</b>	<b>'Pariser Charme' (n = 11)</b>	<b>'Heckenzauber' (n = 44)</b>
Pflanzengröße	normal	9	7
	mittelgroß	73	50
	klein	18	43
Internodien	gestreckt	73	2
	gestaucht	27	98
Achselknospenaustrieb	normal	73	0
	stark	27	100
Seitentriebsausrichtung	aufrecht	18	100
	waagrecht	82	0
Blattgröße	normal	9	2
	mittel	82	66
	klein	9	32
Laubfarbe	normal	18	57
	chlorotisch	64	34
	dunkel	18	9
Blattkonsistenz	normal	27	98
	sukkulent	9	2
	pergamentartig	64	0
Fiederform	normal	91	75
	rundlich	9	5
	schmal	0	20
Blattrand	normal	36	93
	stark gezähnt	64	7

Tab. 2: Von somaklonaler Variation betroffene generative Merkmale bei aus Protoplasten regenerierten Rosen der Sorten 'Pariser Charme' und 'Heckenzauber' (Auftreten in Prozent bei unabhängig voneinander regenerierten Klonen)

Table 2: Somaclonal variation observed in floral characters of plants regenerated from protoplasts of rose cultivars 'Pariser Charme' and 'Heckenzauber' (occurrence in percentage of independently regenerated clones)

<b>Merkmal</b>	<b>Bonitur</b>	<b>'Pariser Charme' (n = 9)</b>	<b>'Heckenzauber' (n = 42)</b>
Blütengröße	normal (sortentypisch)	78	0
	mittelgroß	11	69
	klein	11	31
Blütenfarbe	rosa (sortentypisch)	11	7
	dunkelrosa	89	0
	hellrosa	0	2
	orange-lachs	0	81
	orange	0	10
	innere Petalen weiß gestreift	0	95
Blütenfüllung	stark (sortentypisch)	33	21
	mittel	0	43
	gering - nicht	67	36
	vegetativ durchtreibend	11	50

## 2.2. Nutzung der somatischen Embryogenese für die Massenvermehrung von Rosen *in vitro* Utilization of somatic embryogenesis for the *in vitro* mass propagation of roses

Ludwig, C.; Dohm, A.

### Zielsetzung/Aim:

Im Rosenanbau gewinnt die *in vitro* Kultur neben der Veredlung und der Stecklingsvermehrung als Vermehrungssystem zunehmend an Bedeutung. Als *in vitro* Vermehrungssystem wird bisher die Bildung von Adventivsprossen genutzt, die nahezu für alle Rosengenotypen anwendbar ist, aber einen hohen Einsatz an Handarbeit erfordert, so dass eine deutliche Verlagerung der Rosen-*in vitro* Kultur in sog. Billiglohnländer zu verzeichnen ist. Als Alternative zur Adventivsprossbildung wurde am Institut für Zierpflanzenzüchtung ein Protokoll für die Regeneration über somatische Embryogenese entwickelt. Bevor dieses Regenerationssystem für die Massenvermehrung von Rosen genutzt werden kann, muß zunächst seine Effizienz überprüft werden. Eine weitere wichtige Voraussetzung ist die somaklonale Stabilität der regenerierten Pflanzen. Beide Parameter werden in dem hier beschriebenen Forschungsprojekt für sechs Rosensorten analysiert.

For commercial rose production the propagation via *in vitro* culture is becoming more and more important. Usually *in vitro* propagation is done by the cultivation of axillary buds. Because this method requires a high input of work done by hand, the *in vitro* culture of roses is continuously transferred into countries with a lower wage level. As an alternative to the propagation by adventitious bud formation a protocol for the regeneration via somatic embryogenesis was established at the Institute of Ornamental Plant Breeding. Before this regeneration system can be used for the mass propagation of roses, its efficiency has to be analysed. Another important prerequisite is the somaclonal stability of the regenerated plants. Both parameters are examined for five different rose cultivars

### Ergebnisse:

Das in diesem Forschungsprojekt genutzte Protokoll für die Regeneration von Rosen über somatische Embryogenese wurde im Jahre 1995 am Institut für Zierpflanzenzüchtung entwickelt. Diesem Protokoll folgend werden *in vitro* Blätter auf ihrer Unterseite verletzt und für eine Subkultur von vier Wochen auf auxinhaltigem MS-Medium kultiviert, wo sie Kallus bilden. Anschließend werden die Blattextplantate für mehrere Subkulturen von jeweils vier Wochen auf cytokininhaltiges Medium überführt. Hier regenerieren auf dem Primärkallus somatische Embryonen und embryogener Kallus, der auf MS-Medium mit einer Kombination von 0,25 mg/l NES, 1,5 mg/l Zeatin und 1 mg/l GA<sub>3</sub> vermehrt und erhalten werden kann. Die Regeneration von Pflanzen erfolgt gelegentlich spontan durch Keimung der somatischen Embryonen. Für die reproduzierbare Produktion von Pflanzen müssen die somatischen Embryonen jedoch über Adventivsprossbildung auf BAP-haltigem MS-Medium regeneriert werden. Im Rahmen

eines vorausgegangenen Forschungsprojektes konnten von 60 überprüften Rosensorten 70 % diesem Protokoll folgend regeneriert werden. Die Regenerationsraten, bestimmt als der prozentuale Anteil in Kultur genommener Blattextplantate mit somatischer Embryogenese, schwankte je nach Rosengenotyp von unter 1 % bis 95 %.

Im Rahmen des hier beschriebenen Forschungsvorhabens soll für sechs Rosensorten mit wirtschaftlicher Bedeutung überprüft werden, ob die Effizienz des beschriebenen Regenerationssystems für die Nutzung als Massenvermehrungssystem ausreicht. Weiterhin sollen die regenerierten Pflanzen hinsichtlich ihrer somaklonalen Stabilität analysiert werden. Hierfür mussten zunächst von den sechs ausgewählten Rosengenotypen embryogene Kalluslinien aus Blattextplantaten von *in vitro* Sprosskulturen hergestellt werden, was innerhalb der hierfür vorgesehenen sechs Monate für drei Genotypen gelang. Die Regenerationsrate in diesen Versuchen betrug maximal etwa 9 %. Diese Regenerationsfrequenz ist für die Effizienz als Massenvermehrungssystem jedoch nur von untergeordneter Bedeutung, da der gewonnene embryogene Kallus schnell vermehrt werden kann. Von den sechs ausgewählten Rosensorten waren zwei bereits in die vorhergehenden Versuche integriert und es stehen Langzeitkalli zur Verfügung. Somit konnten die weiteren Versuche für die beiden Sorten 010 und 351 sowohl mit frischen Kalluskulturen als auch mit Langzeitkalli und für die Sorte 462 nur mit frischem embryogenen Kallus durchgeführt werden.

Im Rahmen der Regenerationsversuche sollen aus somatischen Embryonen der drei Sorten insgesamt 2000 unabhängige Pflanzen regeneriert, zu vier Terminen bewurzelt und in Erde überführt und anschließend bonitiert werden. Hierfür werden die Embryonen in vierwöchigen Abständen auf MS-Medium mit 2 mg/l BAP kultiviert und bei jeder Subkultur die entstandene Sprosse abgetrennt. Dabei wurden die Regenerationsraten erfasst: Im Mittel über alle Subkulturen wiesen maximal 47 % der Embryonen gleichzeitig Sprossregeneration auf. Die drei Genotypen unterschieden sich hinsichtlich ihrer Regenerationsraten, sie schwankte von 27 % für die Sorte 010 bis zu 47 % für die Sorte 462. Der Vergleich der Sprossregeneration von Embryonen, die von frischen oder Langzeitkalli stammten, zeigte, dass die Kalli ihr Regenerationsvermögen im Laufe der Subkulturen nicht verlieren. Bei der Sorte 351 war die Regenerationsrate der Embryonen von Langzeitkallus mit 42 % sogar signifikant höher als die der Embryonen von frischem Kallus (23 %).

Mit dem Ziel höhere Regenerationsraten zu erreichen, wurden verschiedene Kulturbedingungen getestet. Einerseits wurde Saccharose als C-Quelle, die dem MS-Medium standardmäßig zugesetzt wird, gegen 3 % Xylose ausgetauscht, da diese Behandlung sich in Vorversuchen mit der Sorte Pariser Charme bewährt hatte. In diesen Versuchen wurde für die drei getesteten Sorten mit Xylose jedoch insgesamt keine höhere Regenerationsrate erzielt, die Embryonen bildeten lediglich weniger Kallus und sekundäre Embryonen. Aus diesen Ergebnissen lässt sich schlussfolgern, dass die optimale C-Quelle in Abhängigkeit vom Rosengenotyp ausgewählt werden muss. Erfolg-



reicher war die Kultivierung von somatischen Embryonen und Sprosskulturen in RITA®-Gefäßen. Bei diesem Kulturverfahren liegt das Pflanzenmaterial in geschlossenen Gefäßen auf Filtern und wird nur für kurze Zeiteinheiten in Flüssigmedium inkubiert, indem dieses zum Pflanzenmaterial gepumpt wird. In ersten Versuchen mit dem Kultursystem zeigten sowohl die somatischen Embryonen als auch die regenerierten Sprosse ein im Vergleich zum Festmedium verbessertes Wachstum und höhere Regenerationsraten. Dieser Effekt trat vor allem bei Sprosskulturen der Sorte 511 auf, die sich auf Festmedium sehr schlecht entwickeln. In laufenden Versuchen werden die Immersionszeit und -häufigkeit optimiert.

Für die Erfassung der somaklonalen Stabilität wurden im Berichtszeitraum jeweils etwa 500 unabhängige Sprosse aus somatischen Embryonen der Sorten 351 und 010 im Vergleich zu 60 Sprossen aus Achselknospen bewurzelt. Die Pflanzen wurden an die Fa. Mayer abgegeben, wo sie unter praxisüblichen Bedingungen weiterkultiviert werden. Bisher traten hinsichtlich Bewurzelung und Akklimatisierung keine Unterschiede zwischen Pflanzen aus somatischen Embryonen und Achselknospen auf. Die Pflanzen werden im weiteren wieder an das Institut für Zierpflanzenzüchtung überführt und hinsichtlich ihrer somaklonalen Stabilität bonitiert.

**Abstract:**

According to our protocol for the somatic embryogenesis of roses embryogenic callus cultures of three different rose genotypes with economical importance were established. Somatic embryos of these calli are regenerated to plants continuously in order to analyse the emerging plants for somaclonal stability. Up to now, 500 independent regenerants of two cultivars each have been transferred to the greenhouse. Their rooting ability as well as their greenhouse adaptation did not differ from plants originating from axillary buds. In maximum 47 % of the somatic embryos regenerated shoots simultaneously. The replacement of sucrose by 3 % xylose as carbon source in the culture medium did not enhance the regeneration frequency. The cultivation of somatic embryos as well as shoots in RITA® vessels, however, resulted in higher multiplication rates. Following this cultivation method the plant material is temporarily immersed with liquid culture medium. In running experiments the frequency and duration of the immersion periods are optimised.

In Zusammenarbeit mit Fa R. Mayer, Strullendorf (BAZ-6144)

### 3. Resistenz Resistance

#### 3.1. Erschließung neuer Resistenzquellen gegenüber dem Erreger des Sternrußtaus an Rosen Evaluation of new sources of resistance against blackspot

Blechert, O.; Dohm, A. ; Felten, R.; Debener, T.

**Zielsetzung/Aim:**

Der Sternrußtau (*Diplocarpon rosae* Wolf) gehört zu den wichtigsten pilzlichen Krankheitserregern an Rosen. Da die Anwendung von Pflanzenschutzmitteln aufgrund eines verstärkten Umweltbewußtseins und einer veränderten Pflanzenschutzmittelgesetzgebung reduziert werden muss, ist die Entwicklung resistenter Rosengenotypen notwendig. Die überwiegende Zahl der heutigen Kulturreisen ist gegenüber dem Erreger des Sternrußtaus anfällig, in Wildarten sind jedoch genetisch bedingte Resistenzen vorhanden. Diese sollen erschlossen und in den genetischen Hintergrund der Kulturreise übertragen werden.

Blackspot is one of the main fungal pathogens of roses. Due to ecological reasons and the altered legislation of pesticides in plant protection, the development of resistant rose genotypes becomes more and more important. As resistance is absent in nearly all cultivated roses, new sources of resistance have to be found which mainly occur in wild species. Once identified, such resistance genes can be transferred to the genome of cultivated roses.

**Ergebnisse:**

Die Untersuchung der gegen Sternrußtau resistenten Genotypen aus dem letzten Jahr wurde fortgeführt. Die Inokulationsexperimente mit Freiland- und Gewächshausmaterial wurden in 2001 wiederholt und der Befallsgrad quantitativ ausgewertet. Dazu wurde ein fünfstufiges Boniturschema entwickelt, in dem der Wert 0 für resistente und der Wert 4 für stark anfällige Genotypen steht (Abb. 1-5). Insgesamt wurden 82 Genotypen untersucht und mit diesem Bewertungsschema beurteilt (Tabelle 1).

Tab. 1: Einordnung der untersuchten Rosengenotypen in das quantitative Befallsschema

Table 1: Classification of the rose genotypes analysed into five interaction classes

Bewertungs-Stufe	Anzahl der Genotypen
0	20
1	18
2	19
3	22
4	3

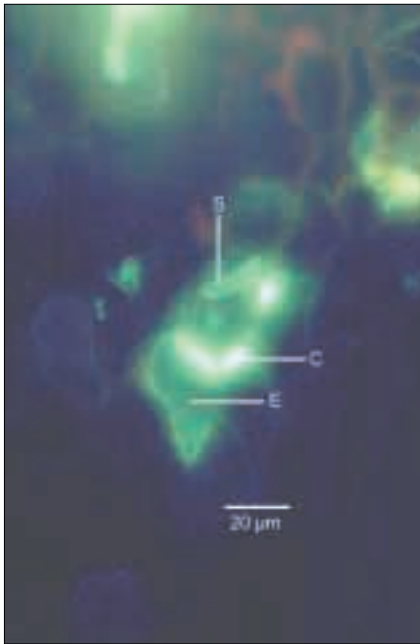


Abb. 1: Interaktion zwischen *R. roxburghii* Tratt. und *D. rosae* 7 Tage nach Inokulation. Aufsicht auf ein befallenes Rosenblatt. Klasse: 0. Keine Besiedlung durch *D. rosae*.

C = Kallose, S = Konidie, E = Epidermiszelle  
 Fig. 1: Interaction between *R. roxburghii* Tratt. and *D. rosae* 7 days post inoculation (dpi). Class 0: No colonisation by *D. rosae*.  
 C = callose, S = conidia, E = epidermal cell

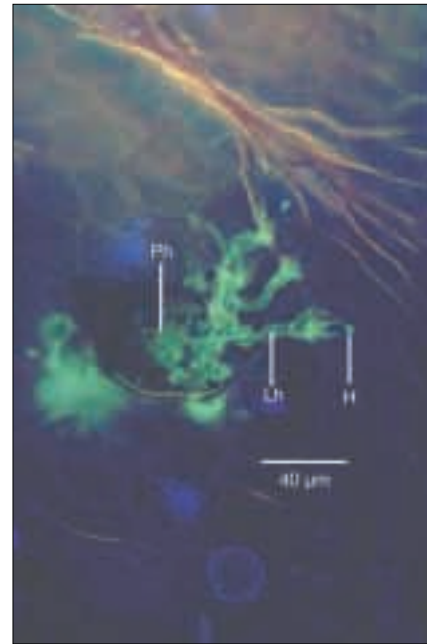


Abb. 3: Interaktion zwischen *R. obtusifolia* Desv. und *D. rosae* 7 Tage nach Inokulation. Klasse 2: Leichte Besiedlung durch *D. rosae*.  
 H = Haustorium, Lh = Langstreckenhyphen, Ph = Plektenchymatische Zellen.

Fig. 3: Interaction between *R. obtusifolia* Desv. and *D. rosae* 7 dpi. Class 3: week colonisation by *D. rosae*.  
 H = haustorium, Lh = long distance hyphae, Ph = plectenchymatic cells.

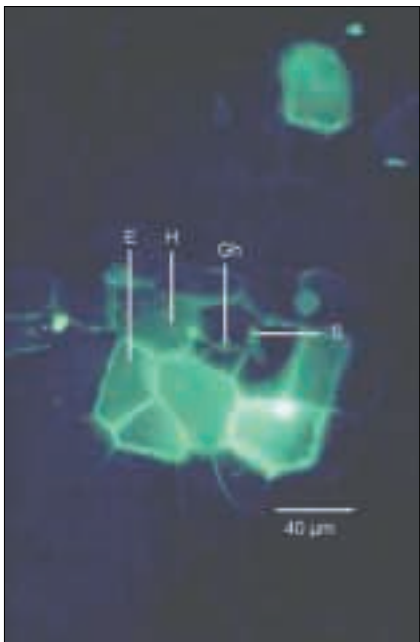


Abb. 2: Interaktion zwischen *R. caudata* Baker. und *D. rosae* 7 Tage nach Inokulation. Klasse: 1. Nahezu keine Besiedlung durch *D. rosae*.  
 E = Epidermiszelle, Gh = Keimhyphne, H = Haustorium, S = Konidie

Fig. 2: Interaction between *R. caudata* Baker and *D. rosae* 7 dpi. Class 1: Very weak colonisation.  
 E = epidermal cell, Gh = germination hyphe, H = haustorium, S = conidia

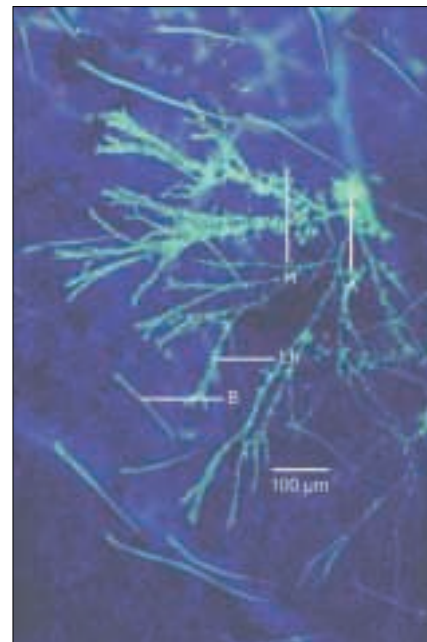


Abb. 4: Interaktion zwischen *R. foetida* Herrm. und *D. rosae* 7 Tage nach Inokulation. Klasse 3: starke Besiedlung durch *D. rosae*.  
 H = Haustorium, Lh = Langstreckenhyphen, B = Blatthaar, A = Azervuli.

Fig. 4: Interaction between *R. foetida* Herrm. and *D. rosae* 7 dpi. Class 3: strong colonisation by *D. rosae*.  
 H = haustorium, Lh = long distance hyphae, B = leaf trichome, A = acervuli

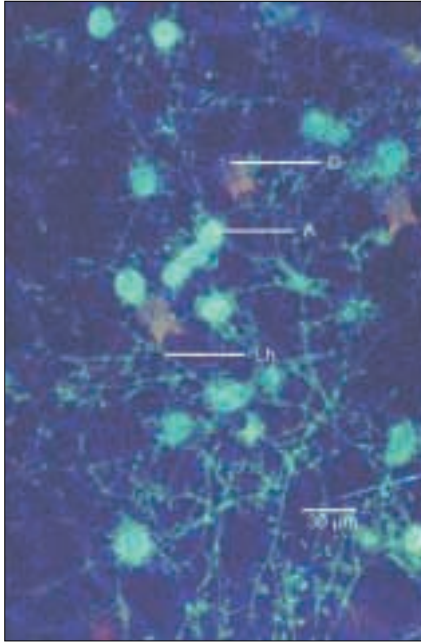


Abb. 5: Interaktion zwischen *R. serafinii* Viv. und *D. rosae* 7 Tage nach Inokulation. Klasse 4: massive Besiedlung durch *D. rosae*.

A = Azervuli, D = Drüsenhaar, Lh = Langstreckenhyphen.

Fig. 5: Interaction between *R. serafinii* Viv. and *D. rosae* 7dpi. Class 4: strong colonisation by *D. rosae*.

A = acervuli, D = glandular hair, Lh = long distance hyphae

Neben der quantitativen Bewertung der Erreger-Wildpflanze-Wechselwirkung wurden die Genotypen mit qualitativen Parametern unterschieden. Hierzu zählen neben Kalloseappositionen an der Infektionsstelle das Vorhandensein von Haustorien, verschiedener Hyphenformen sowie von Konidienlagern und Konidien. Damit konnten Genotypen identifiziert werden, die unterschiedliche Resistenzmechanismen aufweisen und damit besonders interessant für eine Kombinationszüchtung sind.

#### Abstract:

The histological investigations of resistance to blackspot in roses were continued. A refined scheme for the evaluation of the degree of resistance was developed. Apart from quantitative differences in the resistance response differences in the morphology of developing fungal structures in different susceptible rose genotypes were found as well. Based on these observations different genotypes displaying different mechanisms of disease resistance to blackspot could be identified.

In Zusammenarbeit mit: Universität Dresden, Drewes-Alvarez, R.; Firma Kordes Söhne, Sparrieshoop; Firma Rosen Tantau, Uetersen; Firma Noack Rosen, Gütersloh; Europa Rosarium Sangerhausen, Brumme; Ehrig, BAZ Institut für Pathogendiagnostik, Aschersleben. (BAZ-6134)

## 4. Erstellung von Basismaterial Development of basic material

### 4.1. Herstellung von Basismaterial für die züchterische Weiterentwicklung von Dahlia-Hybriden (*Dahlia x cultorum*)

#### Development of basic material for breeding of Dahlia hybrids (*Dahlia x cultorum*)

Südbeck, H.; Grunewaldt, J.; Debener, T.

#### Zielsetzung/Aim:

Unter den Stauden sind die Dahlien von besonderem Zierwert. Die wirtschaftliche Nutzung ist wegen einer Reihe unbefriedigender Eigenschaften, wie mangelnde Resistenz gegen Viren, Pilze und Bakterien, wegen Frostanfälligkeit und unzureichender Lager- und Transporteigenschaften, begrenzt. Wichtige Zuchtziele beziehen sich daher auf die Pflanzengesundheit, aber auch auf kontrastreiche Blütenfarben und deren Konstanz, die Petalenausprägung, den Aufblühtermin und die Blühdauer. Die komplexe Genomstruktur, die vor allem auf einer hohen Ploidiestufe beruht, sowie die Blüten- und Befruchtungsbiologie sind bei *Dahlia* bisher nicht systematisch bearbeitet, so dass die Anwendung bestehender Zuchtmethoden und deren Ergänzung durch neuere, molekulargenetische Methoden aussteht. Diese zu erarbeiten und zur Erstellung von Basismaterial zu nutzen ist Gegenstand des Forschungsprojektes.

Among the herbaceous plants, Dahlias have an outstanding ornamental value. The economic importance of Dahlia is limited due to a number of lacking plant and growth characters. The complex genome structure and the flowering and reproduction biology are not yet investigated systematically. Thus, the application of existing breeding methods and the integration of molecular techniques is limited. It is the aim of this research project to develop this area and to select basic breeding material.

#### Ergebnisse:

**Isolationsparzelle.** Im Jahr 2001 wurde eine neue Isolierungsparzelle zur Akkumulation der Mehltautoleranz gegen den echten Mehltau (*Erysiphe cichoracearum*) innerhalb des Zuchtmaterials angelegt. Das in dieser Parzelle produzierte Saatgut soll als Ausgangsmaterial dienen, um mit den in den vergangenen Jahren entwickelten Zuchtmethoden die Mehltautoleranz in Basismaterial zu integrieren. Die in der Isolierung enthaltenen Genotypen wiesen eine Mehltauboniturnote von max 1 auf, einer zeigte im Jahr 2000 trotz starken Befalls anfälliger Genotypen keinen Befall. Bei der Hälfte der beteiligten Genotypen wurde in den vergangenen Jahren bereits eine Nachkommenschaftsprüfung durchgeführt und ihre Eignung als Elter im Zuchtprogramm nachgewiesen.

Die Isolierung beinhaltete zwölf verklonte Genotypen mit jeweils fünf Klonteilen. Diese wurden vollrandomisiert aufgepflanzt. Nachdem alle Genotypen aufgeblüht waren, wurden einmalig alle Blüten und Samenkapseln entfernt, so dass alle Genotypen potentiell an der Saatgutproduktion beteiligt waren. Die danach entstandenen Samenkapseln

seln wurden nach dem Ausreifen mit 12 Kapseln pro Klonteil nach Müttern getrennt geerntet.

Die Anzahl der Samen pro Kapsel variiert zwischen den Genotypen zwischen 10,45 und 59,25 (Tabelle 1). Ein direkter Bezug zwischen Samenanzahl pro Kapsel und Tausendkorngewicht lässt sich nicht herstellen. Über die Keimfähigkeit des Saatguts lassen sich noch keine Aussagen treffen, es steht jedoch von jedem Nachkommen ausreichend Saat zur Verfügung, um im nächsten Jahr Aussagen über die Akkumulation der Mehltautoleranz innerhalb des Materials zu erhalten.

Tab. 1: Geerntete Samen pro Genotyp innerhalb der Isolationsgruppe in 2001

Table 1: Harvested seed from isolation in 2001

Genotyp	Samen/Kapsel	TKG [g]
98	33,00	10,40
157	10,45	10,21
202	34,17	7,56
289	24,27	7,07
329	22,75	6,45
331	10,57	9,78
340	14,07	8,06
351	24,35	11,23
359	57,67	8,67
367	59,25	5,82
369	19,05	7,00
393	31,70	10,36

**Mehltauanfälligkeit.** Im Jahr 2001 wurde eine Versuchsanlage aufgepflanzt, um ein Screening auf Mehltauanfälligkeit des entwickelten Basismaterials durchzuführen. Zu diesem Zweck wurden 21 Genotypen à 32 Pflanzen verklont und in Parzellen von vier Reihen à acht Pflanzen ausgepflanzt. Die Parzellen wurden mit einem Gitter eines hochanfälligen Genotyps umpflanzt, um einen gleichmäßigen Befallsdruck mit *Erysiphe cichoracearum* zu gewährleisten. Leider konnte im Jahr 2001 auch an dem hochanfälligen Genotyp kaum ein Mehltaubefall festgestellt werden, so dass der Versuch im Jahr 2002 in Teilen wiederholt werden muss.

**Homogenität.** Innerhalb der Parzellen wurden Tests auf Sorteneignung durchgeführt. Da eine Vielzahl von züchterisch interessanten Eigenschaften schon im vorhergehenden Jahr an fünf Klonteilen pro Genotyp bonitiert wurde, sollte in diesem Jahr vor allem der Gesamteindruck der Einheitlichkeit innerhalb der 32 Klonteile pro Parzelle festgestellt werden. Ein wichtiges Kriterium war das Blühverhalten innerhalb der jeweiligen Parzelle. Der Anteil der aufgeblühten Pflanzen innerhalb der Gruppen wurde ab dem 04.07.01 in einwöchigem Abstand aufgenommen. Von den 21 untersuchten Klonten waren sechs am dritten Boniturtermin vollständig aufgeblüht, bei den restlichen 15 Gruppen war dies am vierten Boniturtermin der Fall. Das weitere Blühverhalten innerhalb der Vegetationsperiode wurde in drei Boniturstufen erfasst. Abgeblühte Blütenstände und Samenkapseln verblieben an den Pflanzen, so dass davon ausgegangen werden kann, dass die Leis-

tung der einzelnen Genotypen nach Ausputzen der Pflanzen deutlich besser ist. Die Boniturnoten umfassten: 1 = wenig gleichzeitig geöffnete Blütenstände, 2 = viele gleichzeitig geöffnete Blütenstände, 3 = sehr viele gleichzeitig geöffnete Blütenstände. Bonituren, die das Durchblühverhalten der Genotypen bis zum Vegetationsende dokumentieren, wurden am 10.09., am 19.09., am 26.09. und am 04.10. erhoben (Tabelle 2).

Tab. 2: Anzahl spät blühender Dahlienklone  
Table 2: Number of late flowering Dahlia clones

Boniturdatum	10.09.	19.09.	26.09.	04.10.
Boniturstufe 1	0	1	2	12
Boniturstufe 2	7	8	15	6
Boniturstufe 3	14	12	4	3

Zwei Drittel der untersuchten Klone zeigen zum ersten Boniturtermin ein Blühverhalten der Stufe 3, ein weiteres Drittel befindet sich in der Boniturstufe 2. Eine gute Woche später hat sich das Bild kaum verschoben. Ende September (26.09.) befinden sich gut zwei Drittel der Klone noch in Boniturstufe 2, vier Klone liegen immer noch in Boniturstufe 3, zwei weitere Gruppen in Boniturstufe 1. Am 04.10. hat eine deutliche Verschiebung in Richtung „wenig Blüten“ stattgefunden. Zwölf der Gruppen befinden sich in Boniturstufe 1, sechs Gruppen in Stufe 2 und immerhin noch drei Gruppen in Stufe 3.

Es zeigt sich deutlich, dass die Genotypen Potential sowohl in Richtung auf „frühblühend“, als auch in Richtung „lange durchblühend“ aufweisen. Auch diese Eigenschaften haben neben anderen Zuchtzielen, wie Habitus, Haltung und Aufbau der Einzelblüten, Blütenstielqualität und -länge, dazu beigetragen, das Basismaterial weiter einzugrenzen und qualitativ zu verbessern.

Von den 21 untersuchten Genotypen verblieben zwölf mit verbesserter Qualität, die nun wiederum in das Zuchtsystem eingebracht werden können.

Abstract:

12 Genotypes with low infection of powdery mildew have been combined in an isolated polycross. In the next years, progenies from the produced seeds will be tested in the field.

The testing of 21 Dahlia hybrids for tolerance against powdery mildew was unsuccessful due to missing natural infections, but a selection for higher quality in the basic material was successful.

In Zusammenarbeit mit: Prof. Otto, Lüneburg (BAZ-6129)

# Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik

## Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics

Aschersleben

Mit seinem Forschungsprofil orientiert sich das Institut an den allgemeinen Aufgaben der Ressortforschung des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Landwirtschaft und Forsten (BMVEL). Die wissenschaftlichen Aufgabenstellungen leiten sich ab aus dem Bedarf des Ministeriums nach Beratung und Entscheidungshilfe, den Anforderungen der fruchtartenspezifischen Institute der BAZ und den aktuellen Resistenzproblemen der züchterischen Praxis in Deutschland. In Übereinstimmung mit der überwiegend methodischen Ausrichtung des Institutes wurden Forschungskonzeptionen für die Themenfelder Resistenzforschung und Pathogendiagnostik entwickelt, die folgende Schwerpunkte beinhalten:

### Resistenzforschung

- Entwicklung und praxisbezogene Optimierung biologischer, biochemischer und molekularbiologischer Methoden zum Nachweis von Pathogenresistenz in Kulturpflanzen, Untersuchungen zur biologischen Sicherheit transgener Pflanzen
- Untersuchung von Wirt-Pathogen-Interaktionen zur Aufklärung von Pathogenese- und Resistenzvorgängen,
- Gentechnische Erzeugung neuartiger Krankheitsresistenz durch Übertragung definierter DNA-Sequenzen in das Genom von Kulturpflanzen und Analyse des Wirkmechanismus,

### Pathogendiagnostik

- Entwicklung von Methoden zum qualitativen und quantitativen Nachweis von Viren, Bakterien und Pilzen in der Resistenzzüchtung,
- Identifizierung, Differenzierung und Charakterisierung von Krankheitserregern als Voraussetzung für die Aufklärung von Pathogenese- und Resistenzvorgängen in Kulturpflanzen.

Wie in den zurückliegenden Jahren waren Forschungsaufgaben an einem breiten Spektrum von Kulturpflanzen (15 Arten) zu bearbeiten, wobei Getreidekulturen nach wie vor den Schwerpunkt bilden. Neben den vielfältigen Aspekten der Erhöhung der natürlichen Widerstandsfähigkeit, d.h. der Resistenz gegen pilzliche, bakterielle und virale Krankheitserreger sowie tierische Schädlinge, gewinnen Fragen der Qualität, Sicherheit und gesundheitlichen Unbedenklichkeit pflanzlicher Produkte zunehmende Beachtung und Bedeutung in der Gesellschaft.

Ährenfusariosen sind bekanntermaßen ein zentrales Problem im Getreidebau. Sie können nicht nur zu erheblichen Ertragsausfällen führen, sondern das Erntegut auch mit einer Reihe gefährlicher Toxine belasten. Diese Gefahr stellt sich in besonderem Maße auch für den sich kontinuierlich ausweitenden Ökolandbau in Deutschland, wo bewusst auf den Einsatz chemisch-synthetischer Fungizide verzichtet wird.



Abb. 1: „Partielle Taubährigkeit“ an einer mehrzeiligen (a) und zwei-zeiligen (b) Gerstensorte

Fig. 1: „Fusarium head blight“ (scab) a multi-rowed (a) and a two-rowed (b) barley variety

Im vergangenen Jahr ist es im Institut gelungen, einen serologischen Test (ELISA) zur Detektion von *Fusarium*-Myzel in den Ähren bzw. Körnern verschiedener Getreidearten so weit zu entwickeln, dass die Ergebnisse gut mit dem Gehalt an Toxinen in den Proben korrelieren. Bisher können diese Toxine nur durch HPLC-Analysen oder einen sehr teuren Toxin-ELISA nachgewiesen werden, eine für die Praxis unbefriedigende Situation. Der von uns entwickelte Myzel-spezifische ELISA für den Nachweis von *Fusarium* spp. kann dank der guten Korrelation damit nicht nur in der Resistenzzüchtung sondern auch bei der Bewertung des Erntegutes ein wertvolles diagnostisches Instrument werden.

Ebenso wie die Schadpilze sind Viren ein andauerndes Problem in Getreidekulturen, wobei sich immer wieder auch neue Fragestellungen entwickeln (s. Beitrag Ehrig). Besonderer Handlungsbedarf besteht in den letzten Jahren beim *Wheat dwarf monogeminivirus* (WDV), das sich durch verfrühte Aussaattermine zunehmend in der Wintergerste ausgebreitet hat. Eine erste molekularbiologische Bestandsaufnahme von Isolaten, über die hier berichtet wird, offenbarte eine erhebliche genetische Variabilität, deren biologische Bedeutung noch unbekannt ist. Bei Roggen und Weizen gewinnen auch bodenbürtige Viren zunehmend Bedeutung. Da sie durch den ubiquitären Pilz *Polymyxa graminis* übertragen werden, sind chemische Maßnahmen zur Bekämpfung oder Verhinderung der weiteren Ausbreitung von vornherein ausgeschlossen. Die Probleme können wie bei den Gelbmosaikviren der Gerste nur durch den konsequenten Anbau resistenter Sorten gelöst werden, die aber insbesondere bei Roggen heute noch nicht zur Verfügung stehen. Um die zukünftigen Evaluierungs- und Selektionsarbeiten zu beschleunigen, wurde für das Soil-borne cereal mosaic furovirus eine Methode zur Resistenzprüfung in der Klimakammer entwickelt, bei der die Infektion über den natürlichen Vektor erfolgt. Dieser Weg ist bei Bymoviren immer noch versperrt, so dass unter kontrollierten Bedingungen mechanisch inokuliert werden muss. Die hierfür verwendeten Isolate sind oft jahrelang in Nutzung und entsprechen nicht mehr dem ursprünglichen Typ. Sie weisen Deletionen in der RNA2 auf. Am Beispiel der Gerstengelbmosaikviren konnten wir nun experimentell belegen, dass sich diese Änderungen im Genom nicht negativ sondern sogar positiv auf die Resistenzprüfung auswirken. Replikation und Ausbreitung der „Laborisolate“ in der Pflanze sind unverändert; sie erreichen jedoch deutlich höhere Infektionsraten.

Im Berichtszeitraum ist es gelungen eine weitere Komponente des Krankheitskomplexes bei Dill – das *Carrot red leaf luteovirus* zu identifizieren. Auch in diesem Fall haben erste molekulargenetische Analysen eine erhebliche Variabilität in der Viruspopulation sichtbar gemacht. Überhaupt ist der experimentelle Nachweis und die molekulare Charakterisierung von ausgeprägter genetischer Variabilität auf Seiten der bearbeiteten Schaderreger eines der wesentlichen Ergebnisse des Jahres 2001. Diese Informationen können nunmehr bei der Entwicklung neuer Resistenzstrategien und Diagnoseverfahren berücksichtigt werden.

The research profile of the institute is determined by the scientific demands of the Federal Ministry for Consumer Protection, Food, and Agriculture (BMVEL) in the field of breeding research on cultivated plants. The detailed research projects mainly focus on the needs of the ministry in scientific advice and decision support, on phytopathological questions in the crop specific institutes of the BAZ and on current resistance problems in German plant breeding. In accordance with the predominant methodical orientation the research program of the Institut of Resistance Research and Pathogen Diagnostics includes the following main objectives:

#### Resistance Research

- Development and practical improvement of biological, biochemical and molecular methods for detection of pathogen resistance in cultivated plants; biosafety research on transgenic plants,
- Investigations of host-pathogen interactions for elucidation of pathogenesis and resistance mechanism,
- Generation of genetically engineered novel types of resistance to pathogens by transfer of cloned DNA-sequences into plant genomes and analysis of the mechanism of action.

#### Pathogen Diagnostics

- Development of methods for qualitative and quantitative detection of viruses, bacteria and fungi in resistance breeding,
- Identification, differentiation and characterisation of plant pathogens in order to investigate processes of disease development and resistance behaviour in cultivated plants.

As in the previous years research on a broad range of plant species was performed, again with special emphasis on cereal cultures. In addition to the various approaches to increase the constitutive

resistance against fungal, viral and bacterial pathogens and to pests aspects of quality, safety and health supporting properties of agricultural products attract more and more attention by the consumer community.

*Fusarium* infections, predominantly on ears still represent one of the major problems in cereal production. Besides the significant yield losses they can cause the grains of infected plants may be heavily contaminated with a number of different toxins. This problem is to expect of particular relevance for the continuously extending branch of so called eco-production in Germany which strictly abandons the application of any synthetic compounds for plant protection and nutrition.

Last year we were able to improve a serological test (ELISA) for detection of mycelium of *Fusarium* spp. in ears and grains of different cereal cultures. The extinction values are in good correlation with toxin contents in the samples. Till now these toxins can be determined only by HPLC, which is not a very relevant technique for breeders, or by a special but very expensive toxin-ELISA. Due to the good correlation between the extinction values, reflecting the mycelium concentration and the toxin contents this serological test may become an useful diagnostic tool for both, practical breeding and quality control.

Similar to fungi several viruses are still causing difficulties in cereal production and new problems may arise (see Ehrig in this report). A particular call for action exists in case of the *Wheat dwarf monogeminivirus* (WDV). The virus is transmitted by leaf hoppers and has been widely distributed in winter barley fields over the last years, primarily as a consequence of very early sowing dates. A first sequence analysis of a number of isolates revealed a remarkable genetic variability with still unknown biological significance. In case of rye and wheat soil-borne viruses become increasingly important. Because they are transmitted by the ubiquitous fungus *Polymyxa graminis* fungicides cannot help to control the fungus or to prevent further distribution of the viruses. As for the yellow mosaic disease of winter barley the problems can be solved in future only by consequent growing of resistant varieties. In case of rye even not a single source of resistance has not been found yet. To support and accelerate the evaluation of genetic resources and the selection process a technology was developed to screen the resistance of rye and wheat material against the Soil-borne cereal mosaic furovirus (SBCMV) in a climate chamber using infested soil samples. This approach which involves the natural vector, still does not work for bymoviruses. Under controlled conditions they must be transmitted by mechanical inoculation. Due to serial mechanical passages those isolates often undergo spontaneous changes in their genome and in this way differ from the original type. They show deletions in RNA2. For the two yellow mosaic causing viruses of barley we were able to demonstrate that these deletions do not negatively influence on resistance screening with mechanical inoculation. They even have a positive effect. While replication and movement of those „lab isolates“ in plants are unchanged in comparison with the isolate with the native RNA2 the infection rate achieved is significantly higher.

During report period a further component of the disease complex of dill – the *Carrot red leaf luteovirus* – was successfully identified and partially sequenced. As in the case of WDV and SBCMV a considerable genetic variability was observed. This extend of molecular diversity within the different pathogen populations was not expected in advance. It is one of the very interesting results of the year 2001 that can help to improve diagnostic and resistance screening methods in future.

# 1. Resistenzforschung Resistance Research

## 1.1 Röntgenanalytische Untersuchungen von Resistenzmechanismen an den Wirt/Pathogen-Systemen *Brassica* / *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* und *Pelargonium*/*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*.

**X-ray-microanalytical studies on resistance mechanisms in host/pathogen systems *Brassica* / *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* and *Pelargonium*/*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii***  
Ehrig, F.

Zielsetzung/Aim:

Aufklärung von Abwehrmechanismen gegen phytopathogene Bakterien bei Kohl und Pelargonie als Grundlage von Resistenzreaktionen

Explanation of defence mechanisms against phytopathogenic bacteria on cabbage and pelargonium as basis of resistance reactions

Ergebnisse:

In früheren röntgenanalytischen Untersuchungen an den Pathosystemen Gerste/*Puccinia hordei* und Gerste/*Erysiphe graminis* konnte gezeigt werden, dass es bei resistenten Pflanzen zur Anreicherung von Silizium im Bereich der Penetrationsorte kommt (Jahresbericht BAZ 2000). Die der Resistenz zugrundeliegende Abwehrreaktion kann also durch die Umverteilung chemischer Elemente in den Zellen bedingt sein.

Entsprechende Experimente führten wir an den Pathosystemen *Brassica*/*Xanthomonas campestris* pv. *campestris* und *Pelargonium*/*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* durch. Bei der Infektion anfälliger Kohl-(Zuchtstamm 4927) und Pelargonienpflanzen ('Radio') wird der Erreger systemisch und die Pflanzen sterben ab. Elementakkumulationen sind nicht nachweisbar. Bei resistenten Formen kommt es zur Bildung von Nekrosen auf den inokulierten Blättern. Eine Ausbreitung des Erregers in der Pflanze findet nicht statt. Rasterelektronenmikroskopische Untersuchungen zeigen, dass im Bereich der Nekrosen die Epidermis- und die Mesophyllzellen kollabiert und ihre Zellwände stark suberiniert sind (Abb. 1). Im Zentrum der Nekrosen befindet sich häufig eine Spaltöffnung, durch die die Bakterien in das Blatt eingedrungen waren. Das Gewebe neben den Nekrosen erscheint unauffällig. Röntgenanalytisch konnte sowohl am Kohl als auch an der Pelargonie nachgewiesen werden, dass im Bereich der Nekrosen die Kalziumkonzentration im Vergleich zu uninokulierten und anfälligen Pflanzen stark erhöht ist. Die höchste Kalziumkonzentration findet sich direkt in den Nekrosen (Abb. 2, Abb. 3). Im Unterschied zu Resistenzreaktionen bei der Gerste gegen phytopathogene Pilze spielt beim Kohl und bei der Pelargonie für die Erregerabwehr offenbar Kalzium und nicht Silizium eine Rolle. Über den Mechanismus dieser Reaktion ist wenig bekannt. Nach Literaturhinweisen könnte das Kalzium bakterielle Enzyme hemmen,

wodurch eine Ausbreitung der Erreger in der Pflanze verhindert wird.

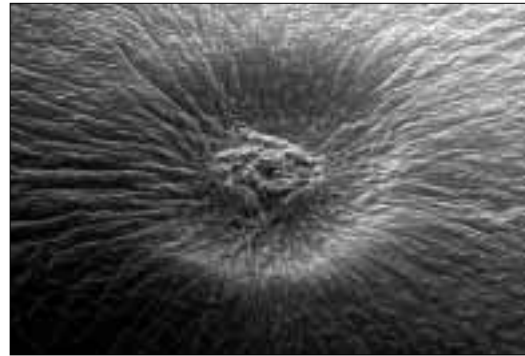


Abb. 1: Nekrose auf der Oberseite eines Kohlblattes (Au 4927) nach Inokulation mit *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

Fig. 1: Necrosis on the leaf surface of cabbage (Au 4927) after inoculation with *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

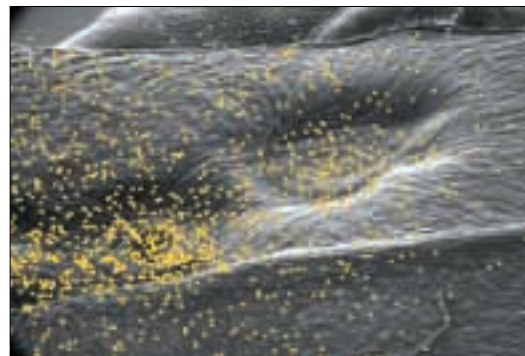


Abb. 2: Nekrosen auf der Oberfläche eines Kohlblattes (Au 4927) nach Inokulation mit *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, Elementverteilungsbild für Kalzium

Fig. 2: Necrosis on the leaf surface of cabbage (Au 4927) after inoculation with *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, element distribution for calcium

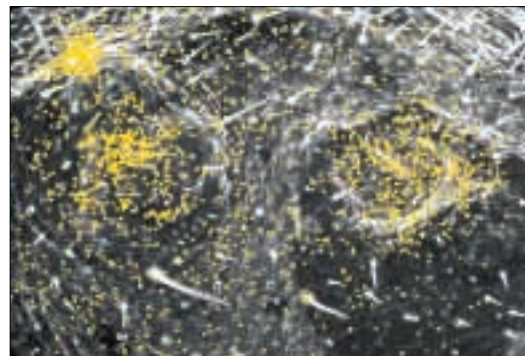


Abb. 3: Nekrosen auf der Oberfläche eines Pelargonienblattes ('Radio') nach Inokulation mit *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*, Elementverteilungsbild für Kalzium

Fig. 3: Necrosis on the leaf surface of pelargonium ('Radio') after inoculation with *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*, element distribution for calcium



**Abstract:**

After inoculation of resistant cabbage plants (Au 4927) with *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* and resistant pelargonium plants ('Radio') with *X. hortorum* pv. *pelargonii* necrosis appeared on the leaf surface. A systemic spreading of the pathogen does not occur. In the necrosis epidermis- and mesophyll cells are collapsed, the cell walls are suberinised. A high concentration of calcium was found by X-ray analysis in the necrosis and the neighbouring tissue. According to references, calcium inhibits bacterial enzymes and in this way prevents a systemic spreading of the pathogen in the tissue.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Griesbach, E.

**1.2 Entwicklung von Methoden zur Selektion von Roggen und Weizen auf Resistenz gegen Polymyxa übertragbare Viren**

**Development of methods for selection of rye and wheat for resistance to Polymyxa transmitted viruses**

Kastirr, U.; Rabenstein, F.; Kühne, T.

**Zielsetzung/Aim:**

Ziel dieses Projektes ist die Entwicklung eines Verfahrens für die züchterische Selektion von Roggen- und Weizenherkünften auf Resistenz gegen *Polymyxa* übertragbare Viren.

The aim of this project is to develop procedure for breeding selection of rye and wheat accessions for resistance to *Polymyxa* transmitted viruses.

**Ergebnisse:**

Wie von uns nachgewiesen wurde, ist die Übertragung des Furovirus *Soil-borne cereal mosaic virus (SBCMV)* unter definierten Klimakammerbedingungen aus infizierten Böden mit reproduzierbarer Sicherheit erfolgreich. Diese Tatsache ermöglicht die Durchführung mehrerer Resistenzprüfungen im Jahr, die als Vorscreening unabhängig von der für die Krankheitsentwicklung üblichen Vegetationsperiode genutzt werden können. Im Rahmen der Entwicklung eines Testverfahrens für die züchterische Praxis wurden verschiedene Kultur- und Wildformen von Roggen und Weizen unter diesen Bedingungen auf Resistenz gegen das SBCMV getestet (Tab. 1).

Diese ersten Ergebnisse zeigen, dass in den Kultursorten dieser Getreidearten keine Resistenzen gegen das SBCMV vorhanden sind. Auch ein großer Teil der geprüften Genbankakzessionen ist gegen dieses Virus stark anfällig.

Nur in 2 *Triticum aestivum*- und in 15 *Secale*-Sammlungspopulationen konnten eine Vielzahl nicht infizierter Einzelpflanzen nachgewiesen werden.

Aus diesen *Triticum aestivum*-Akzessionen wurden wiederholt (Tab.2) resistente Pflanzen selektiert, deren Einzelähren in weitere Nachkommenschaftsuntersuchungen einbezogen werden.

Die Charakterisierung der Genbankakzessionen zeigt, dass das niedrige Resistenzniveau in den Kulturformen von Roggen und Weizen durch Nutzung von Resistenzeigenschaften der Wildformen verbessert werden könnte.

Tab. 1: Resistenz von Roggen- und Weizenherkünften gegen das SBCMV

Table 1: Resistance of rye and wheat accessions to SBCMV

Herkunft	Anzahl geprüfter Herkünfte	Resistenz gegen das SBCMV	
		keine	vorhanden
<b>Weizen</b>			
Sorten	35	35	0
<i>Triticum aestivum</i>	45	43	2
<i>Triticum dicoccon</i>	14	14	0
<i>Triticum durum</i>	2	2	0
<i>Triticum monococcum</i>	1	1	0
<i>Triticum macha</i>	1	1	0
<i>Triticum turgidum</i>	3	3	0
<b>Roggen</b>			
Sorten	25	25	0
<i>Secale cereale</i>	167	163	4
<i>Secale derzhavinii</i>	7	7	0
<i>Secale strictum</i>	23	16	7
<i>Secale sylvestre</i>	13	12	1
<i>Secale vavilovii</i>	8	6	2
<i>Secale</i> sp.	20	19	1
Triticalesorten	10	10	0

Tab. 2: Selektion von *Triticum aestivum*-Akzessionen auf Resistenz gegen das SBCMV

Table 2: Selection of *Triticum aestivum* accessions for resistance to SBCMV

Anzahl getesteter Pflanzen	davon infizierte Pflanzen und ELISA-Extinktion in 'Focus'					
	HTR 1		HTRI 15			
WH Anzahl	Anzahl	E <sub>405</sub>	Anzahl	E <sub>405</sub>	Anzahl	E <sub>405</sub>
I.	16	16	1,47	0	0	0
II.	20	20	1,25			
	50			12	0,42	3
III.	62	57	1,67			
	65			2	0,46	
	37					2
						0,77

**Abstract:**

First investigations about the resistance of rye and wheat to SBCMV showed that these varieties are high susceptible to this virus. Resistant single plants were found in gene bank accessions of 2 *Triticum aestivum* and 15 *Secale* samples.

In Zusammenarbeit mit: IPK, Genbank, Gatersleben, M. Grau; BAZ, Genbank, Braunschweig, Frese, L.; BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik Aschersleben, Rabenstein, F.; T. Kühnc; HYBRO GmbH & Co. KG, Saatzucht Langenbrücken, Wortmann, H.;

Saatzucht Steinach, Bornhor, Haag, F.; Pflanzenzucht Dr. h. c. Carsten - Inh. E. Eger KG, Georgenhof, Knopf, E.; Lochow - Petkus GmbH, Bergen - Wohlde, Wilde, P. (BAZ-2 145)

**1.3 Entwicklung einer Methode zur Selektion auf Resistenz gegen *Laetisaria fuciformis* (McAlpin) Burdsall am Deutschen Weidelgras (*Lolium perenne* L.) und Rotschwingel (*Festuca rubra* L.)**  
**Development of a screening method for resistance to *Laetisaria fuciformis* (McAlpin) Burdsall on ryegrass (*Lolium perenne* L.) and red fescue (*Festuca rubra* L.)**

Berestetski, A.; Kastirr, U.

**Zielsetzung/Aim:**

Ziel dieses Projektes war die Entwicklung von Methoden zur reproduzierbaren Infektion von Rasengräsern mit *Laetisaria fuciformis*, zur Selektion auf Resistenz gegen die Rotschwindigkeit und zur Infektionsbewertung.

The aim of this project was the development of methods for reproducible *Laetisaria fuciformis* infections of grasses, selection for resistance to red thread disease and the infection assessment.

**Ergebnisse:**

Im Rahmen dieses Projektes wurden Methoden erarbeitet, die es mit hoher Genauigkeit ermöglichen, die Infektionsstärke und -ausbreitung vergleichbar für mehrere Testserien im Feld, im Gewächshaus und in der Klimakammer einzuschätzen. Es wurden Merkmale wie Infektionsbereitschaft und Myzelausbreitung ausgehend von einem Befallsherd in die Krankheitsbewertung einbezogen und eine 10-stufige Boniturskala für die Einschätzung der Infektionsstärke verwendet. Um die Genauigkeit der visuellen Bonitur zu gewährleisten, wurden Gitternetzrahmen, die gleichmäßig in Quadrate unterteilt sind, verwendet (Abb. 1). Einerseits erfolgte die Auszählung der Quadrate, unter denen der Rasen infiziert war, andererseits wurde die Befallsstärke unter jedem Quadrat nach der Boniturskala bestimmt.

Die erarbeiteten Methoden wurden zur Selektion von Rasengräsern und -zuchtlinien (26 *Lolium perenne*- und 31 *Festuca rubra*-Herkünfte) unterschiedlicher Saat- zuchtunternehmen eingesetzt.

Die Testung erfolgte vergleichend unter Klimakammer-, Kalthaus- und Freilandbedingungen. Mit unterschiedlicher Korrelation waren die Infektionsergebnisse der Testmethoden für die einzelnen Herkünfte vergleichbar. Unter künstlichen Infektionsbedingungen zeigten sich die *F. rubra* - Herkünfte anfälliger als die *L. perenne* - Herkünfte. Es wurden gesicherte Anfälligkeitsunterschiede nachgewiesen, die zwischen *F. rubra* - Sorten größer als zwischen *L. perenne* - Sorten waren.

Resistenzen konnten in dem geprüften Material nicht nachgewiesen werden.

Die entwickelte Selektionsmethodik kann in die Zuchtbetriebe überführt werden und für die Beurteilung des Zuchtmaterials und das Screening von genetischen Ressourcen auf Resistenzen gegen die Rotschwindigkeit in Rasengräsern genutzt werden.

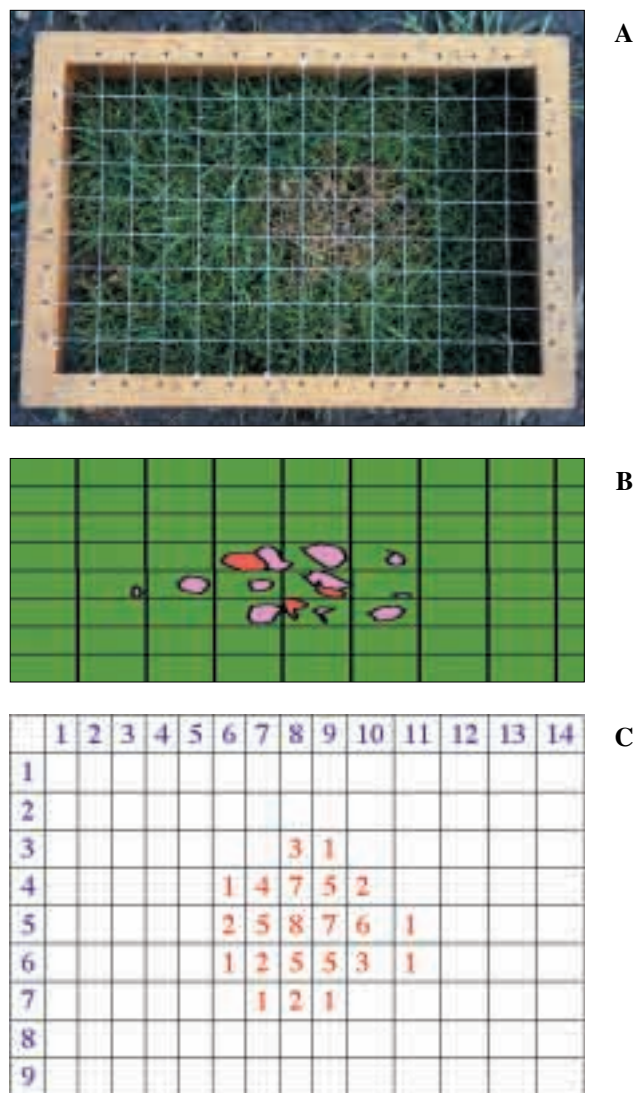


Abb. 1: Bonitur der Infektionsstärke

A – Orientierung des Befallsherdes im Gitternetzrahmen

B – Erfassung der Befallsstärke je Gitternetz- einheit

C – Boniturnote der Befallsstärke je Gitter- netzeinheit

Fig. 1: Scoring of infection rate

A – localization of the infected area in the frame

B – estimation of severity of infection per frame unit

C – score for infection per frame unit

**Abstract:**

Methods for reproducible *Laetisaria fuciformis* infections of grasses, selection for resistance to red thread disease and the infection assessment were developed.

In this project selection of 26 perennial ryegrass and 31 red fescue cultivars to red thread disease was performed in cli-

matic chamber, cold house and in the field and the infection correlation between different trials were analysed. In general, cultivars of *F. rubra* were more susceptible to the disease but differentiated better than cultivars of *L. perenne*.

In Zusammenarbeit mit: Deutsche Saatveredlung, Salzkotten-Thüle, Schumann, C.; Saatzucht Steinach GmbH, Steinach, Eickmeyer, F.; Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG, Hohenlieth, Gaue, M.; Advanta GmbH, Grünberg, Glaser, W.; Zelder bv, Gennep, Niederlande, Wolters, L.  
(gefördert durch die AiF-10906B)  
(BAZ-2132)

#### 1.4 Untersuchungen zur Resistenz von Raps gegen das TuMV

##### Investigations on resistance of oilseed rape to TuMV

Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Die verstärkten Anstrengungen für die Ausweitung des ökologischen Landbaus werden auch zu einem reduzierten Einsatz von Insektiziden führen. Zusammen mit den erwarteten Klimaänderungen könnte dies zur Ausbreitung von Viren führen, die zuvor auf den betreffenden Kulturarten nur selten auftraten. Dies könnte auch Raps und das auf ihm in anderen europäischen Ländern häufig auftretende *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV) betreffen. Es sollte daher getestet werden, ob vorhandenes Material Resistenz gegen das Virus aufweist und welche Schadwirkungen bei Befall zu erwarten sind.

Enhanced efforts to broaden ecological agriculture will lead to reduction of insecticide applications. Together with expected climatically changes this may lead to spread of virus diseases so far not important on agricultural crops. This could happen in the case of oilseed rape and *Turnip mosaic potyvirus* (TuMV) which is already spread in several European countries. We wanted to investigate level of resistance of commercially available varieties to this virus and adverse effects of infection on yield.

Ergebnisse:

Im Herbst 2000 ließen sich nach Übertragung des TuMV über frei vorkommende Blattläuse, ausgehend von einem Infektionsstreifen mit mechanisch infizierten Pflanzen der Sorte 'Mohican', Anfälligkeitsunterschiede nachweisen (Vgl. JB 2000). Diese waren auch im Frühjahr 2001 ausgeprägt.

Die Ergebnisse sind in Tabelle 1 dargestellt.

Tab. 1: Absolute ELISA-Werte für TuMV in verschiedenen Rapsorten nach natürlicher Infektion  
Table 1: Absolute ELISA-values for TuMV in different oilseed rape varieties after natural infection

Sorte	E <sub>405</sub> -Wert±GD
Schwellenwert (+3s)	0,02
Apex	0,03±0,01
Cannon	0,04±0,02
Mohican*	0,05±0,02
Amber	0,07±0,01
Laser	0,06±0,02
Falcon	0,07±0,02
Boston	0,06±0,04
Artus	0,08±0,03
Lisek	0,07±0,04
Express	0,11±0,03
Bristol	0,11±0,04
Mohican, mechan. infiziert, November 2000	0,58±0,13
April 2001	0,30±0,04

DAS-ELISA, GD - Grenzdifferenz, \*- Pflanzen dieser Sorte dienten nach mechanischer Inokulation als Infektionsquelle

Zunächst war zu beobachten, dass die absoluten ELISA-Werte im Frühjahr, verglichen mit den Werten vom vorhergehenden Herbst, im Durchschnitt verringert waren. Als Beispiel sind die Werte für die mechanisch infizierten Pflanzen der Sorte 'Mohican' angegeben.

Die Sorte 'Mohican' weist unter Feldbedingungen eine relativ gute Resistenz auf, so dass ihre Wahl als Infektionsquelle ungünstig war. Keine der Sorten kann als hochgradig resistent eingestuft werden, jedoch weisen 'Apex', 'Cannon' und 'Mohican' ein befriedigendes Resistenzniveau auf.

Interessant war zu beobachten, dass Ausfallraps dieses Versuches im August ebenfalls Virusbefall aufwies (Abb. 1). Die Ergebnisse unterstreichen, dass es bei Vorliegen geeigneter Bedingungen durchaus zum Aufbau eines hohen Infektionspotenzials und somit zu epidemischem Auftreten des TuMV an Raps kommen kann. Wie hoch die Schadwirkungen wären, muss jedoch noch abgeschätzt werden. Da die ELISA-Werte niedrig waren, kann man vermuten, dass die Schadwirkung gering ist. Um dieser Fragestellung nachzugehen, wurde ein Ertragsversuch angelegt. Die Versuche sollen Hinweise geben, ob es überhaupt sinnvoll wäre, geeignete Resistenzgene in Raps einzulagern. Das Versuchsmaterial wurde im Freiland in einem Gazezelt ausgesät, und vier von acht Parzellen Mitte September 2001 mechanisch mit einem Gemisch von Isolatn des TuMV infiziert. Bereits Ende November waren Mosaiksymptome klar zu erkennen und es zeichnete sich ein vermindertes Wachstum der infizierten Pflanzen ab (Abb. 1).



Abb. 1: Versuchsanlage zur Ermittlung TuMV-bedingter Ertragsminderungen. Links im Vordergrund und rechts im Hintergrund – gesunde Parzelle, rechts, Vordergrund, links, Hintergrund – infizierte Parzelle. Mitte: Blattsymptome an Ausfallraps, hervorgerufen durch TuMV.

Fig. 1: Field plots for estimation of yield losses caused by TuMV infection. Left – healthy, right – infected, middle – TuMV symptoms on fall out rape.

#### Abstract:

Though in Autumn 2000 some oilseed varieties remained free of TuMV in Spring 2001 all have been infected with this virus. ELISA values have been low for several varieties indicating that they have some basal level of virus resistance.

At the moment field tests are performed to test influence of TuMV on yield. Plants have been mechanically infected in early September. Already in November a clear retardation of growth of infected plants was noticed.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Krämer, R.

### 1.5 Entwicklung von Methoden für die Züchtung von Kümmel-Sorten (*Carum carvi* L. var. *annuum*) mit Resistenz gegen die Doldenbräune-Erreger *Phomopsis diachenii* und *Alternaria* spp.

Development of methods for the breeding of caraway cultivars (*Carum carvi* L. var. *annuum*) with resistance to the umbel browning pathogens *Phomopsis diachenii* and *Alternaria* spp.

Gabler, J.

#### Zielsetzung/Aim:

Schaffung der experimentellen Grundlagen für die Selektion von Genotypen mit Resistenz oder Toleranz gegenüber Doldenbräune beim einjährigen Kümmel durch Entwicklung standardisierter Inokulationsmethoden, Boniturschlüssel und Erregernachweismethoden.

Laying the methodical basis for the selection of genotypes with resistance or tolerance to umbel browning in annual caraway by development of standardised inoculation methods, scales for visual scorings and pathogen detection methods.

#### Ergebnisse:

In Infektionsversuchen mit *Phomopsis diachenii*, *Alternaria* spp. an Jungpflanzen und abgetrennten Dolden im Gewächshaus bestätigte sich, dass diese Testsysteme zur Erfassung des Resistenzgrades von Genotypen geeignet sind. Die Effizienz der Methode ist jedoch durch die lange Zeitspanne zwischen Aussaat und Bildung von Dolden eingeschränkt. Für *Alternaria* spp. wurde deshalb ein Schalentest mit Keimblättern entwickelt (*P. diachenii* erzeugte keine verwertbaren Symptome). Die an älteren Pflanzen ermittelte unterschiedliche Anfälligkeit der Genotypen zeigte sich in der Tendenz auch am Befallsgrad der Keimblätter (visuelle Bonitur). Ein Problem war jedoch das relativ häufige Auftreten latenter Infektionen, die im PTA-ELISA mit erfasst wurden und zu Fehleinschätzungen des Resistenzgrades führten. Um diesen Nachteil möglichst zu umgehen, wurde mit der Entwicklung eines Schalentests mit Laubblättern begonnen (nur für *Alternaria* spp., da *P. diachenii* auch hier keine eindeutigen Symptome verursachte). Die mit anderen Testsystemen nachgewiesenen Anfälligkeitsunterschiede zwischen den Genotypen deuteten sich auch im Befallsgrad der Laubblätter an (visuelle Bonitur). Die Prüfung des Materials im PTA-ELISA steht noch aus. In einem Feldversuch mit acht Behandlungsvarianten unterschieden sich die Populationen in der Befallsstärke am deutlichsten in den Varianten mit dem höchsten Befallsniveau (künstliche Infektion mit *P. diachenii* bzw. *Alternaria* spp. bzw. *P. diachenii*+ *Alternaria* spp. (Tab. 1).

Tab. 1: Befallsstärke von vier Populationen in acht Behandlungsvarianten (Feldversuch 2001) (unterschiedliche Buchstaben kennzeichnen signifikante Unterschiede)

Table 1: Infection intensity of four populations in eight treatment variants (field experiment 2001) (significant differences are marked by different letters)

Behandlungsvariante	Befallsstärke [Anzahl kranker Dolden/Pflanze]				
	'Karzo'	'Ga 21/90'	'Frankreich'	'Israel'	Mittelwert
Natürlicher Befall	3,5 a	4,7 a	5,0 a	5,1 a	4,6 c
Künstliche Infektion mit P	43,8 a	38,1 ab	32,2 ab	24,3 b	34,6 a
Künstliche Infektion mit P+A	19,1 a	11,7 b	10,9 b	8,4 b	12,5 b
Künstliche Infektion mit A	8,4 a	3,7 b	3,8 b	2,9 b	4,7 c
Fungizid	2,2 a	3,7 a	2,2 a	3,4 a	2,9 c
Insektizid	1,5 a	4,4 a	3,5 a	3,2 a	3,2 c
Fungizid+Insektizid	2,3 a	3,3 a	3,6 a	4,1 a	3,3 c
Künstliche Infektion mit A+Fungizid	3,1 a	4,4 a	3,0 a	3,8 a	3,6 c
Mittelwert	10,5 a	9,3 ab	8,0 ab	6,9 b	

Fungizid- und Insektizidbehandlungen reduzierten den Befall. Die Ergebnisse des Vorjahres wurden weitgehend bestätigt. Die im Feldversuch 2000 erstmals beobachtete Blühverzögerung der Population 'Karzo', die mit einem überraschend niedrigen Befallsniveau verbunden war, wiederholte sich nicht. Der Anteil blühender Pflanzen betrug bei Epidemiebeginn 2001 bei allen Populationen ca. 80-90 %. Die probeweise Durchführung einer Befallsbonitur mit einem Schlüssel nach Pank (nicht befallen 1, Befall gering 3, Befall mittel 5, stark 7, sehr stark 9) ergab eine mehr oder weniger gute Übereinstimmung mit der gleichzeitig ermittelten Zahl kranker Dolden/ Pflanze ( $r=0,37-0,64$ ). Ähnliches galt für die Boniturergebnisse von vier Testpersonen ( $r=0,54-0,80$ ). Da beide Bewertungskriterien letztlich zu weitgehend gleichsinnigen Bewertungen des Resistenzgrades führten, können die aufwendigen Zählungen künftig durch Boniturnoten ersetzt werden. Die zahlenmäßig niedrigsten Erträge wurden wie im Vorjahr in den Varianten mit dem höchsten Befallsniveau festgestellt (die varianzanalytische Auswertung der Ergebnisse steht noch aus). In einem weiteren Feldversuch (natürliche Bedingungen) bestätigte sich, dass im Zuchtmaterial (Pank) gesicherte Anfälligkeitsunterschiede gegenüber Doldenbräune bestehen. Damit ist eine wesentliche Voraussetzung für die Züchtung resistenter Sorten erfüllt.

#### Abstract:

The suitability of young plants and detached umbels for the estimation of the resistance degree of genotypes could be confirmed by infection experiments with *Phomopsis diachenii*, *Alternaria* spp. and both fungi in the greenhouse. But the efficiency of the method is limited by the long period until the development of umbels. Therefore, a scale test using cotyledons was developed for *Alternaria* spp. (*P. diachenii* produced no distinct symptoms). The different susceptibility of the genotypes established on older plants could be also recognised in their tendency on

cotyledons (visual scoring). A problem was the frequent occurrence of latent infections. They were assessed in the PTA-ELISA resulting in wrong evaluations of the resistance degree. The development of a scale test using older leaves should help to eliminate the problem (only for *Alternaria* spp. because *P. diachenii* caused no distinct symptoms). Differences in the susceptibility of the genotypes detected with other test systems were also recognisable in their tendency in the infection degree of the leaves (visual scoring). The evaluation of the material in PTA-ELISA will follow. In a field experiment (2001) with eight treatment variants, significant differences in the infection degree between four populations were only found in variants with a high mean infection level (artificial infections with *P. diachenii*, *Alternaria* spp. and *P. diachenii*+ *Alternaria* spp.). The attack level could be reduced by the fungicide and insecticide treatments. Significant differences in the infection intensity were also detected between different breeding strains under natural conditions.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg, Pank, F.  
(BAZ-2155)

**1.6 Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenerkrankungen des Arznei- oder bitteren Fenchels (*Foeniculum vulgare* Mill. subsp. *vulgare* var. *vulgare*). Nutzung natürlicher Resistenz**  
**Development of methods to control the umbel diseases on fennel (*Foeniculum vulgare* Mill. subsp. *vulgare* var. *vulgare*). Use of natural resistance**  
Taubenrauch, K.; Gabler, J.

#### Zielsetzung/Aim:

Der Anthraknoseerreger *Mycosphaerella anethi* (Anamorph *Passalora punctum* S. Petzoldt) verursacht Probleme

me im Fenchelanbau, da weder zugelassene Fungizide noch resistente Sorten zur Verfügung stehen. Projektziel ist die Analyse des Krankheitskomplexes, die Charakterisierung und Differenzierung von Erregerisolaten, die exakte Erfassung der Anfälligkeit von Fenchelaccessionen und die Entwicklung einer Resistenzprüfmethode.

The anthracnosis pathogen *M. anethi* causes economically important problems in the cultivation of fennel, because here are often neither approved fungicides nor cultivars with pathogen resistance available. Therefore, the aim of the project is it to analyse the disease complex, to develop a resistance screening method and to assess differences in the susceptibility of fennel accessions.

#### Ergebnisse:

Auf den Versuchsfeldern der BAZ Aschersleben und Quedlinburg wurden 8 Fenchelsorten im Parallelanbau auf ihre Anfälligkeit gegenüber *M. anethi* getestet. Zur Präzisierung der Sichtbonitur des Blattbefalls wurde für die Auswertung der Versuche im Jahr 2000 und 2001 die Bildanalysesoftware 'BAfix' (GTA-Sensorik) eingesetzt. Bei der wöchentlichen Probenahme wurden Einzelblätter in definierten Blattetagen gepflückt, eingescannt und die Befallsfläche durch eine symptomsspezifische Farbprofilanalyse erfasst. Es konnte so ein objektiver, prozentualer Befallswert der gesamten Pflanze an jedem Boniturtermin ermittelt werden. Mit Hilfe von zwei polyklonalen Antisera (IgG-M und IgG-K) sollten das Mycel innerhalb des Blattgewebes sowie die gebildete Konidienmenge von *P. punctum* erfasst werden. Da für das Jahr 2001 noch keine vollständige Auswertung der Feldversuche vorliegt, wird im folgenden über die Ergebnisse des letzten Jahres berichtet.

Besonders anfällig waren die überwiegend angebauten Sorten 'Magnafena' und 'Berfena', bei denen der schnellste Befallsverlauf nach dem Auftreten erster Symptome zu beobachten war und die auch die höheren Befallswerte an den Samen aufwiesen. Die Sorten, 'Budakalasz', 'Moravskij' und 'Soroksari' haben im Vergleich zu den anderen angebauten Sorten eine sehr viel höhere Ausgangsbiomasse. Da der Doldenbefall erst nach dem Absterben aller Blätter auftritt, waren Pflanzen mit größerer Biomasse (d.h. größere Blattflächen, höhere Blattanzahl) weniger anfällig gegen Samenausfall durch Notreife, da sie weniger empfindlich gegenüber Verlusten von Einzelblättern reagierten. Die Ergebnisse der PTA-ELISA-Testung zeigten keine eindeutige Rangfolge der Anfälligkeit, da der spezifische Wuchshabitus der Sorten nicht berücksichtigt wurde.

Bei Verrechnung von Pflanzenabschnitten an 6 Terminen ergab sich an 4 Terminen eine positive Korrelation zwischen der Scannerbefallsverrechnung und den AUDPC-Werten, bei den IgG-M-Werten war nur an einem Termin ein Zusammenhang feststellbar. Die beiden IgG's waren an drei Terminen miteinander korreliert.

Für eine genauere Untersuchung des Befallsverlaufs unter differenzierten Bedingungen wurden Infektionsversuche mit unterschiedlichen Inokulumkonzentrationen und -men-

gen an der anfälligen Sorte 'Magnafena' durchgeführt. Als Kontrolle dienten unbehandelte Pflanzen. Als weitere Variante wurden Einzelpflanzenparzellen jeder Infektionsvariante mit dem Fungizid 'Folicur' behandelt.



Abb. 1-5: Fenchelpflanzen und Dolden aus Infektions- und Fungizidparzellen: Infektionen mit *M. anethi* (Anamorph *Passalora punctum*) führten zu Samenausfall und vorzeitiger Abreife

Fig. 1-5: Fennel plants and umbels from infection plots and fungicide plots: Infection with *M. anethi* (Anamorph *Passalora punctum*) lead to seed loss and premature ripening

Bei den künstlichen Infektionen waren im Vergleich zu der natürlich aufgetretenen Infektion signifikante Befallsverstärkungen zu ermitteln, die Fungizidwirkung war dagegen nur bei der natürlichen Infektion signifikant geringer. Der Ertrag war bei zwei Fungizidvarianten (natürliche und künstliche Infektion Termin 2) signifikant höher. Zwischen den Ertragsdaten und dem AUDPC-Werten ergab sich ein Korrelationskoeffizient von  $r = -0,673$ , ein rechnerischer Zusammenhang zwischen Befall und Ertragsreduzierung ist damit fast nachweisbar. Bei der Auswertung mittels PTA-ELISA wurden Pflanzenabschnitte an 4 Terminen getestet. An 4 Terminen korrelierten die Scannerboniturabschnittswerte und an 3 Terminen die IgG-M-Werte mit der Gesamtverrechnung AUDPC. Zum IgG-K Wert bestand kein rechnerischer Zusammenhang. Es wurden zusätzlich die Samen auf den Mycelgehalt und den Konidienbesatz untersucht. Die höchsten Ergebnisse lieferte die niedrigere Konzentration des zweiten Infektionstermins. Die drei Fungizidvarianten unterschieden sich bei beiden IgG-Untersuchungen in signifikanter Höhe von den anderen Varianten. Die höheren Inokulumkonzentrationen ergaben meist auch die höheren Befallswerte.

In der Klimakammer wurden Keimblätter auf ihren Anfangsbefall mit dem Erreger hin untersucht, zwischen den Sorten bestanden deutliche Unterschiede im Befall, die Rangfolge variierte aber zwischen den Wiederholungen stark und wies keinen Zusammenhang zu den Ergebnissen der Feldbonituren auf. Zur Optimierung der Inokulationsmethode wurden verschiedene Methoden auf ihre Wirkung hin untersucht. Alle Infektionsversuche waren erfolgreich, zwischen den Varianten traten aber nur geringfügige Unterschiede auf.

#### Abstract:

The visual scoring of the disease symptoms is very difficult. To support the visual scoring the computerprogramm „BAfix“(GTA Sensorik) was used. In a field experiment 8 fennel accessions were tested on their susceptibility to the fungus *M. anethi*. Especially susceptible were the predominant grown cultivars ‘Magnafena’ and ‘Berfena’, at that the fastest disease development to the appearance first symptoms to have observed and show the advanced infestation values at the seed also. For a more exact investigation of the infection progress under varied conditions became on the infection-attempts with different concentration of inoculum and -level at the susceptible cultivar ‘Magnafena’ lead. As further variation became singles-plant-lots of each infection-variation with the fungizid ‚Folicur‘ treat. At all 4 dates correlated the Scannerscoring-values with the AUDPC.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hannover, Institut für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Hau, B.; BAZ, Institut für Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzenzüchtung, Quedlinburg, Pank, F.; Forschungsvereinigung der Arzneimittelhersteller, Bonn, Christian, B.; Kroth, E.; AGRIMED, Trebur, Schubert, E.; Landespflanzenschutzamt Sachsen-Anhalt, Magdeburg, Mertens, K.; Krusche, M.; Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau, Bad Neuenahr-Ahrweiler, Dehe, M.; LVA des Landes Sachsen-Anhalt, Bernburg, Reichardt, I.; Hessisches Landesamt für Regionalentwicklung und Landwirtschaft – Pflanzenschutzdienst, Wetzlar, Frosch, M.; Bundessortenamt Hannover, Heine, H. (gefördert durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe) (BAZ-2148)

### 1.7 Entwicklung neuer Dill- und Majoransorten mit *Fusarium*- und *Alternaria*-Resistenz

#### Development of new dill and marjoram cultivars with resistance to *Fusarium* and *Alternaria*

Kusterer, A.; Gabler, J.; Kühne, T.

#### Zielsetzung/Aim:

Für die Züchtung von Dill und Majoransorten mit *Fusarium*- und *Alternaria*-Resistenz sollen die methodischen Grundlagen geschaffen werden. Hierzu zählen die Analyse des Krankheitskomplexes, die Gewinnung, Erhaltung und Differenzierung von Erregerisolaten, sowie die Erarbeitung praktikabler Resistenzprüfmethoden.

First steps to gain the aim of breeding resistant dill and marjoram cultivars are the analysis of the disease complex, isolation, cultivation and differentiation of the pathogenic isolates and the development of reliable and easy to perform methods for resistance screening.

#### Ergebnisse:

Die Ergebnisse der letzten Jahre haben zu einer Verschiebung der Forschungsaktivitäten auf Viruserkrankungen an Dill geführt. Im Presssaft kranker Dillpflanzen wurden mit

Hilfe des Elektronenmikroskopes gestreckte und isometrische Viruspartikeln (Abb. 1) sichtbar gemacht. Serologische Nachweisverfahren konnten die gestreckten Viruspartikel nicht eindeutig dem *Celery mosaic potyvirus* (CelMV) oder dem Parsley virus Y (ParVY) zuordnen. Spezifische Primer im Bereich des Hüllproteinogenes des ParVY bzw. des CelMV brachten Aufschluss darüber. Durch Amplifikation und anschließenden Sequenzvergleich konnte gezeigt werden, dass es sich bei den von Dill gewonnenen Isolaten um ParVY handelt. Im Freiland war der erste Befall mit ParVY Anfang Juni nachgewiesen worden.

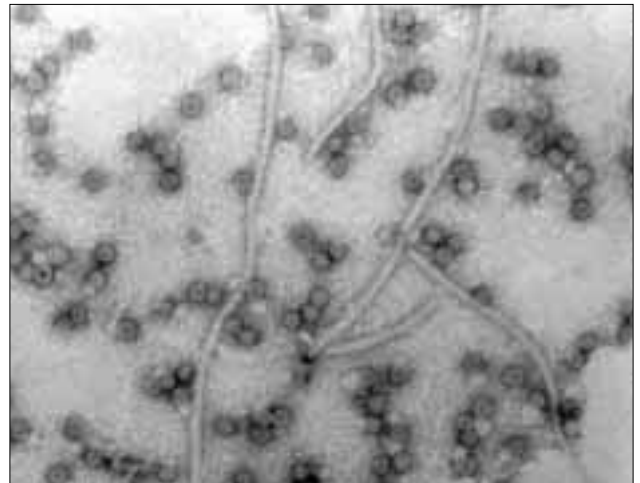


Abb. 1: Elektronenmikroskopische Aufnahme von Viruspartikeln aus dem Presssaft kranker Dillpflanzen

Fig. 1: Electron micrograph of virus particles from sap of infected dill plants

Schwieriger gestaltete sich die Situation bei den isometrischen Viruspartikel. Mit einem eigenen Antiserum kam es sowohl mit kranken als auch gesunden Dillpflanzen zu einer Reaktion. Im Elektronenmikroskop konnten im Presssaft gesunder Pflanzen und auch im Saatgut isometrische Viruspartikel sichtbar gemacht werden. Versuche zur Virusübertragung gelangen weder durch eine mechanische Inokulation eines Testpflanzensortiments noch durch Übertragung mit verschiedenen Blattlausarten. Die Nichtübertragbarkeit der isometrischen Viruspartikel und das Ausbleiben von Symptomen an Dill lässt vermuten, dass es sich hierbei um Crypticviren handelt. In Dillpflanzen mit Symptomen (Rotverfärbungen der Blätter) wurden noch andere isometrische Viruspartikel nachgewiesen. Unsere Hypothese war, dass es sich dabei um das *Carrot red leaf luteovirus* (CRLV) handelt. Mit Hilfe der in der Literatur für das CRLV beschriebenen Primer gelang der Nachweis. Anschließende Sequenzvergleiche zeigten eine große Variabilität innerhalb dieses Virus.

Für die Züchtung resistenter Dillsorten konnten nach Aufklären der Krankheitsursachen Methoden zur Prüfung der Resistenz unter kontrollierten Bedingungen entwickelt werden. Für beide Viren ist man auf eine Inokulation mit Blattläusen angewiesen. Das ParVY lässt sich mit Hilfe der Blattlausart *Myzus persicae* in nichtpersistenter Weise

übertragen. Eine Symptombonitur erfolgt nach 2-3 Wochen (Abb. 2) oder der Nachweis wird mit Hilfe des DAS-ELISAs geführt. Das CRLV wird persistent durch *Cavariella aegopodii* übertragen. Eine Symptombonitur ist nach 3 Wochen möglich.



Abb. 2: Dillpflanze 3 Wochen nach Inokulation mit ParVY (links), rechts Kontrollpflanze

Fig. 2: Dill plant 3 weeks after inoculation with ParVY (left), right control plant

#### Abstract:

It could be proofed that viruses are the causing agents in diseased dill plants. The elongated particles were identified as Parsley virus Y and the isometric particles belong to the *Carrot red leaf luteovirus*. New and unexpected is the identification of another virus with isometric particles. Further experiments showed that this is a cryptic virus. To breed resistant varieties it is necessary to use aphids for transmission.

In Zusammenarbeit mit: GHG Saaten GmbH, Aschersleben (gefördert durch die AiF, FUEGO 0036901L8) (BAZ-2147)

### 1.8 Stabilität der transgenen PVY-Resistenz von Kartoffeln unter Freilandbedingungen

#### Stability of transgenic PVY-resistance of potato under field conditions

Schubert, J.; Mattern, D.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Resistenz verschiedener transgener Klone mit pathogen derived resistance (PDR) gegen das PVY, basierend auf der Expression eines verkürzten PVY-Nib-Gens, sollte unter Feldbedingungen überprüft werden. Die verschiedenen Klone wurden in Blöcken mit drei Wiederholungen angebaut. Diese waren von Infektionsstreifen der Sorte 'Hansa', infiziert mit dem PVY<sup>N</sup>-Isolat CH605, umgeben. Die Ausbreitung des Virus sollte über natürlichen Zuflug von Blattläusen erfolgen. Es wurden Augenstecklingsprüfungen (Feldversuche 2000) und Tests auf Primärbefall (Feldversuche 2001) durchgeführt.

Resistance of different transgenic clones of potato with pathogen derived resistance (PDR) to PVY, based on expression of a truncated Nib gene, was tested under field conditions. Clones were grown with three replications. Blocks were surrounded by plants of variety 'Hansa' infected with the PVY<sup>N</sup>-strain CH605. Level of secondary (sprout testing of plants from 2000) and of primary infection (year 2001) has been investigated.

#### Ergebnisse:

Die Ergebnisse des Feldversuches von 2000 sind in Tabelle 1 dargestellt.

Tab. 1: Ergebnisse der Resistenztestung transgener Kartoffelklone unter Freilandbedingungen

Table 1: Results of resistance testing of transgenic potato clones under field conditions

Klon/clone	Primärfektion mit PVY [%]/ primary infection with PVY [%]	Sekundärfektion mit PVY/PVA/ secondary infection with	
		PVY [%]	PVA [%]
Linda Nib58	13	42	9
DH59 Nib93	100	0	0
DH59 Nib146	100	0	0
DH59 Nib156	100	0	0
Kontrolle/ control (Linda)	100	100	9

DAS-ELISA mit Bioreba MAb-Kit, positiv:  $\geq \bar{x} + 3s$

Die Isolate, welche in der Lage waren, die Resistenz des Klones Linda Nib58 zu brechen, könnten nach vorläufigen Ergebnissen zum Wilga-Typ gehören. Sie werden weiter analysiert. Somit zeigte sich, dass unter Freilandbedingungen die Resistenz dieses Klones gegen die zuvor als inkompatibel getesteten Isolate zwar stabil blieb, sie jedoch unwirksam gegen andere Isolate war. Während bereits nach 2 Monaten Lagerung auf den natürlich infizierten Knollen der Sorte 'Linda' Symptome der Knollennekrose auftraten (ca. 5% der Knollen), blieben die transgenen Knollen frei davon (Abb. 1).

Dies beruht darauf, dass Linda Nib58 resistent gegen Isolate des PVY<sup>NTN</sup> war. Natürlich kann nicht ausgeschlossen werden, dass es auch NTN-Isolate gibt, die die Resistenz überwinden können.

Der nachgewiesene Befall mit PVA, gegen welches der Klon ansonsten auch resistent ist, beruht darauf, dass das resistenzbrechende Isolat in der Lage ist, den Resistenzmechanismus zu unterdrücken, so dass auch verwandte Viren die Pflanze befallen können. Offensichtlich beruht die Resistenz gegen PVY und PVA auf dem gleichen Mechanismus. Andererseits kann es durchaus auch PVA-Stämme geben, die die Resistenz überwinden können.

Überraschend waren die Ergebnisse zu den DH59-Klonen, die zuvor einen hohen Primärbefall mit PVY aufgewiesen hatten. Sie erwiesen sich in der Augenstecklingsprüfung als völlig befallsfrei.





Abb. 1: Ringnekrosen auf Knollen der Sorte 'Linda', hervorgerufen durch PVY<sup>NTN</sup> nach 2-monatiger Lagerung.

Fig. 1: Tuber ring necrosis on variety 'Linda' caused by PVY<sup>NTN</sup> after 2 month storage.

Auch Rücktestungen von Stichproben auf Tabak und dot-blot-Experimente konnten kein PVY nachweisen. Die Resistenz betraf auch das PVA.

Im Jahr 2001 ergaben die Untersuchungen auf Primärbefall mit PVY ein Bild, welches von 2000 abweicht. Die Ergebnisse sind in Tabelle 2 dargestellt.

Tab. 2: Primärbefall von transgenen Kartoffeln mit PVY  
Table 2: Primary infection of transgenic potato with PVY

Klon/clone	Primärinfektion/primary infection [%]	
	2000	2001
DH59 (control)	100	93
Linda (control)	100	93
DH59 Nib93	100	82
DH59 Nib146	100	58
DH59 Nib156	100	27
Linda Nib58	13	0

DAS-ELISA mit Bioreba Mab-Kit, positiv:  $\geq \bar{x} + 3s$

Die DH59-Klone Nib93 und Nib146 erwiesen sich wieder als anfällig, während Nib156 einen stark reduzierten Befall aufwies und Linda Nib58 befallsfrei blieb. Da die Kontrollen infiziert waren, hatte eine Virusausbreitung stattgefunden. Allerdings fiel in diesem Jahr der Aphidenbesatz deutlich geringer aus als im Vorjahr, so dass man vermuten kann, dass weniger „Fremdisolate“ eingetragen wurden. Im Jahr 2001 trat auf den hier untersuchten Parzellen kein Stamm auf, der die Resistenz von Linda Nib58 brechen konnte.

Allerdings scheint es auch einen erheblichen Einfluss des Standortes zu geben. So trat in Versuchen zur Sicherheitsforschung mit diesem Material ein abweichendes Infektionsbild auf (vgl. Mattern D, Schubert, J. in diesem Heft). Die Versuche zeigten bisher, dass bei der PDR stets mit Isolaten zu rechnen ist, die die Resistenz überwinden können. Die transgene Resistenz scheint sich wie die eines „Majorgens“ zu verhalten. Nur mehrjährige und mehrorti-

ge Versuche können somit klären, wie stabil eine transgene Resistenz ist.

Abstract:

In 2000 all clones of DH59 showed heavy primary infection. Sprout testing revealed that emerging plants of all three clones were free of virus. On the other hand, Linda Nib58, shown before to be immune, was infected by an isolate which probably belongs to Wilga type. Transgenic plants remained free of tuber necrosis symptoms.

In 2001 clone DH59 Nib156 showed a reduced infestation level with PVY in primary infection, Linda Nib58 remained free of PVY.

In Zusammenarbeit mit: Institute for Plant Molecular Biology, Ceske Budejovice, Tschechische Republik, Matoušek, J.; BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U. (BAZ-2150)

### 1.9 Einfluss transgener Kartoffelpflanzen mit Virusresistenz gegen das *Potato virus Y* (PVY) auf Krankheitserreger und deren Vektoren unter Freilandbedingungen

#### Influence of transgenic potato plants with resistance to *Potato virus Y* (PVY) on pathogens and their vectors under field conditions

Mattern, D.; Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Die Resistenz transgener Kartoffelklone gegen das PVY, welche unterschiedlich stark ausgeprägt ist, wurde über zwei Vegetationsperioden unter Freilandbedingungen geprüft. Sie basiert auf dem Transfer von Genfragmenten des PVY<sup>N</sup>-Isolates CH605, die entweder für das Hüllprotein bzw. die C-terminal verkürzte Polymerase (Nib) kodieren. Es wurde geprüft, ob unter natürlichem Infektionsdruck Rekombinationen zwischen transgener und viraler RNA auftreten.

Resistance of several transgenic potato clones with different levels of resistance to PVY, based on transfer of the coat protein (CP) or a truncated Nib genes of PVY<sup>N</sup> strain CH605, was tested under field conditions over two years. It was investigated whether recombinations between transgenic and native viral RNA can appear without a selection pressure.

Ergebnisse:

Im Rahmen eines Programms zur Risikobewertung transgener Pflanzen wurde die Resistenz verschiedener transgener Klone gegen sechs aphidenübertragbare Kartoffelviren unter natürlichen Infektionsbedingungen in Freilandversuchen getestet. In Vorversuchen zeigten die transgenen Linien unter Gewächshausbedingungen unterschiedlich starke Resistenzausprägungen gegen verschiedene N-Isolate (CH605, NTN-Hessen) des PVY. Die Resistenz der transgenen Pflanzen beruht auf der Expression eines ver-

kürzten NIB-Gens (Linda Nib58, DH59 Nib146, 156) bzw. des Hüllproteingens (DH59 CP39, 41) des PVY<sup>N</sup>-Isolates CH605 in der Pflanze. Als Kontrollvarianten wurden die Sorten 'Linda', 'Hansa', 'Ute' und 'Bettina' genutzt. Die virusfreien Pflanzen wurden im Mai 2000 bzw. 2001 in drei Kontrollvarianten angebaut.

Die serologische Überprüfung auf Primärinfektion mit den Kartoffelviren PVA, PVM, PVS, PVV, PVY und PLRV erfolgte jeweils im Juli/August des Jahres. Die Augenstecklinge von je zwei geernteten Knollen aller Pflanzen des Versuchsjahres 2000 wurden im Januar/Februar 2001 auf eine Sekundärinfektion mit den sechs genannten Viren getestet. Der prozentuale Anteil an primär mit PVY infizierten Pflanzen unterschied sich sowohl bei den transgenen Pflanzen als auch bei den Kontrollen in beiden Untersuchungszeiträumen beträchtlich. In der Vegetationsperiode 2001 war der Befallsgrad mit 70-100% deutlich höher als im gleichen Zeitraum des Vorjahres. Ähnliche Resultate konnten auch für die Primärinfektion mit PVM nachgewiesen werden. Demgegenüber kam es 2001 auf nahezu allen Versuchsflächen zu einer deutlich verminderten Infektion mit dem PVS und dem PLRV. Interessant war der hohe Befall von Linda Nb58 mit PVA, gegen welches der Klon unter Gewächshausbedingungen immun war. Ein Vergleich der Absolutwerte der ELISA-Testung zeigt, dass sich der Virusgehalt sowohl zwischen einzelnen Pflanzen eines Klons (vgl. Linda Nb58), als auch zwischen den verschiedenen Sorten bzw. transgenen Linien deutlich unterscheidet. Hierbei wiesen die transgenen Linien einen deutlich geringeren Virusgehalt auf (gemessen am E<sub>405</sub>-Wert) als die anfälligen Kontrollen.

Der deutlich höhere Anteil an PVY-infizierten Pflanzen für 2001 lässt sich nicht auf einen stärkeren Infektionsdruck durch die Vektoren zurückführen, da die Aphidenpopulationen in diesem Jahr deutlich kleiner waren als im Vorjahr. Wie im Vorjahr konnte keine signifikante Bevorzugung bzw. Meidung einer bestimmten transgenen Linie oder Sorte hinsichtlich der Besiedlung festgestellt werden. Die Augenstecklingsprüfung für die Pflanzen des Jahres 2000 ergab ein von der Primärinfektion deutlich abweichendes Ergebnis. Während die Zahl der mit PVY befallenen Pflanzen für die Sorten und die transgene Linie Linda Nb58 zunahm, konnte für die Klone DH59 CP41 bzw. DH59 Nb156 ein deutlicher Rückgang der PVY-Infektion festgestellt werden. Zudem konnte festgestellt werden, dass sich die transgenen Klone DH59 CP39 und DH59 CP41 in ihrer Virusresistenz gegen PVY und PLRV genau entgegengesetzt verhalten.

Insgesamt konnten keine signifikanten Unterschiede im vermehrten Auftreten bestimmter Viren auf den transgenen Pflanzen nachgewiesen werden.

Die Augenstecklinge von je zwei Knollen aller geernteten Pflanzen des laufenden Versuchsjahres werden im Januar/Februar 2002 nochmals auf eine Virusinfektion mit den sechs Viren getestet und mit den Ergebnissen des Vorjahres verglichen.

Abstract:

Plants of different transgenic potato lines that had been cultivated under field conditions were checked for their resistance to the potato viruses PVA, PVM, PVS, PVV, PVY and PLRV, and compared with approved cultivars. The infection rate with PVY was considerably higher in 2001 than in 2000, despite the lower abundance of aphids. No indication were found that cultivation of transgenic potatoes causes changes in virus population.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U.; Institut für Pflanzen-Biotechnologie, Česke Budejovice, Matoušek, J. (gefördert mit Mitteln des BMBF, FKZ 03 12 318) (BAZ-2158)

### **1.10 Untersuchungen zu Veränderungen des Aphidenspektrums an transgenen Kartoffeln** **Investigations on changes in the aphid population on transgenic potatoes**

Mattern, D.; Schubert J.

Zielsetzung/Aim:

Viruserkrankungen können bei Kartoffeln zu Ernteverlusten von bis zu 85% führen. Blattläuse sind für die Übertragung der wichtigsten Kartoffelviren von entscheidender Bedeutung. Im Jahr 2001 wurde das Aphidenspektrum und -dominanzgefüge zwischen verschiedenen transgenen Linien und kommerziellen Sorten verglichen.

Virus diseases of potatoes lead to yield losses up to 85%. Aphids are highly important for transmission of most potato viruses. In 2001 we investigated the spectrum and dominance of aphid populations on different transgenic potato lines and commercial cultivars.

Ergebnisse:

Das jahreszeitliche Auftreten, die Artenzusammensetzung und Populationsstärke von Aphiden sind von wesentlicher Bedeutung für die Ausbreitung und Intensität von Virusinfektionen bei der Kartoffel.

Das Aphidenspektrum von sechs transgenen Linien und vier Kartoffelsorten wurde 2001 über die gesamte Vegetationsperiode untersucht, das Dominanzgefüge ermittelt und verglichen. Die Blattläuse wurden ab der 22. Kalenderwoche bis zum Absterben des Kartoffelkrauts in der 35. Kalenderwoche bonitiert. Dabei wurden von jeder Pflanze fünf zufällig entnommene Fiederblätter auf das Vorhandensein von Aphiden kontrolliert. Insgesamt wurden 3551 Aphiden aller Entwicklungsstadien erfasst. Von den fünf nachgewiesenen Arten erwies sich *Macrosiphum euphorbiae* in allen Parzellen als eudominant, *Aphis nasturtii* und *Myzus persicae* erlangten nur eine gewisse Bedeutung. Die restlichen Arten (*A. fabae*, *A. frangulae*) wurden nur in vereinzelten Exemplaren nachgewiesen. Die ersten Blattläuse traten in der 27. Kalenderwoche auf. Aufgrund der unterschiedlichen Abreife der transgenen bzw. nicht-transgenen Pflanzen wurden lediglich die Daten aller Versuchs-

flächen über die acht Wochen verglichen, in denen der Krautbestand auf allen Testflächen vergleichbar war. Die zusammengefassten Werte von drei Versuchsflächen pro Transgen bzw. Sorte bezüglich der Populationsgesamtsstärke, des Reproduktionserfolges (Anzahl der Larven) und des Auftretens von *M. euphorbiae* zeigen für die Sorten 'Linda' und 'Ute' einen nahezu doppelt so starken Aphidenbesatz im Vergleich zu den transgenen Linien DH59 Nb156 und Linda Nb58 (Abb. 1). Dennoch kann dieser Unterschied nicht statistisch gesichert werden, was auf Schwankungen innerhalb der Versuchsflächen zurückzuführen ist. Insgesamt konnten weder eine Meidung noch eine Präferenz bestimmter transgener Linien oder Sorten durch die Blattläuse nachgewiesen werden.

**Abstract:**

Populations of aphids were investigated on different transgenic and non-transgenic potatoes from the 22<sup>th</sup> to the 35<sup>th</sup> week in 2001. We found five species, i.e. *Macrosiphum euphorbiae*, *Myzus persicae*, *Aphis nasturtii*, *A. fabae* and *A. frangulae*. The first was eudominant on all test fields. There were great differences between plots. Therefore, reduced appearance and reproductivity level of aphids on DH59 Nb156 and Linda Nb58 was statistically not significant.

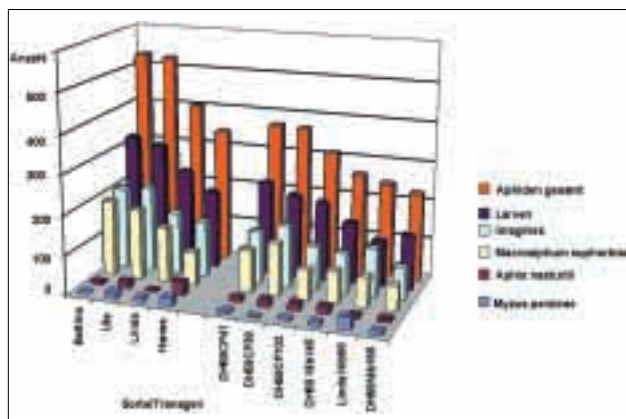


Abb. 1: Auftreten der dominanten Aphidenarten auf unterschiedlichen transgenen Linien und Kartoffelsorten zwischen der 27. und 31. Kalenderwoche 2001.

Fig. 1: Occurrence of adults, imagines and larvae of aphids and the dominant aphid species on different transgenic and non transgenic potato plants in 2001 (27<sup>th</sup> –31<sup>th</sup> week).

(BAZ-2165)

**1.11 Versuche zur gentechnischen Verbesserung der TuYV-Resistenz von Raps**  
**Experiments for genetic improvement of TuYV-resistance**

Schubert, J; Rabenstein, F.

**Zielsetzung/Aim:**

Raps wird sehr stark vom *Turnip yellows luteovirus* (TuYV) infiziert. Obwohl eine Resistenzquelle beschrie-

ben und die Resistenz gegen die Virose bereits in Sorten eingekreuzt wurde, muss man davon ausgehen, dass diese mit der Zeit überwunden wird. Daher sollen Möglichkeiten der Resistenzinduktion über pathogen derived resistance (PDR) getestet werden. Gleichzeitig werden Möglichkeiten überprüft, unerwünschte Gene für Resistenzmarker durch eine Co-Transformation beim Gentransfer auskreuzen zu können.

Oilseed rape is heavily infected by *Turnip yellows luteovirus* (TuYV). Though a source of resistance is known and resistance was introduced into commercial varieties one has to expect that isolates, overcoming this resistance will appear. For this reason we were testing possibilities to improve resistance to the virus by pathogen derived resistance (PDR). Furthermore we investigated the possibility to cross out unwanted selection marker genes.

**Ergebnisse:**

Das ORF-0-Gen eines TuYV-Isolates wurde kloniert und unter Kontrolle des 35S-CaMV-Promoters in ein binäres *Agrobacterium*-Plasmid eingefügt (pGPTV-Kan). Mit Hilfe von *Agrobacterium tumefaciens* (EHA 105 bzw. ATHV C58 C1) wurde Raps der Sorte 'Lisora' transformiert. Anschließend erfolgte die Prüfung der Regenerate auf Resistenz gegen das TuYV. Von den 11 bisher getesteten Klonen wies keiner eine erhöhte Resistenz auf. Da vermutet wird, dass dieses Gen für die PTGS-Suppressionsfunktion des Virus verantwortlich ist, könnten die Pflanzen anfällig für das verwandte *Beet mild yellowing luteovirus* geworden sein. Infektionsversuche ergaben jedoch, dass durch die Expression dieses Gens die Resistenz von Raps gegen das Virus nicht verändert wird.

Damit bestätigten die Versuche, dass gegen Luteoviren eine Resistenz über PDR nur in Ausnahmefällen induziert werden kann. Andere Konstrukte sind zu testen.

Um in künftigen Versuchen den Selektionsmarker auskreuzen zu können, wurden Versuche zur Co-Transformation begonnen. Zum Einsatz kam das o. g. Gen ORF-0 in pGPTV-KanMinus (binäres Plasmid ohne NPT-II-Selektionsmarker), gemischt mit pBIN19, pRE1 bzw. pLH9000 (liefern NPT-II-Selektionsmarker) jeweils in *A. tumefaciens* ATHV C58 C1 bzw. GV3101. Als problematisch erwies sich das lange latente Überdauern von *A. tumefaciens* in den Pflanzen. Selbst nach 6-monatiger Behandlung mit Timentin kam es häufig zu Durchbrüchen der Agrobakterien. Daher wurde ein Primerpaar entwickelt (virC-Gen), welches es mit Hilfe der PCR ermöglicht, verbliebene Bakterien nachzuweisen. 42 visuell bakterienfreie Klone wurden über PCR auf Insertion der separat übertragenen Gene ORF-0 und NPT-II getestet. Davon wiesen alle beide Gene auf. Bei 10 von ihnen konnten jedoch auch Spuren von *A. tumefaciens* nachgewiesen werden, so dass bei diesen nicht sicher ist, ob eine Insertion erfolgte. In diesen Experimenten konnte also eine extrem hohe Co-Transformationsrate erzielt werden. In der anschließenden Phase muss über Southern-blots getestet werden, wieviel Insertionen von jedem der Gene vorliegen, um geeignete Klone für Auskreuzungsexperimente auswählen zu können.

#### Abstract:

The gene for ORF 0 of TuYV was cloned and transferred into plants of variety 'Lisora' under control of 35S-CaMV-promotor. All so far tested clones remained susceptible to the virus. Expression of this gene, thought to be responsible for suppression of PTGS, did not result in susceptibility of transformants to the related *Beet mild yellowing luteovirus*.

Level of co-transformation of target gene (ORF-0) and selection marker (NPT-II) was tested. A very high ratio of simultaneous transfer events of both genes was obtained. Presence of remainders of agrobacteria could be excluded by PCR.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Sonntag, K.

### 1.12 Molekulargenetische Analyse der Resistenz von Kreuzungspopulationen bei Gerste gegen pilzliche Schaderreger

#### Molecular genetic analysis of crossing populations of barley for resistance to fungi

Nachtigall, M.

#### Zielsetzung/Aim:

Im mitteleuropäischen Raum zählt der Zwergrost (*Puccinia hordei* Otth.) neben dem Gerstenmehltau und der Netzfleckenkrankheit zu den wirtschaftlich bedeutenden Blattpathogenen. Durch das Auftreten neuer Pathogenvirulenzen oder Virulenzkombinationen ist für die Stabilität der Zwergrostresistenz bei der Gerste eine breite genetische Grundlage erforderlich. Bei Zwergrost ist gegenwärtig in Europa nur noch das Majorgen *Rph 7* wirksam, wobei die Chance im Genpool der Kulturgerste neue, wirksame Resistenzen zu finden, als gering eingeschätzt wird. Im Ergebnis umfangreicher Evaluierungsarbeiten wurden in *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum* neue Resistenzträger gefunden.

Ziel dieses Forschungsprojektes ist es daher, in Kreuzungspopulationen mit *H. spontaneum* neue Resistenzloci mittels molekularer Marker zu identifizieren und zu kartieren. Für eine markergestützte Selektion im Zuchtprozess sind praxisrelevante PCR-Marker zu entwickeln, die dem Züchter eine schnell Einlagerung von wirksamen Resistenzen in das aktuelle Zuchtmaterial gestatten.

Powdery mildew, net blotch disease and leaf rust, caused by the fungal pathogen *Puccinia hordei* Otth., represent the important leaf diseases on barley in Central Europe.

With the occurrence of new virulent races or virulent gene combinations of the pathogen, the resistance was gradually broken. As a result of new appearing virulences only the leaf rust resistance gene *Rph 7* is still effective in Europe. However, a wide genetical base is necessary to reach durable leaf rust resistance on barley, but the chance to find new *resistance loci* in the gene pool of cultivated barley is very low.

During last years wild types of barley (*Hordeum vulgare*

ssp. *spontaneum*) were evaluated and new sources of resistance were found.

The aim of the project is to create molecular markers linked to novel leaf rust resistance genes in selected crossing populations between *H. vulgare* ssp. *vulgare* x *H. vulgare* ssp. *spontaneum*. They should be converted into practical PCR markers to apply effective marker assisted selection in the breeding process. These markers represent the basis to integrate new resistant genes into the breeding material rapidly.



Abb. 1: Netzfleckenkrankheit  
Fig. 1: net blotch disease



Abb. 2: Zwergrost  
Fig. 2: leaf rust

#### Ergebnisse:

Für die molekularen Analysen wurden spaltende Nachkommenschaften bestehend aus 200 DH-Linien der Kreuzung (*H. spontaneum* 677 x 'Krona') x 'Scarlett' bzw. 75 DH-Linien aus *H. spontaneum* 677 x 'Krona' sowie 75 DH-Linien der Kreuzung *H. spontaneum* 650 x 'Femina' verwendet. Zusätzlich zu den AFLP Untersuchungen wurden sowohl Mikrosatelliten- als auch RAPD-Analysen durchgeführt.

#### Markeranalysen Gerste/Zwergrost

In einer bulked segregant analysis mit jeweils 20 Mikrosatelliten und 50 RAPD-Primern wurde nach Polymorphismen zwischen den Kreuzungseltern und den bulks gesucht. Nach Amplifikation mit den Primern OPB07 und OPE11 konnten im Acrylamidgel nach Silberfärbung polymorphe DNA-Fragmente detektiert werden, wobei jeweils eines dieser Fragmente nur im resistenten Elter und im resistenten bulk gefunden wurde (Abb. 3). Anhand weiterer Einzelpflanzenanalysen muss dieses Ergebnis noch verifiziert werden.

Bei drei der untersuchten Mikrosatelliten, EBmac0558, EBmac0557 und EBmac0521, wurden Polymorphismen beobachtet, die auf eine Kopplung zum Resistenzlocus hinweisen. So ergab die Analyse von 75 DH-Linien mit dem Primerpaar EBmac0521 in 80% der Fälle eine Übereinstimmung des Markers mit dem Phänotyp (Abb. 4). Es handelt sich hierbei um Mikrosatelliten die bereits auf dem Gerstenchromosom 2H kartiert worden sind.

Weitere Untersuchungen sollen dazu beitragen den Markerabstand zum Resistenzgen zu verringern.

Im Ergebnis umfangreicher AFLP-Analysen konnte in der Kreuzungspopulation *H. spontaneum* 677 x 'Krona' bei zwei Primerkombinationen (E39M58-470 bp, E37M33-350 bp) jeweils ein polymorphes DNA-Fragment zwischen den Kreuzungspartnern beobachtet werden, das jedoch nicht in allen resistenten DH-Linien zu finden war.

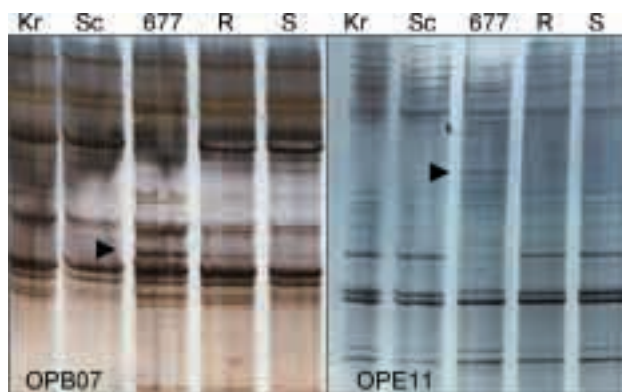


Abb. 3: Bulked segregant analysis mit den RAPD-Primern OPB07 und OPE11, Kr - 'Krona' (anfällig), Sc - 'Scarlett' (anfällig), *H. spontaneum* 677 (resistent), R - resistenter bulk, S - anfälliger bulk

Fig. 3: Bulked segregant analysis using the RAPD primers OPB07 and OPE11, Kr - 'Krona' (susceptible), Sc - 'Scarlett' (susceptible), *H. spontaneum* 677 (resistant), R - resistant bulk, S - susceptible bulk



Abb. 4: SSR - Analyse einer DH-Linienpopulation der Kreuzung *H. spontaneum* 677 x 'Krona' V - 'Krona' (anfällig), M - *H. spontaneum* 677 (resistent), R - resistenter bulk, S - anfälliger bulk

Fig. 4: Microsatellites profile of different doubled haploide lines from a cross *H. spontaneum* 677 x 'Krona' generated by amplification using the EBmac0521 primer, V - 'Krona' (susceptible), M - *H. spontaneum* 677 (resistant), R - resistant bulk, S - susceptible bulk

### Markeranalysen Gerste/Netzflecken

Um molekulare Marker für Netzfleckenresistenz zu entwickeln, wurden basierend auf einer bulked segregant analysis die Amplifikationsmuster verschiedener AFLP-Primerkombinationen verglichen. Dabei konnten bei den Primern E44M56, E45M58, E33M60 zahlreiche Polymorphismen zwischen den Kreuzungspartnern beobachtet werden. Inwieweit es sich hierbei um Marker handelt, die mit dem Resistenzgen gekoppelt sind bleibt weiteren Untersuchungen an Einzelpflanzen vorbehalten. Mit dem auf Chromosom 1H kartierten Mikrosatelliten Bmac0213 wurde ein polymorphes Fragment amplifiziert, das eine Kopplung zum Resistenzlocus erkennen lässt.

#### Abstract:

The investigations to identify molecular markers linked to fungal resistance genes on barley were continued.

Three crossing populations between cultivated barley (susceptible) and wild progenitor, *H. spontaneum* (resistant) were used for molecular analysis. In addition to AFLP investigations microsatellites and RAPD techniques were applied to screen these material for markers linked to genes conferring resistance to *Puccinia hordei* and *Pyrenophora teres*. The RAPD primers OPB07 and OPE11 amplify polymorphic DNA fragments that were revealed on polyacrylamide gels and they are present only in the resistant parent and bulk, but were absent in the susceptible samples.

By using the SSR primers EBmac0521, EBmac0557 and EBmac0558 polymorphic markers were found and it appears they are linked to the resistance locus. The obtained results indicate that 80 % of 75 dihaploid lines show a total agreement with the phenotype in the case of the primer EBmac0521.

In the single plant analysis with selected AFLP primers polymorphic DNA fragments with three primers were detected but these markers were not present in all resistant plants.

First results to develop markers for resistance to net blotch disease in the crossing population *H. spontaneum* 650 x 'Femina' by using bulked segregant analysis indicated numerous polymorphisms between parents and bulks applying AFLP primers E44M56, E45M58, E33M60.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben, Kopahnke, D. National Research Centre, Cairo, Saker, M. (BAZ-2143)

## 2. Pathodiagnostik Pathogen Diagnostics

### 2.1 Analyse der Ursachen der Blattfleckenkrankheit beim Feldsalat (*Valerianella locusta* L.)

#### Analysis of the cause of the leaf spot disease on corn salad (*Valerianella locusta* L.)

Barchend, G.

#### Zielsetzung/Aim:

Das Ziel unserer Arbeiten ist es zu klären wodurch die Blattflecken am Feldsalat verursacht werden und über welchen Infektionsweg dies geschieht. Darauf aufbauend soll perspektivisch ein Verfahren zur Resistenzprüfung erarbeitet werden.

The first step to gain the aim includes the analysis of the disease causing agent, isolation, identification and characterization of pathogenic bacterial isolates from plants with leaf spots. Further more methods for resistance screening should be developed.

#### Ergebnisse:

Am Feldsalat wurden in Deutschland im Raum Heidelberg/Heilbronn 1999 die ersten Blattfleckensymptome beobachtet. Von Moltmann (Gemüse, 2000) konnten Bakterien der Gattung *Pseudomonas* (*Acidovorax valerianel-*

lae) isoliert werden.

Seit dem Herbst 2000 untersuchten wir zahlreiche Feldsalatproben mit Blattflecken aus dem Freilandanbau. Die Symptome (kreisförmige, scharf abgegrenzte, schwarze Flecken, Abb. 1) konnten bisher nur an den Kotyledonen bzw. am unteren Blattkranz beobachtet werden. Aus den symptomtragenden Blättern konnten Bakterien isoliert und auf Feldsalat rückübertragen werden. Isolate, die typische Symptome induzierten, wurden charakterisiert. Dabei handelte es sich hauptsächlich um *A. valerianellae* und um noch nicht näher identifizierte Isolate, die nicht in allen physiologischen Eigenschaften mit *A. valerianellae* übereinstimmen.

In ersten Versuchen ermittelten wir optimale Bedingungen für die Infektion und Ausprägung von Blattsymptomen. Eine Infektion vergleichbar zum Freiland konnte induziert werden, wenn Blätter nach Nadelstichverletzungen mit einer Bakteriensuspension ( $5 \times 10^8$  Zellen/ml) besprüht und die Pflanzen bei 15 °C inkubiert wurden. Nur an den verletzten Blättern traten ca. 7 dpi Symptome auf.

Wiederholend wurde das aktuelle Saatgutsortiment (15 Sorten) mit *A. valerianellae* infiziert. Alle Sorten erwiesen sich als anfällig. Es lagen keine signifikanten Unterschiede im Befall vor.

Ein Antiserum gegen *A. valerianellae* wurde hergestellt und dessen Spezifität und Empfindlichkeit im ELISA-Test und in der Immunfluoreszenz überprüft. Die Nachweisgrenze des z.Z. eingesetzten ELISA Testverfahrens ( $10^{-8}$ ) ist noch nicht zufriedenstellend und erfordert eine Optimierung der Testbedingungen. Bei der Immunfluoreszenz wird z.Z. noch die Sensibilität und Spezifität des Antiserums getestet.

Als mögliche Wege der Übertragung von *A. valerianellae* auf Feldsalat werden infiziertes Saatgut und eine Kontamination des Bodens diskutiert. Im Spätsommer 2001 wurden Versuche zur Saatgutübertragung des Bakteriums angelegt. Die Infektion des Feldsalats soll durch Kontamination des Bodens, sowie durch Sprühinokulation der Blätter und Blüten zu verschiedenen Zeitpunkten der Vegetation erfolgen.



Abb. 1: Blattflecken am Feldsalat Sorte „Medaillon“  
Fig. 1: Leafspots on corn salad cultivar „Medaillon“

Abstract:

*A. valerianellae* could be isolated from corn salad with leaf spots. In this year we examined 15 cultivars of corn salad against *A. valerianellae*. All cultivars proved to be sensitive. Significant differences in susceptibility were not observed. In further experiments the possible transmission of the bacterium to the seed should be clarified.

In Zusammenarbeit mit: HILDsamens, Marbach am Neckar und H. Juliwa-Enza, Heidelberg (BAZ-2159)

## 2.2 Untersuchungen zur epidemiologischen Bedeutung von Unkräutern als Überhälter und Infektionsquellen für *Ralstonia solanacearum* Investigations on epidemiological importance of weeds as a source for *Ralstonia solanacearum* Barchend, G.

Zielsetzung/Aim :

In den letzten Jahren trat verstärkt *R. solanacearum* im Wirtschaftsraum der Europäischen Union auf. Deshalb wurden epidemiologische Untersuchungen zum Erreger begonnen. Insbesondere soll geklärt werden, welche Unkräuter in Deutschland als Überhälter für diesen Erreger von Bedeutung sind.

Because *R. solanacearum* has been frequently detected in several EC countries during the last few years we started to investigate the epidemiology of this bacterium in more detail. Of particular interest is to answer the question which of the most common weed species in Germany can naturally serve as sources to maintain the pathogen.

Ergebnisse:

Für den Kartoffelbau wichtige Unkräuter (*Echinochloa crus galli*, *Elytrigia repens* und *Setaria viridis*) wurden auf ihre epidemiologische Bedeutung für *R. solanacearum* Rasse 3 Biovar 2 getestet. Für die Versuche verwendeten wir als Infektionsquelle Erde, die entweder mit einer Bakteriensuspension ( $2 \times 200$  ml  $10^9$  Zellen/ml) oder durch mit *R. solanacearum* infiziertes Tomatengewebe kontaminiert worden war. Die Rezipienten wurden in Container mit infizierter Erde gepflanzt. Im Verlauf der Vegetation erfolgten mehrere Probenahmen. Untersucht wurde sowohl Stängel- als auch Wurzelmaterial. Die Wurzeln wurden intensiv gewaschen, um anhaftende Erdpartikel zu entfernen. Der Nachweis von *R. solanacearum* erfolgte bei den gewonnenen Bakterienisolaten mittels Semiselektivmedium (SMSA) und Biotest (Tab. 1). Die Ergebnisse zeigen, dass die getesteten Unkräuter als Überhälter und damit auch als Infektionsquellen von *R. solanacearum* fungieren können. Vom Infektionsversuch des Jahres 2000 wurden Töpfe mit künstlich kontaminierter Erde und Pflanzenresten im Freiland überwintert und im Frühjahr 2001 mit Fangpflanzen besetzt (*Solanum nigrum* und *Lycopersicon esculentum*). Der Nachweis von *R. solanacearum* in Pflanzen und Wasserproben gelang, obwohl das Bakterium in der Erde sehr

ungünstigen Bedingungen (stauende Nässe, Frost und Trockenheit) ausgesetzt war. Bei einer weiteren Überwinterungsvariante konnte bei ausdauernden Unkräutern (*Lycopus europaeus* und *Tussilago farfara*) *R. solanacearum* detektiert werden. Seit 1996 wird eine mit dem Bakterium infizierte *Solanum dulcamara* Pflanze in einem Kalthaus unter freilandähnlichen Bedingungen kultiviert. Seitdem ist es möglich, *R. solanacearum* in der Pflanze nachzuweisen. Auch bei kühleren klimatischen Bedingungen sind die Unkräuter in Abwesenheit von Kartoffeln als wichtige Infektionsquelle und als Überhälter über mehr als eine Vegetationsperiode anzusehen.

Tab. 1: Nachweis von *R. solanacearum* in Unkräutern  
Table 1: Detection of *R. solanacearum* in weeds

Pflanzenart	Nachweis von <i>R. solanacearum</i> in Unkräutern/Erde inokuliert durch	
	Bakterien-suspension	inf. Tomaten-gewebe
<i>Echinochloa crus galli</i> (Hühnerhirse)	+	+
<i>Elytrigia repens</i> (Quecke)	+	+
<i>Setaria viridis</i> (Borstenhirse)	+	+

**Abstract:**

Plants of several weed species were examined after artificial inoculation to determine whether they can act as hosts for *R. solanacearum* (race 3, biovar 2). Results obtained show that the pathogen is able to multiply within the weeds under test. That means that under field conditions these species can maintain the pathogen in the absence of potato and serve as sources for infection in following years.

(BAZ-2158)

**2.3 Entwicklung serologischer Methoden zum Nachweis von *Fusarium*-Arten in Gersten- und Weizenkörnern**

**Development of serological methods for detection of *Fusarium* species in barley and wheat grains**  
Rabenstein, F.

**Zielstellung /Aim:**

*Fusarium*-Arten kommen weltweit vor und verursachen an Getreideähren eine als „Partielle Taubährigkeit“ bezeichnete Erkrankung, die infolge der in den Körnern akkumulierten Mykotoxine ein Risiko für die Gesundheit von Mensch und Tier darstellt. Die am häufigsten an Gerste und Weizen gefundenen Arten sind *F. culmorum* und *F. graminearum*. Die wichtigsten Mykotoxine, die von diesen *Fusarium*-Arten gebildet werden sind die Trichothece-ne aus der Gruppe vom Typ B, Deoxynivalenol (DON) und Nivalenol (NIV) sowie das Zeralenon (ZON) (siehe z. B.: <http://www.lfe.bayern.de/lebensmittel/mykotox.html>).

Für eine Resistenzbewertung von Zuchtmaterial sind, insbesondere für Gerste, Nachweismethoden erforderlich, die nicht nur die Anwesenheit von *Fusarium*-Arten anzeigen, sondern auch eine Quantifizierung der Pilzmenge in den Körnern erlaubt. Um eine bessere Bewertung des Befalls mit *Fusarium*-Arten vornehmen zu können, sollen serologische Methoden auf der Basis von polyklonalen Antiseren entwickelt werden, die einen sicheren Nachweis in Proben aus Feldversuchen ermöglichen.

*Fusarium* species occur world-wide on cereals as causal agents of „head blight“ (scab) of small grain cereals. They are capable to accumulate several mycotoxins some of which of notable impact to human and animal health. The species predominantly found in wheat and barley are *F. culmorum* and *F. graminearum*. For resistance evaluation of breeding material, especially on barley, detection methods are required that are not only capable to prove the presence of *Fusarium* spec., but also to estimate their content in grains. To this aim serological detection methods based on polyclonal antisera have to be developed, which allow a precise determination of the *Fusarium* content in samples from field experiments.

**Ergebnisse:**

Um die Resistenzbewertung von Getreidezuchtmaterial nach Befall mit Fusarien, insbesondere bei Gerste (Abb. 1) und Triticale, zu verbessern, wurde ein optimierter PTA (Plate trapped antigen)-ELISA unter praktischen Bedingungen erprobt, der in Kornproben aus Feldversuchen einen Nachweis der gebildeten Myzelmenge ermöglicht.



Abb. 1: „Partielle Taubährigkeit“ an einer mehrzeiligen (a) und zweizeiligen (b) Gerstensorte

Fig. 1: „Fusarium head blight“ (scab) a multi-rowed (a) and a two-rowed (b) barley variety

Bei Wintergerstensorten konnte mit diesem Test in Feldexperimenten nach künstlicher Inokulation mit *F. culmorum* sowohl der Einfluss der Anzahl der Inokulationen als auch der Effekt der Sporenkonzentrationen ( $1 \times 10^6$ ,  $2 \times 10^6$  bzw.  $3 \times 10^6$  Keime/ml) gemessen werden (Tab. 1). Es wurde wie im vorangegangenen Versuchsjahr bestätigt, dass mehrzeilige Sorten höhere ELISA - Messwerte als zweizeilige Gersten ergeben und somit höhere Pilzmengen enthalten. Weitere

Untersuchungen müssen zeigen, ob mehrzeilige Gersten durch den höheren *Fusarium* - Gehalt stärker geschädigt werden oder ob eine höhere Toleranz vorliegt. Für eine praxisnahe Resistenzprüfung kann für die Probenahme die Verwendung kompletter Ähren empfohlen werden. Eine ausreichende Differenzierung des Zuchtmaterials lässt sich mit einer zweimaligen Inokulation bei einer Sporenkonzentration von  $1$  bis  $2 \times 10^6$  ml erreichen.

Tab. 1: Effekt von 9 unterschiedlichen Inokulationsvarianten auf den Nachweis von *Fusarium*-Exoantigenen in Wintergerste mittels PTA-ELISA

Table 1: Effect of 9 different inoculation methods on the detection of *Fusarium* exoantigens in winter barley by means of PTA-ELISA

Anzahl der Inokulationen	Inokulum-Konzentration (Sporen per ml)	Typ der Probenahme			
		Komplette Ähre		Einzelnes Ährchen	
		zweizeilig	mehrzeilig	zweizeilig	mehrzeilig
Kontrolle einmal	nicht infiziert	0.29*	0.37	0.17	0.21
	$1 \times 10^6$	0.35	0.58	0.18	0.36
	$2 \times 10^6$	0.40	0.89	0.24	0.64
zweimal	$3 \times 10^6$	0.46	1.26	0.34	0.98
	$1 \times 10^6$	0.47	1.13	0.32	0.65
	$2 \times 10^6$	0.64	1.41	0.53	1.14
dreimal	$3 \times 10^6$	0.79	1.61	0.67	1.50
	$1 \times 10^6$	0.78	1.48	0.57	1.35
	$2 \times 10^6$	1.09	1.85	0.85	1.67
	$3 \times 10^6$	1.36	2.27	1.06	2.04
LSD <sub>0.05</sub>		± 0.11	± 0.16	± 0.06	± 0.14

\* Extinktion bei 405 nm im PTA-ELISA nach 1 h Substratinkubation

Bei der Prüfung von 20 Sommergerstensorten mit dieser Methode war eine Resistenzbewertung anhand der ELISA - Mittelwerte (E1-E3 aus drei Wiederholungen) möglich (Abb. 2). Relativ niedrige Messwerte bis zu einer Extinktion von 0,4 bei 405 nm wurden für die Sorten 'Aura', 'Brenda', 'Excel', 'Steffi', 'Thuringia' und 'Baronesse' ermittelt. Als am stärksten anfällig konnten die Sorten 'Maresi' und 'Barke' eingestuft werden. Obwohl eine visuelle Resistenzbewertung von Sommergersten als schwierig eingeschätzt wird und bisher Literaturangaben zur Anfälligkeit gegen eine Infektion mit *F. culmorum* nur vereinzelt zu finden sind, wurden von Mielke (Nachrichtenbl. Deut. Pflanzenschutzd. 52 (2000), 57-61) z. B. die Sorten 'Steffi' und 'Baronesse' ebenfalls als gering anfällig bewertet. Übereinstimmend konnte die Sorte 'Alexis' als mittelresistent und 'Maresi' als stark anfällig eingestuft werden.

In Zusammenarbeit mit der Universität Hohenheim wurden auch Triticale - Genotypen auf Resistenz gegen Ährenfusariosen geprüft. Hierbei handelte es sich um 10 Elternlinien aus einem Versuch mit 2 Wiederholungen an 3 Orten. In Übereinstimmung mit der Bonitur konnte der Elter 'Binova' als am stärksten anfällig eingestuft werden, während 'Lasko' die geringste Anfälligkeit aufwies.

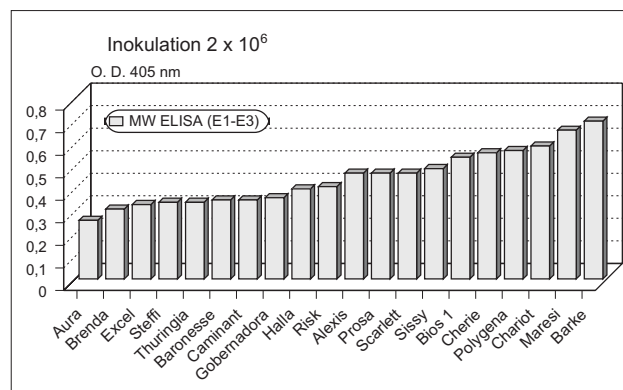


Abb. 2: Nachweis von *Fusarium* - Antigenen mittels PTA-ELISA in kompletten Ähren von 20 Sommergerstensorten nach zwei Inokulationen mit  $1 \times 10^6$  Sporen/ml im Parzellenversuch

Fig. 2: Detection of *Fusarium* exoantigens by means of PTA-ELISA in entire ears of 20 summer barley varieties after two inoculations with  $1 \times 10^6$  spores/ml in a field trial

Während zwischen serologisch ermittelter Myzelmenge und Ährenbonitur keine enge Beziehung vorlag ( $r = 0,638$ ), konnte zwischen Myzelmenge und DON - Gehalt



eine sehr gute Korrelation ( $r = 0,875$ ) festgestellt werden. Dieses Ergebnis weist auf mögliche Schwierigkeiten einer exakten Bonitur bei Triticale hin.

Western blot - Analysen unter Verwendung des spezifischen Antiserums PAS Fc-2/7 gegen *F. culmorum* zeigen, dass in allen untersuchten Getreidekörnern (Weizen, Gerste, Roggen und Triticale) nach Fusariumbefall spezifische Banden (vermutlich Glykopeptide) mit Molekulargewichten im Bereich von 62 bis 83 kDa gefunden werden. Vergleichende Untersuchungen von Weizenproben im Western blot und PTA-ELISA lassen erkennen, dass die Intensität der reagierenden Banden sowohl mit der Höhe der ELISA - Messwerte als auch mit dem mittleren Gehalt an DON korreliert war (Abb. 3).

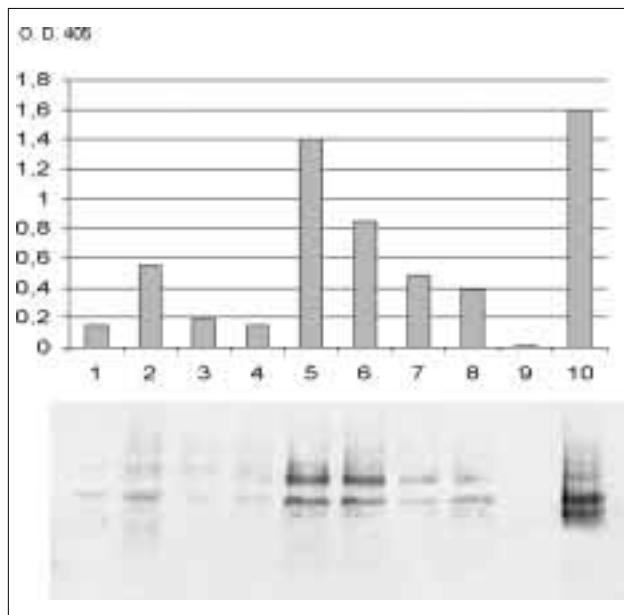


Abb. 3: Nachweis von *Fusarium* - Antigenen mittels PTA-ELISA und Western blotting in 10 Weizenproben: 1 = 'Toronto' 7/2 (DON 1,3 mg/kg); 2 = 'Astron' 5/2 (DON 3,5 mg/kg); 3 = Nord 66/2 (DON 2,2 mg/kg); 4 = Schw 52/2 (DON 2,2 mg/kg); 5 = 'Hanseat' 38/3 (DON 12,3 mg/kg); 6 = 'Hanseat' 38/4 (DON 8,7 mg/kg); 7 = 'Greif' 4/3 (DON 3,4 mg/kg); 8 = 'Astron' 5/3 (DON 2,3 mg/kg); 9 = Gesundheitskontrolle, 10 = Positivkontrolle

Fig. 3: Detection of *Fusarium* antigens by means of PTA-ELISA and Western blotting in 10 wheat samples: 1 = 'Toronto' 7/2 (DON 1,3 mg/kg); 2 = 'Astron' 5/2 (DON 3,5 mg/kg); 3 = Nord 66/2 (DON 2,2 mg/kg); 4 = Schw 52/2 (DON 2,2 mg/kg); 5 = 'Hanseat' 38/3 (DON 12,3 mg/kg); 6 = 'Hanseat' 38/4 (DON 8,7 mg/kg); 7 = 'Greif' 4/3 (DON 3,4 mg/kg); 8 = 'Astron' 5/3 (DON 2,3 mg/kg); 9 = healthy control; 10 = positive control

Als am stärksten befallen erwiesen sich die beiden Proben der Weizensorte 'Hanseat', die auch überdurchschnittlich hohe Gehalte an Deoxynivalenol (DON) enthielten.

Abstract:

An optimized plate trapped antigen (PTA)-ELISA with a high throughput rate was used to detect *Fusarium* antigens in barley, rye, triticale and wheat grains. The assay was successfully applied for the detection of *Fusarium* spec. in barley grains from field plot experiments. In general, increasing amounts of inoculum applied on the ears and a longer growing period resulted in higher levels of the disease and in higher ELISA values. The assay was also useful to follow the infection process in winter and summer barley varieties and to measure the influence of number of repeated inoculations per plot as well as the effect of the inoculum concentration on final infection rate. In first experiment we also found a close correlation between the concentration of deoxynivalenol and the ELISA readings for detection of *Fusarium* antigens in triticale and wheat grains.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. Epidemiologie und Resistenz, Lind, V.; Technische Universität München Freising-Weihenstephan, Zinkernagel, V.; Lepschy, J. und Wosnitza, A.; Universität Hohenheim Stuttgart, Miedaner, T., Heinrich, N. und Oettler, G. (BAZ-2152)

#### 2.4 Entwicklung und Optimierung serologischer und molekularbiologischer Methoden zur Erfassung der Resistenz gegen Viren in Zucht- und Genbankmaterial von *Poaceae* (Getreide und Gräser). Development and optimisation of serological and molecular biological methods for the compilation of resistance in breeding and gene bank material to viruses infecting *Poaceae* (cereals and grasses). Rabenstein, F.

Zielstellung/Aim:

Getreide- und Gräser-Arten aus der Familie der *Poaceae* können durch eine Vielzahl von Viren infiziert werden. Hierzu gehören Viren, die durch Blattläuse, Zikaden, Milben und Pilze übertragen werden, wobei sowohl in Deutschland als auch in anderen europäischen Ländern ein vermehrtes Auftreten bisher unbekannter Viren zu beobachten ist. Voraussetzung für eine zukünftige Resistenzbewertung von Pflanzenmaterial sind genaue Kenntnisse der vorkommenden Virus-Arten bzw. -stämme. Im Rahmen dieser Arbeiten sind spezifische und empfindliche serologische und molekularbiologische Nachweismethoden zu entwickeln, die eine schnelle Erfassung und Bewertung der Resistenz von Zucht- und Genbank-Material gegen Gramineen infizierende Viren erlauben.

Cereal and grass species of the family *Poaceae* are potentially can become infected by a great number of viruses. On this belong viruses which are transmitted by aphids, leafhoppers, mites and fungi. Recently an increasing number of hitherto unknown viruses is being observed for Germany and several other European countries. Sensitive and specific detection methods are an important requirement

for the evaluation of breeding material and are necessary for the discrimination of virus species and for characterisation of isolates occurring naturally on cereals and grasses. To this aim sensitive detection techniques for viruses infecting cereals and grasses based on serological and molecular biological methods have to be continuously developed which allow a quick compilation and evaluation of resistance in breeding and gene bank material.

#### Ergebnisse:

Die Entwicklung serologischer Nachweismethoden auf der Basis polyklonaler Antisera (PAS) gegen eine Anzahl Getreide- und Gräserarten infizierender Viren wurden fortgesetzt. Insbesondere wurden neue PAS gegen Bymo-, Rymo- und Tritimoviren sowie gegen das Soil-borne cereal mosaic virus (SBRMV) hergestellt.

Das *Agropyron mosaic virus* (AgMV) ist serologisch mit dem ebenfalls durch Gallmilben übertragbaren *Hordeum mosaic virus* (HoMV) verwandt. Während im DAS-ELISA keine Reaktionen zwischen beiden Viren festgestellt wurden, zeigten im Western blot die geprüften Antisera gegen beide Viren eine deutliche Kreuzreaktion. Als Beispiel ist in Abb. 1 die Reaktion einzelner Rymo- bzw. Tritimoviren mit Antiserum AgMV-34 gegen das Isolat AgMV-ASL dargestellt.

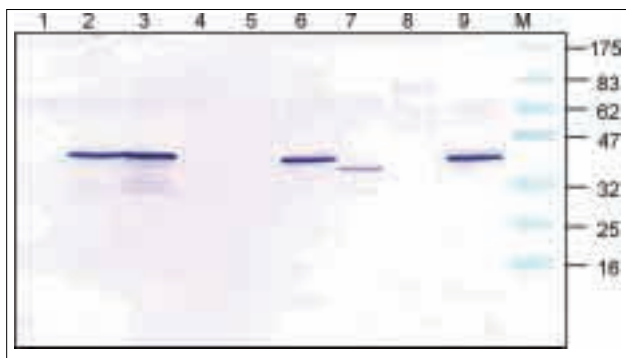


Abb. 1: Western blot – Analyse von Rymo- und Tritimovirus - Isolaten mit Antiserum AgMV-34 gegen *Agropyron mosaic virus* - ASL. Linien: 1 = Gesundkontrolle (Weizen), 2 = AgMV (ATCC PV101), 3 = AgMV (ATCC PV75), 4 = WSMV (ATCC PV57), 5 = RGMV (DK), 6 = AgMV (NL), 7 = HoMV (ATCC PV81), 8 = ONMV (ATCC PV 107), 9 = AgMV (ASL), M = Proteinmarker in Kilodalton (für Abkürzungen der Viren s. Text)

Fig. 1: Lanes: Western blot analysis of rymo- and tritimovirus - isolates by utilizing of antiserum AgMV-34 to *Agropyron mosaic virus* - ASL. 1 = healthy control (wheat), 2 = AgMV (ATCC PV101), 3 = AgMV (ATCC PV75), 4 = WSMV (ATCC PV57), 5 = RGMV (DK), 6 = AgMV (NL), 7 = HoMV (ATCC PV81), 8 = ONMV (ATCC PV 107), 9 = AgMV (ASL), M = protein standards (sizes are indicated on the right in kilodaltons) (for virus abbreviations see text).

Es konnten keine Unterschiede in der Reaktion von 4 Isolaten des AgMV festgestellt werden, deren Molekulargewichte des coat proteins (CP) zwischen 41 und 43 Kilodalton (kDa) lag (Abb. 1). Die AgMV Antisera reagierten nicht mit *Brome streak mosaic virus*, *Ryegrass mosaic virus* (RGMV), *Oat necrotic mottle virus* (ONMV), *Wheat streak mosaic virus* (WSMV) und *Spartina mottle virus*.

Andererseits wurden AgMV, HoMV und RGMV mit dem Potyvirus - gruppenspezifischen Antiserum TuMV-314 im PTA - ELISA und Western blot nachgewiesen, während der Potyvirus - gruppenspezifische monoklonale Antikörper MAb 3H8 nur mit RGMV als Mitglied aus dem Genus *Rymovirus* reagierte. Sequenzvergleiche auf dem Aminosäureniveau der CP von AgMV und HoMV zeigten ca. 73 % Identität untereinander und mehr als 45 % Ähnlichkeit mit Stämmen des *Ryegrass mosaic virus* (RGMV), dem type member des Genus *Rymovirus*.

In Zusammenarbeit mit dem USDA in Lincoln (USA) wurden amerikanische und europäische Isolate des WSMV sowie das ONMV untersucht. Anhand der Wirtskreise auf Hafer, Gerste, der Maisinzuchtlinie SDp2 sowie der Sorghum - Linie KS 56 konnten Unterschiede bei 9 WSMV sowie 2 ONMV Isolaten festgestellt werden. Sowohl im DAS-ELISA als auch im Western blot zeigten die Antisera gegen ein amerikanisches WSMV Isolat bzw. gegen zwei europäische Isolate dieses Virus eine deutliche Kreuzreaktion mit einem neuen Isolat des ONMV aus Wiesenrispe (*Poa pratensis*) (ONMV-Pp) sowie dem type Stamm des ONMV (ATCC PV 107). Anhand phylogenetischer Analysen der CP Cistrons sowie der flankierenden Regionen ließen sich die WSMV Isolate in zwei Hauptgruppen einteilen. Am engsten verwandt waren die Isolate aus den USA und der Türkei, was auf einen gemeinsamen Ursprung hinweist. Obwohl etwas divergenter, weist ein WSMV Isolat aus dem Iran (WSMV-I, GenBank Accession AF454458) ebenfalls auf einen gemeinsamen Vorgänger dieser Gruppe hin. Die zweite Gruppe bilden zwei zentraleuropäische und ein russisches Isolate (WSMV-CZ, WSMV-HU mit der GenBank Accession AF454456, und WSMV-R mit der GenBank Accession AF454459). Die kompletten Genomsequenzen eines tschechischen (WSMV-CZ, GenBank Accession AF454454) und türkischen Isolates (WSMV-TK1, GenBank Accession AF454455) wurden ermittelt.

Das neue Virusisolat ONMV-Pp aus Wiesenrispe hatte den gleichen engen Wirtspflanzenkreis wie der Type Stamm dieses Virus aus Kanada. Die phylogenetischen Analysen der CP Cistrons und flankierenden Genomregionen von ONMV-Type und ONMV-Pp (GenBank Accessions AF454461 und AF454461) ergaben untereinander eine Identität von 99,9 % und zeigten, dass ONMV und WSMV verwandte Virusarten sind, die 74.2 - 76.2 % Nukleotid- und 79.2 - 81.0 % Aminosäure - Identität aufweisen. Somit wurde dem ITCV vorgeschlagen, das ONMV aus dem Genus *Rymovirus* zu entfernen und als definitives Mitglied in den Genus *Tritimovirus* aufzunehmen.

#### Abstract:

New polyclonal antisera to bymo-, rymo, and tritimoviruses as well as to Soil-borne cereal mosaic virus were produced in rabbits and used for investigation of serological relationships.

*Agropyron mosaic virus* (AgMV) is serologically related to the type strain of *Hordeum mosaic virus* (HoMV, ATCC-PV81). In Western blots antisera to AgMV (AgM-NL and AgMV-ASL34) showed a cross-reaction with HoMV. Furthermore the potyvirus group-specific polyclonal antiserum TuMV-314 cross-reacted with AgMV, HoMV and *Ryegrass mosaic virus* (RGMV) while a potyvirus group specific MAb 3H8 reacted only with RGMV. The AgMV antisera did not react in Western blots with *Brome streak mosaic virus*, RGMV, *Oat necrotic mottle virus*, and *Wheat streak mosaic virus* (WSMV). The coat proteins of AgMV and HoMV share 73 % identity and more than 45 % similarity with strains of RGMV, the type member of the genus *Rymovirus*. This and other phylogenetic studies suggests that AgMV and HoMV are clearly definitive members of the genus *Rymovirus*.

North American and Eurasian isolates of WSMV and ONMV were examined in co-operation with USDA in Lincoln (USA). Altogether nine WSMV isolates differentially infected oat, barley, inbred maize line SDp2, and sorghum line KS56. The WSMV isolates clustered into two groups based on phylogenetic analyses of the capsid protein (CP) cistron and flanking regions. Although more divergent, WSMV from Iran also shared a most recent common ancestor with the U. S. and Turkish isolates and formed one group. Another group of WSMV isolates from central Europe and Russia may represent a distinct Eurasian population. The complete genome sequence of WSMV from the Czech Republic (WSMV-CZ) were determined. ONMV-Pp recovered from *Poa pratensis* L. in Germany displayed the same narrow host range as ONMV-Type from Canada. Western blots revealed a heterologous relationship among CPs of WSMV and ONMV. Phylogenetic analyses of the CP cistron and flanking genomic regions indicated that WSMV and ONMV are related species sharing 74.2-76.2% (nucleotide) and 79.2 – 81.0% (amino acid) identity. Thus, ONMV should be removed from the genus *Rymovirus* and designated a definitive member of the genus *Tritimovirus*.

In Zusammenarbeit mit: USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Lincoln, USA, Stenger, D. C. und French, R.; BBA, Inst. f. Pflanzenvirologie, Mikrobiologie u. biologische Sicherheit Braunschweig, Huth, W. (BAZ-2156)

## 2.5 Nachweis virusähnlicher Partikeln in Gerstenkeimpflanzen mit chlorotischen Veränderungen Detection of virus like particles in barley seedlings with chlorotic alterations

Ehrig, F.

#### Zielsetzung/Aim:

Aufklärung der Ursachen von chlorotischen Veränderungen an Gerstenkeimpflanzen

Investigation of the reason of chlorotic alterations of barley seedlings

#### Ergebnisse:

Im Jahre 2000 traten bei der Anzucht von Gerstenkeimpflanzen im Gewächshaus aus frisch geerntetem Saatgut aus dem Freiland erhebliche Probleme auf, indem die Keim- und Wachstumsrate stark reduziert waren und die Mehrzahl der Keimlinge weiß und nicht grün aufblief (Abb. 1). Die sich entwickelnden Primärblätter blieben weiß bzw. zeigten eine grün-weiße Streifung. Eine Vielzahl der Pflanzen starb in der Folgezeit ab. Bei einem Vergleich von Saatgut aus den Ernten 1996 bis 2000 war eine Zunahme dieser Phänomene zu verzeichnen. Um die Ursache für diese Beobachtungen zu finden, wurden bisher die nachfolgend beschriebenen Untersuchungen durchgeführt.

Blätter mit deutlichen chlorotischen Veränderungen wurden als Tauchpräparate elektronenmikroskopisch untersucht. Dabei wurden virusähnliche Partikeln in Form flexibler Stäbchen in sehr geringer Konzentration gefunden (Abb. 2). Ihr mittlerer Durchmesser betrug nach Negativkontrastierung mit Uranylazetat 22 nm. Eine Normallängenbestimmung konnte aufgrund der geringen Partikelkonzentration nicht vorgenommen werden. Um auszuschließen, dass es sich bei den Partikeln um Geißeln endophytischer oder parasitärer Bakterien handelt, wurde das Material mikrobiologisch untersucht. Dazu wurden Körner nach Dekontaminierung unter sterilen Bedingungen zum Keimen gebracht. Der Spross, die Keimwurzel und das Korn wurden ohne Erfolg auf Bakteriengehalt getestet. Eine rasterelektronenmikroskopische Untersuchung gab keinen Hinweis auf eine Pilzinfektion. Bei der Untersuchung von Tauchpräparaten des Sprosses und der Keimwurzel von Pflanzen mit chlorotischen Blattveränderungen wurden in beiden Proben ebenfalls virusähnliche Partikeln in geringer Konzentration gefunden. Zur Erhebung des zytologischen Status wurde Material des grünen und des chlorotischen Bereiches nahe der Übergangsstelle in EPON 812 eingebettet. In den Ultradünnschnitten wurden in den Chloroplasten charakteristische Veränderungen beobachtet. Während Thylakoidstrukturen stark reduziert vorlagen, traten charakteristische tubuläre Strukturen, oftmals in Bündeln, auf (Abb. 3). Offenbar erfolgt hier die Umwandlung der Chloroplasten in tubuläre Chromoplasten. Darüber hinaus wurden im Zytoplasma neben einigen Chloroplasten flexible, virusähnliche Fibrillen beobachtet (Abb. 4). Die übrigen Zellkompartimente waren unauffällig. Andere Einschlusskörper wurden nicht gefunden. Die tubulären Strukturen in den Chloroplasten wurden sowohl im chlorotischen als auch im grünen Blattbereich beob-

achtet. Allerdings war die Zahl der Chloroplasten insgesamt im chlorotischen Bereich sehr stark verringert. Ob die beschriebenen phänotypischen und mikroskopischen Beobachtungen auf eine Virusinfektion zurückzuführen sind, soll in weiteren Untersuchungen geklärt werden.

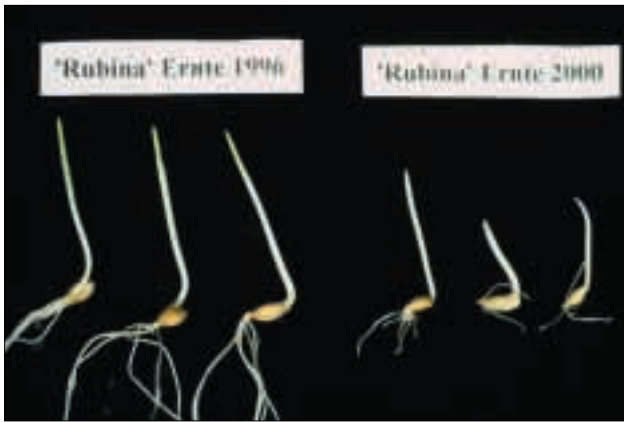


Abb. 1: Gerstenkeimpflanzen gesund (links) und mit Wachstumsdepressionen der Wurzel und des Keimlings sowie mit chlorotischen Veränderungen (rechts)

Fig. 1: Barley seedlings healthy (left) and with reduced growing of roots and seedlings and with chlorotic alterations (right)



Abb. 2: Virusähnliches Partikel aus dem Gerstenprimärblatt mit chlorotischen Veränderungen

Fig. 2: Virus like particle from a barley seedling with chlorotic alterations

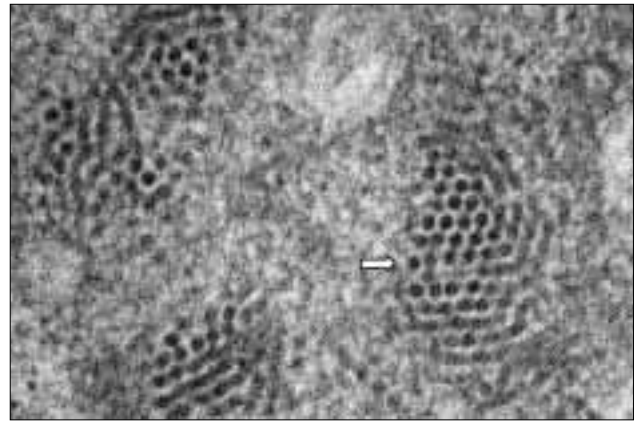


Abb. 3: Tubuläre Strukturen (Pfeil) in Chloroplasten einer Gerstenkeimpflanze mit chlorotischen Veränderungen

Fig. 3: Tubulare structures (arrow) in chloroplasts of a barley seedling with chlorotic alterations

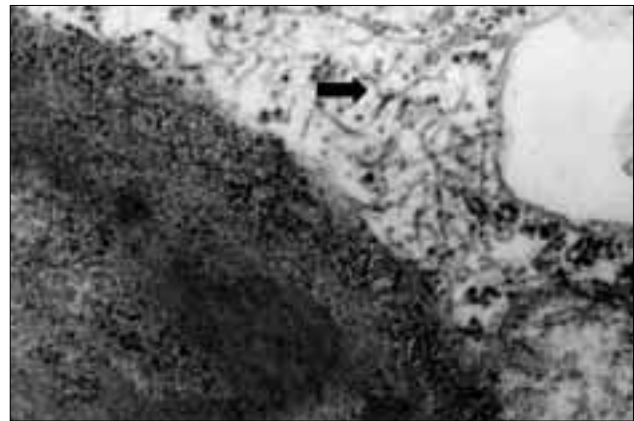


Abb. 4: Virusähnliche Partikeln (Pfeil) im Zytoplasma neben einem Chloroplasten im Blatt einer Gerstenkeimpflanze mit chlorotischen Veränderungen

Fig. 4: Virus like particles (arrow) in the cytoplasm beside a chloroplast in the leaf of a barley seedling with chlorotic alterations

#### Abstract:

During several years we observed considerable problems in cultivation of barley seedlings. The germination rate was extremely low, the seedlings showed chlorotic alterations and died. For explanation of the reason, material was tested for fungal and bacterial infections. The results were negative. Virus like particles could be electron microscopically detected in the plant sap in low concentration. In ultrathin sections characteristic alterations of chloroplasts and bundles of virus like particle were detected. The ultrastructure of the chloroplasts suggests its transformation into tubulare chromoplasts. In further investigations, it should be clarified if the observed alterations of the seedlings are caused by a virus infection.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Habekuß, A.

## 2.6 Untersuchungen zur Virulenz von Isolaten des *Barley mild mosaic virus* (BaMMV)

### Investigations on the virulence of isolates of *Barley mild mosaic virus* (BaMMV)

Kühne, T.

Zielsetzung/Aim:

Es ist zu klären, ob Deletionen in der RNA2 von BaMMV-Isolaten die Virulenz und hierdurch möglicherweise auch die Resistenzprüfung unter kontrollierten Bedingungen beeinflussen können.

It is to investigate whether deletions in the RNA2 of BaMMV isolates have an influence on the virulence and can affect the resistance screening under controlled conditions.

Ergebnisse:

Bedingt durch die sehr ineffiziente Übertragung des BaMMV durch seinen natürlichen Vektor *Polymyxa graminis* im Gewächshaus oder in der Klimakammer werden Gerstenpflanzen im Rahmen der Resistenzprüfung mit dem Virus mechanisch inokuliert. Das hierfür eingesetzte Virusisolat wird gewöhnlich über lange Zeit und ohne Beteiligung des Vektors durch serielle Passage erhalten. Diese Verfahrensweise führt häufig zum Auftreten von Deletionen unterschiedlicher Größe (bis zu 1000 nt) im P2-codierenden Bereich der RNA2. Es sollte daher untersucht werden, ob derartige Veränderungen im Genom, von denen angenommen wird, dass sie die Pilzübertragbarkeit des Virus aufheben, Auswirkungen auf die Virulenz der Isolate haben und damit auch die Ergebnisse der Resistenzprüfung beeinflussen können. Es wurden die in der Abbildung 1 schematisch dargestellten Isolate eingesetzt.

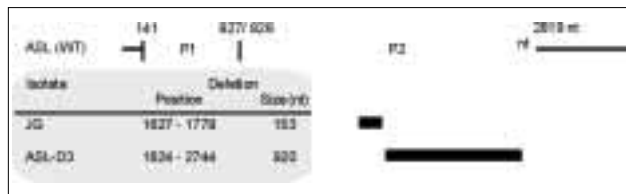


Abb. 1: Schematische Struktur der RNA2 des Wildtyps des BaMMV (Isolat ASL). Der offene Leserahmen enthält die codierenden Bereiche für die beiden Nichtstrukturproteine P1 und P2. Die schwarzen Balken zeigen Größe und Position der deletierten Abschnitte in der RNA2 der nebenstehend aufgeführten Isolate.

Fig. 1: Schematic structure of BaMMV wild type RNA2 (isolate ASL). Open reading frame contains the coding regions for non-structural proteins P1 and P2. Black bars indicate size and position of the deleted fragments for the RNA2 of the isolates in the table.

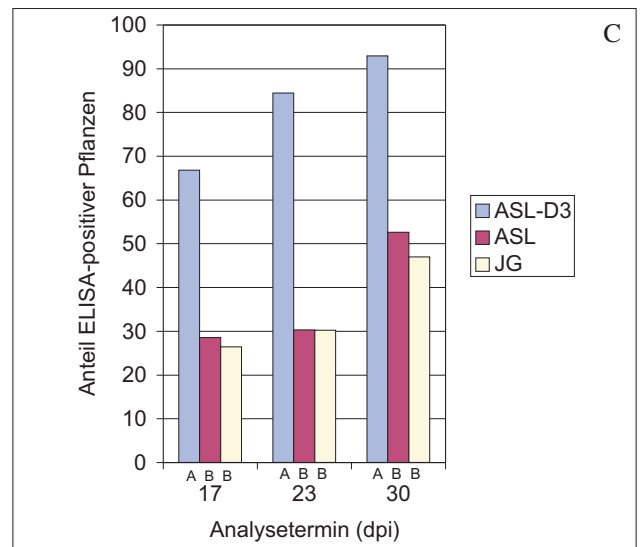
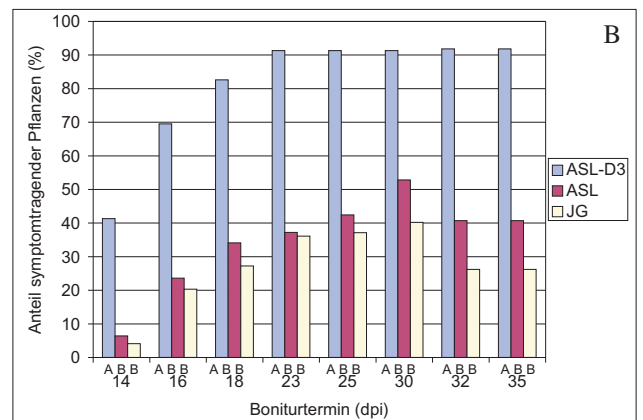
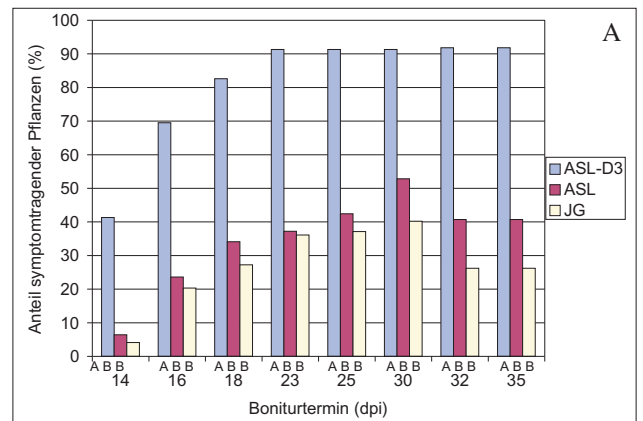


Abb. 2: Varianzanalyse für 2 unabhängige Versuche. A) Anteil symptomtragender Pflanzen zum jeweiligen Termin, B) Anteil ELISA-positiv getesteter Pflanzen, C) Extinktionswerte (relative Viruskonzentration) für infizierte Pflanzen (infiziert:  $E_{405} > 0,1$ ). Unterschiedliche Buchstaben bezeichnen signifikante Unterschiede.

Fig. 2: Variance analysis of 2 independent experiments. A) percentage of symptom bearing plants on every date, B) percentage of plants tested positive in ELISA, C) extinction values (relative virus concentration) of infected plants (infected:  $E_{405} > 0,1$ ). Different letters represent significant differences.

BaMMV-ASL ist undeletiert, die Isolate JG und ASL-D3 haben 153 nt bzw. 920 nt (schwarze Balken) von ihrer RNA2 verloren. In 2 Versuchen wurden jeweils 50 Pflanzen der Gerstensorte 'Maris Otter' im Dreiblattstadium zweimal im Abstand von 5 Tagen (Versuch 1) bzw. einmal (Versuch 2) mit den Isolaten ASL, JG und ASL-D3 inokuliert. Für beide Varianten wurde zu 8 Terminen der Anteil symptomtragender Pflanzen visuell bonitiert, abschließend wurde für jede Pflanze auch der Anteil symptomtragender Bestockungstriebe ermittelt. Die serologische Kontrolle der Einzelpflanzen erfolgte mit dem DAS-ELISA für beide Versuche zu drei Terminen, jeweils als Doppelprobe.

Für die statistische Auswertung wurden beide Versuche zusammengefasst (Abb. 2). Dabei zeigte sich, dass sowohl nach visueller Bonitur (A) als auch nach ELISA-Kontrolle (B) das Isolat ASL-D3 zu allen Prüfterminen eine signifikant höhere Infektionsrate erreichte als die Isolate JG und ASL. Dieser Unterschied offenbarte sich auch, wenn in beiden Versuchen jeweils 28 dpi die Infektionsrate anhand des Anteils symptomtragender Bestockungstriebe ermittelt wurde (Tab. 1).

Exp.	BaMMV-Isolate					
	ASL-D3		JG		ASL	
1	153/168	91 %	48/182	26 %	51/205	25 %
2	153/165	93 %	51/181	28 %	49/208	24 %

Tab. 1: Anteil symptomtragender zur Gesamtzahl der Triebe aller Gerstenpflanzen in den Infektionsversuchen 1 und 2 zum Zeitpunkt 28 dpi.

Table 1: Number of symptom bearing versus total number of shoots of barley plants in the 2 infection experiments 28 dpi.

Bezogen auf die ELISA-Extinktionswerte für die Einzelpflanzen war die Differenzierung zwischen den Isolaten weniger eindeutig. Die mit den Isolaten ASL und JG infizierten Pflanzen hatten ähnliche Viruskonzentrationen wie die Pflanzen mit ASL-D3 (Tab., Abb. 2C). In gleicher Weise wurden 3 Isolate des BaYMV2 getestet (Ergebnisse nicht gezeigt). Auch in diesem Fall erzielte das Isolat mit der großen Deletion in der RNA2 (ca. 800 nt) nach mechanischer Inokulation signifikant höhere Infektionsraten. Die in den Pflanzen erreichte Viruskonzentration war unabhängig vom Isolat wiederum vergleichbar hoch. Die Verwendung sogenannter „Laborisolate“ der Gelbmosaikviren mit großen Deletionen in der RNA2 für die Resistenzprüfung unter kontrollierten Bedingungen ist damit nicht problematisch sondern hilfreich, denn sie garantieren hohe Infektionsraten in anfälligen Gerstengenotypen. Virusvermehrung und -ausbreitung in der Pflanze sind von den Genomveränderungen offensichtlich nicht betroffen.

**Abstract:**

Isolates of BaMMV and BaYMV differing in size of their RNA2 molecules i.e. with no, small or large deletion in the P2 coding region were compared for virulence. To this end barley plants of the susceptible cultivar 'Maris Otter' were

mechanically inoculated and kept in a growth cabinet. Number of infected plants and virus concentration in leaves were determined visually and by ELISA at different times up to 35 dpi. As the results show, isolates lacking a large fragment (appr. 800 nt) achieve significantly higher infection rates than those with no or a small deletion. Movement and multiplication of the isolates in the plants were not affected by the genomic alterations. Consequently, so called „lab isolates“ of these bymoviruses which are usually characterised by large deletions in their RNA2 are favourable for resistance screening under controlled conditions because they guarantee higher infection rates and have no other negative effects.

In Zusammenarbeit mit: BAZ Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G. (BAZ-2164)

**2.7 Entwicklung von Methoden zum Nachweis von Viren in *Polymyxa* species und Untersuchung zum Auftreten von Biotypen des Vektorpilzes**  
**Development of methods for detection of viruses in *Polymyxa* species and investigations on occurrence of biotypes of the fungal vector**

Kastirr, U.; Kühne, T.

**Zielsetzung/Aim:**

Zum Nachweis von Pflanzenviren in den pilzlichen Vektoren der Gattung *Polymyxa* sollen sensitive Methoden erarbeitet werden. Mittels biologischer, serologischer und molekularbiologischer Methoden ist zu prüfen, ob in der Gattung *Polymyxa* Biotypen auftreten, die sich bezüglich ihrer Wirtsspezifität und Virusübertragung unterscheiden.

The objective of the project is to develop sensitive methods for detection of plant viruses in fungal vectors of the genus *Polymyxa*. With the help of biological, serological and molecular biological methods the occurrence of distinguishable biotypes within *Polymyxa* species, which differ in their host specificity and virus transmission ability, is to be analysed.

**Ergebnisse:**

Im Rahmen der Charakterisierung von *Polymyxa* übertragbaren Viren in Weizen und Roggen wurden die genetische Diversität von SBCMV (*Soil-borne cereal mosaic virus*) – Isolate und die biologische Variabilität zwischen *Polymyxa*-Virus-Populationen untersucht.

Ausgehend von den in der Literatur beschriebenen Nukleinsäuresequenzen der RNA 2 verschiedener Isolatetypen des SBCMV wurden spezifische Primer für den C-Typ und G-Typ des Virus ausgewählt, um mittels IC-RT-PCR das Vorkommen dieser Virusisolate zu analysieren. Der Sequenzvergleich zwischen 13 Virusisolaten zeigte, dass innerhalb jedes Virustypes eine relativ hohe genetische Variabilität vorliegt, deren biologische Relevanz jedoch noch unbekannt ist. Es wurden Virusisolate 7 verschiedener Befallsstandorte charakterisiert (Tab.1).

Tab. 1: Identifizierung von SBCMV-Isolaten mittels IC-RT-PCR

Table 1: Identification of SBCMV isolates by IC-RT-PCR

Spezifische Primer für	Amplikon (nt)	Standorte mit den Virustypen	
		C	G
C - und G - Typ	406	Engehausen Glentorf Eickeloh	Niegripp
C - und G - Typ	1280	Schackenthal Dornburg	Schackenthal
C - Typ	570	Niegripp Eickeloh	

Die Ergebnisse dieser Untersuchungen zeigen, dass der C-Typ und der G-Typ des SBCMV am gleichen Standort und in der gleichen Pflanze gleichzeitig auftreten können.

Die Untersuchung zur Effizienz der Virusübertragung an unterschiedlichen Befallsstandorte (Tab. 2) deuten auf biologische Variabilität zwischen den *Polymyxa*-Virus-Populationen hin, die bedingt sein kann durch Unterschiede in der Inokulumdichte, in der Aggressivität der *Polymyxa*-Isolate und in der Virulenz der Virusisolate.

Tab. 2: Vergleich der SBCMV-Übertragung an 25 Roggensorten in infektiöser Erde verschiedener Befallsstandorte

Table 2: Comparison of SBCMV transmission to 25 rye varieties in infested soil from different locations

Befallsstandort	Anzahl infizierter Sorten	% infizierter Pflanzen
Niegripp	9	14
Eilte	22	34
Eickeloh	25	100

Der Einfluss der Inokulumdichte und Aggressivität der *Polymyxa*-Isolate wurde in Modellversuchen mit vergleichbaren Mengen an Wurzelmehl infizierter Pflanzen in Sandkultur (1:100) an verschiedenen Getreidearten getestet (Tab. 3).

Tab. 3: SBCMV – Übertragung durch verschiedene *Polymyxa*-Virus-Populationen

Table 3: SBCMV transmission by different *Polymyxa*-virus-populations

Befallsstandort	% infizierter Pflanzen und ELISA-Extinktion Weizen			% infizierter Pflanzen und ELISA-Extinktion Roggen		
	Virus	E <sub>405</sub>	Vektor	Virus	E <sub>405</sub>	Vektor
Niegripp	0	0	31	10	0,32	93
Eilte	69	2,13	84	34	1,52	97
Eickeloh	70	1,25	100	57	1,20	97

Wie die Ergebnisse der Virusübertragung in infizierter Erde zeigen auch die Resultate dieser Modellversuche biologische Variabilität zwischen *Polymyxa*-Virus-Populationen

in der Effizienz der Virusübertragung. Die Wurzeln von Weizenpflanzen, die mit dem Inokulum des Standortes Niegripp inokuliert wurden, waren zu 31 % durch den pilzlichen Vektor befallen, aber virusfrei. Obwohl 93 % der in diesem Inokulum kultivierten Roggenpflanzen mit *Polymyxa* infiziert wurden, erfolgte nur an 10% der Pflanzen eine Virusübertragung und die Pflanzen wiesen nur geringe Virustiter auf.

Abstract:

The C- and G-types of isolates of SBCMV occur in different regions of Germany. Both types of isolates were detected in the same plant from one location. According to the nucleotide sequence analysis a considerable variability in the frame of one type of isolate exists. Some exchanges lead to alterations of amino acid residues. The extent of SBCMV infection in climate chamber applying soils from different origins varied considerably.

In Zusammenarbeit mit: PSA Hannover, Heinicke, D.; PSA Magdeburg, Gippert, R., Sperling, U.; BBA, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Huth, W.

(BAZ-2145)

## 2.8 Molekulare Analyse von WDV-Isolaten Molecular analysis of WDV isolates

Schubert, J.

Zielsetzung/Aim:

Das *Wheat dwarf monogeminivirus* (WDV) breitet sich durch verfrühte Aussattermine zunehmend in der Wintergerste aus. Da sich diese Situation durch ökonomische Zwänge kaum ändern lässt, sind resistente Sorten zu entwickeln. Für die Resistenzzüchtung ist jedoch ein sicherer Virusnachweis wichtig. Da es Hinweise darauf gab, dass in einigen Fällen die Nachweissensitivität durch ELISA nicht ausreichend war, wurden Untersuchungen begonnen, um diese verbessern zu können.

*Wheat dwarf monogeminivirus* (WDV) is widely spread in winter barley due to early sowing. To perform selection for resistance it is necessary that a sensitive detection method is available. As we got some indications that sensitivity of ELISA was sometimes not sufficient, investigations have been started to improve it.

Ergebnisse:

Die vollständigen Genome verschiedener Deutscher Isolate sollen kloniert werden, um universelle Primer für einen PCR-Nachweis dieses DNA-Virus entwickeln zu können. Bisher wurden jeweils 2 vollständige Genome von 5 verschiedenen Isolaten unterschiedlicher geographischer Herkunft von Gerste sequenziert. Weitere Isolate befinden sich in der Analyse. Mit Ausnahme eines Isolates bereiteten die Klonierungen keine Schwierigkeiten. Bei diesem Isolat ließ sich das C1-Gen nur in Form von verkürzten Fragmenten klonieren.

Die Analyse der einzelnen Genomabschnitte zeigte, dass die größte Variabilität im Bereich der beiden intergeni-

schen Regionen auftritt. Die Sequenzen aller Isolate weisen erhebliche Unterschiede zu denen bisher publizierter auf. Dies ist in Abbildung 1 exemplarisch für das Hüllprotein (CP) dargestellt.

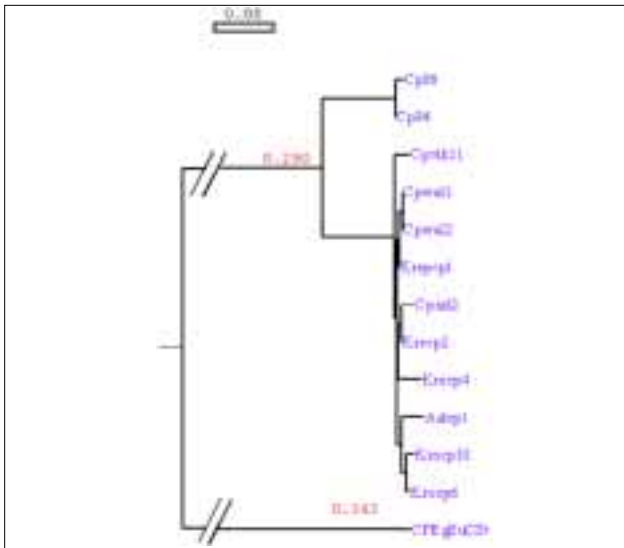


Abb. 1: Phylogenetische Analyse (Bootstrap value 500) der Aminosäuresequenz der Hüllproteine von WDV-Isolaten. CP86 und CP94 – veröffentlichte Sequenzen, CPEgSuCStr – Egyptian sugarcane streak virus als Outgroup, restliche Sequenzen von deutschen Gerste-Isolaten.

Fig. 1: Phylogenetic analysis of amino acid sequences of coat proteins of WDV-isolates (bootstrap value 500). CP86 and CP94 – published sequences, CPEgSuCStr – Egyptian sugarcane streak virus as outgroup, rest – sequences of German isolates.

Die Existenz des postulierten Cx-Gens konnte in keinem Fall bestätigt werden.

Während die Immuno-Capture-PCR nicht in allen Fällen ein positives Ergebnis erbrachte, ließ sich mit gereinigter DNA ein sicherer Nachweis führen. Als gut geeignet für die Reinigung erwies sich ein Silica-Membranen-Verfahren, während ein Guanidin-Isothiocyanat/Phenol-basiertes Verfahren oft keine befriedigenden Ergebnisse erbrachte. Dies ist in Abb. 2 am Beispiel eines Weizenisolates des WDV dargestellt, für welches die PCR-Primer jedoch noch nicht optimiert waren.

**Abstract:**

From 5 different barley isolates of WDV complete sequences of 2 variants each have been obtained so far. Highest variability was found in both intergenic regions. Sequences of the German isolates differed from those published. As an example phylogenetic analysis for the CP-sequences is shown. Existence of a Cx-ORF was not confirmed. Detection of virus by PCR with purified DNA was possible. IC-PCR failed sometimes.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Habekuß, A. (BAZ-2163)

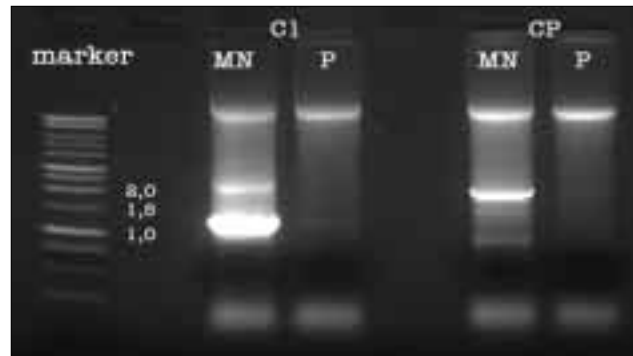


Abb. 2: Nachweis der DNA eines Weizen-Isolates des WDV mittels PCR. C1 – Region des C1-Gens, CP – Region des CP-Gens, einschließlich Transportprotein-Gen. MN – Extraktion mit Silica-Membranen, P – Extraktion mit Guanidin-Isothiocyanat/Phenol.

Fig. 2: Detection of DNA of a wheat isolate of WDV by PCR. C1 – region of C1-gene, CP – region of CP-gene, including transport protein gene. MN – extraction of DNA with a silica-membrane technology, P – extraction with a guanidin-isothiocyanate/phenol-method.

**2.9 Herstellung von Expressionsklonen des BaYDV  
Construction of expression clones of BaYDV**

Fomitcheva, W.V.\*, Schubert, J.

**Zielsetzung/Aim:**

Das *Barley yellow dwarf luteovirus* (BaYDV) gehört zu einer der wichtigsten Gruppen von Schadviren im Getreideanbau. Es befällt so bedeutende Kulturarten wie Weizen, Gerste, Hafer und gelegentlich auch Mais und Reis. Das Genom besteht aus einer Einzelstrang-RNA mit sechs offenen Leserahmen (Genen). Die einzelnen Genprodukte werden über verschiedene Translationsmechanismen realisiert. Um die Funktion der einzelnen Gene besser verstehen zu können, sollen einige von ihnen in *E. coli* exprimiert und die rekombinanten Proteine zur Gewinnung von Antikörpern genutzt werden. Mit Hilfe dieser Antikörper werden weiterführende Untersuchungen möglich.

Barley yellow dwarf virus (BaYDV) belongs to one of the economically most important groups of plant viruses, causing substantial yield losses in important cereal crops as wheat, barley, oats, occasionally also rice and maize. BaYDV has a single stranded genomic RNA and six genes from the genome are expressed using different translational mechanisms. For better understanding of their function some of them will be expressed in *E. coli* and the recombinant proteins will be used for production of antibodies. By means of these antibodies further investigations will be possible.

**Ergebnisse:**

In der ersten Etappe sollen Antikörper gegen drei verschiedene Genprodukte gewonnen werden: das Hüllpro-



tein (CP), die putative Protease (ORF1a) und die RNA-abhängige RNA-Polymerase (ORF1b). Die Klonierung der Gene erfolgte durch PCR mit spezifischen Primern ausgehend von charakterisierten cDNAs des Virus, die zuvor durch IC-RT-PCR von den Isolaten ASL-1 bzw. Canada gewonnen worden waren (Abb. 1). Die Sequenzierung der Genomabschnitte hatte keine wesentlichen Unterschiede zwischen der Sequenz dieser Isolate und publizierter ergeben. Im weiteren wurde daher nur mit dem Isolat ASL-1 weiter gearbeitet.

Die reamplifizierten Genomabschnitte wurden in die Expressionsvektoren pThioHis (pTHB) bzw. pET30A (PET) kloniert. Diese Vektoren enthalten Gene für Fusionsproteine, so dass eine chromatographische Reinigung der rekombinanten Proteine möglich wird. Ihre Massen betragen entsprechend 14 kDa bzw. 7 kDa. Die Expressionsklone wurden in *E. coli* BL21SI transformiert. Die Analyse der Expression, die mit 1 mM IPTG induziert worden war, erfolgte in 1%igen Acrylamid-Gelen mit anschließendem Western-Blot.

Für die in pTHB klonierten Gene CP und ORF1a konnte eine Expression nachgewiesen werden. Die Expressionsprodukte wiesen im Western-Blot die erwarteten Größen von 36 bzw. 54 kDa auf (Abb. 2). Die CP-spezifische Bande reagierte erwartungsgemäß auch mit einem polyklonalen Antiserum gegen das native BaYDV (Abb. 3).

Die Expression des ORF1b resultierte sowohl in pTHB als auch PET nur in einem verkürzten Protein (Abb. 4). Seine relative Masse betrug 26 kDa. Nachfolgende Analysen ergaben, dass eine Mutation aufgetreten war, die für den frühzeitigen Abbruch verantwortlich ist. Somit ist eine Neuklonierung erforderlich.

Die Expressionsprodukte wurden über IMAC gereinigt und sollen für die Gewinnung von Antiseren eingesetzt werden.

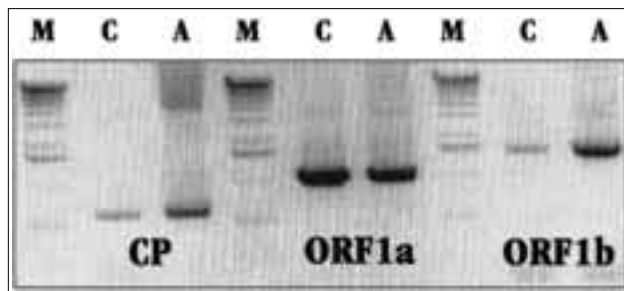


Abb. 1: Agarose-Gelelektrophorese der IC-RT-PCR-Produkte verschiedener Gene des BaYDV. M – Marker, C – Isolat Canada, A – Isolat ASL-1.

Fig 1: Agarose gel electrophoresis of IC-RT-PCR products of different BaYDV genes. M- marker, C – isolate Canada, A – isolate ASL-1.

Abb. 2: Western-Blot-Analyse nicht gereinigter, induzierter bakterieller Extrakte. 1 – PTHB-ORF1a, 2 – PTHB-CP, 3 – PTHB als Kontrolle, M – Marker, Trx – Thioredoxin. Getestet mit Thioredoxin-spezifischem Antikörper. Induktion mit 0,5 mM IPTG für 12 h bei 37 °C.

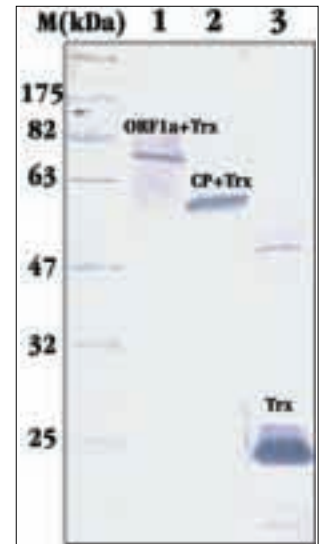


Fig. 2: Western blot analysis of crude induced bacterial extracts. 1 – PTHB-ORF1a, 2 – PTHB-CP, 3 – PTHB as control, M – protein molecular size marker. Induced with 0,5 mM IPTG for 12 h at 37 °C.

Abb. 3: Western-Blot-Analyse eines nicht gereinigten, induzierten bakteriellen Extraktes. Expression des CP in PTHB, getestet mit BaYDV-IgG. M – Marker, Trx – Thioredoxin.

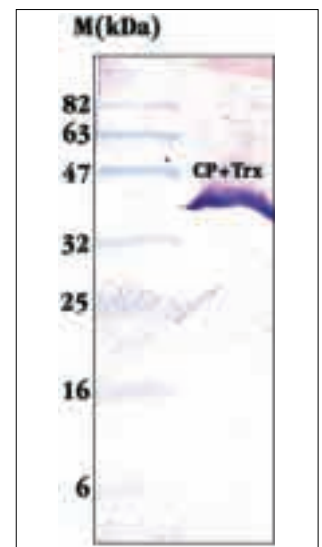


Fig. 3: Western blot analysis of crude induced bacterial extract. Expression of CP in PTHB-CP probed with IgG-BYDV. M – marker, Trx – Thioredoxin.



# Institut für Epidemiologie und Resistenz

## Institute of Epidemiology and Resistance

### Aschersleben

Die Forschungsziele des Institutes ergeben sich aus den Aufgaben und Schwerpunkten des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft. Sie leiten sich teilweise auch aus den Kooperationsbeziehungen mit den kulturartenspezifischen Instituten der BAZ ab. Es werden die Zusammensetzung und das Verhalten von Populationen ausgewählter Schaderreger untersucht, die für die Züchtungsforschung bedeutsam sind, sowie die genetischen Ressourcen der Pflanzen auf Resistenz gegenüber diesen Schaderregern evaluiert. Damit werden Grundlagen für die Züchtung resistenter Kulturpflanzensorten geschaffen, die eine wesentliche Voraussetzung für den integrierten Pflanzenschutz darstellen, um mögliche Gefahren für den Naturhaushalt und den Verbraucher abzuwenden und eine nachhaltige Pflanzenproduktion zu gewährleisten.

Im Einzelnen widmet sich das Institut folgenden Forschungsschwerpunkten:

#### Epidemiologie

- Erfassung von Erregerpopulationen und Analyse ihrer Virulenz bzw. Aggressivität,
- Untersuchung der Populationsdynamik und Epidemiologie von Schaderregern zur Charakterisierung der Wechselwirkungen zwischen den Pathogenen und Pflanzen mit neu identifizierten Resistenzgenen,
- Sammlung und Erhaltung von Schaderregern (Viren, Bakterien, Pilze und Aphiden) sowie ihrer Stämme und Isolate, insbesondere von derartigen mit definierten Virulenzen für die Resistenzevaluierung und -züchtung (siehe auch: <http://www.dainet.de/genres/mgrdeu>).

#### Resistenzressourcen

- Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen zur Selektion von Genotypen mit verbesserter Resistenz gegenüber wirtschaftlich wichtigen Schaderregern,
- Charakterisierung der Genetik der Resistenz im selektierten Pflanzenmaterial,
- Entwicklung und Optimierung von Evaluierungsmethoden und Resistenztests.

Die Projekte der Arbeitsgruppen „Viren und tierische Schädlinge“, „Pilze“ sowie „Molekulare Markeranalyse“ konzentrieren sich vorrangig auf die Gerste und teilweise den Weizen. Schwerpunktkulturen der Arbeitsgruppe „Bakterien“ sind Obst, Gemüse und Zierpflanzen.

Im Rahmen des EU-Projektes „Evaluation and Conservation of Barley Genetic Resources to Improve Their Accessibility to Breeders in Europe (GENRES, CT98-104)“, an dem gegenwärtig 28 Partner beteiligt sind sowie weitere assoziierte Partner mitarbeiten, wurde die Evaluierung der Internationalen Barley Core Collection (BCC) mit standardisierten Evaluierungsmethoden weitergeführt. Das Institut ist in diesem Projekt der Unterkoordinator für biotischen Stress, während die Gesamtkoordination durch das IPK Gatersleben erfolgt. Im Rahmen des Projektes werden in Aschersleben Evaluierungen im Feld und Gewächshaus auf Resistenz gegen Zwergrost (*Puccinia hordei*), Netzflecken (*Pyrenophora teres*), Barley yellow dwarf virus (BYDV), den Barley yellow mosaic virus-Komplex (BaYMV, BaMMV) sowie Getreideaphiden (*Rhopalosiphum padi*, *Sitobion avenae*, *Metopolophium dirhodum*, *R. maidis*) durchgeführt.



Abb. 1: Geflügelte Haferblattlaus (*Rhopalosiphum padi*)  
Fig. 1: Alate oat aphid (*Rhopalosiphum padi*)

Mit der Beteiligung am EU-Projekt „Exploitation of Aphid Monitoring in Europe-EXAMINE“ trägt das Institut bei, eine möglichst vollständige Datenbank über Blattlausfänge für Europa zu erstellen. Die geflügelten Aphiden wurden hierzu mittels Saugfallen vom Rothamsted-Typ gefangen. Es werden alle seit 1985 für Aschersleben vorliegenden Fangdaten in die Datenbank eingegeben und somit allen Interessierten über das Internet verfügbar gemacht. Im Rahmen der Klimawirkungsforschung werden weiterhin Beziehungen zwischen langjährigen Blattlaussauggfallenfängen sowie Veränderungen des Klimas, der Luftbelastung und der Landschaftsnutzung untersucht.

Mit Jahresbeginn 2001 wurde das Ressortforschungsprojekt „Entwicklung eines Nationalen Evaluierungsprogramms pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide (EVA II)“ gestartet, welches durch die BAZ koordiniert wird. Ziel ist es, die Nachhaltigkeit und genetische Diversität der modernen Landwirtschaft mittels Verbreitung von Resistenzen aus pflanzengenetischen Ressourcen in die Resistenzzüchtung zu fördern. In einem gemeinsamen Netzwerk evaluieren mehr als 20 private Pflanzenzüchter und öffentliche Forschungsinstitute Gerste und Weizen nach einheitlichen Methoden. Zuchtmaterial, ausländische Sorten und Genbankherkünfte - nach Resistenzhinweisen ausgewählt - werden in mehrortigen Feldversuchen auf Resistenz gegenüber den wichtigsten phytopathogenen Pilzen und Viren untersucht. Am Informationszentrum Genetische Ressourcen (IGR) der ZADI wird ein dynamisches Informationssystem für das Netzwerk entwickelt, über das die gewonnenen Daten zunächst nur den Beteiligten des Projektes zugänglich und nach einer Karenzzeit frei nutzbar sind.

In den Freilandprüfungen zur Toleranz gegenüber dem Gerstengelbverzweigungsvirus-Komplex (BYDV) wiesen 5 der geprüften 174 Wintergersten aus der Genbank Gatersleben ein mit 'Post' vergleichbares Toleranzniveau auf. 21 Nachkommenschaften aus verschiedenen Kreuzungen bestätigten ihre gute Beurteilung hinsichtlich Virustoleranz aus dem vergangenen Jahr. Von den 50 untersuchten Winterweizen zeigten 3 nur eine schwache Symptomausprägung. Außerdem wurde umfangreiches, z.T. bereits vorselektiertes Material mit künstlicher BYDV-PAV Inokulation in Gازهäusern anhand der Symptomausprägung und von Ertragsmerkmalen, wie Tausendkornmasse, Kornertrag / Pflanze und Ährenzahl / Pflanze, bewertet. Es wurden 27 Wintergersten- und 13 Sommergerstenherkünfte mit der höchsten BYDV-Toleranz selektiert. Zur Absicherung der BYDV-Prüfergebnisse aus dem Jahr 2000 wurden außerdem 86 DH-Linien einer Kreuzungskombination von Wintergersten mit unterschiedlicher genetischer Grundlage für Virustoleranz in gleicher Weise charakterisiert. Gegenwärtig werden diese Daten in QTL-Analysen unter Verwendung molekularer Marker ausgewertet.

Mit Hilfe molekularer Marker wird die genetische Diversität von natürlichen Populationen der Haferblattlaus (*Rhopalosiphum padi*) untersucht. Außerdem soll ermittelt werden, ob Beziehungen zwischen den genetischen Unterschieden, der Aphidenentwicklung und der Übertragungseffektivität des BYDV bestehen. - Beim Vergleich der genotypischen Variabilität von *R. padi*-Klonen, welche aus Individuen etabliert wurden, die von insgesamt 24 verschiedenen Standorten in Deutschland, europäischen Ländern und Neuseeland stammten, ließen sich durch die Kombination mit 3 ausge-



Abb. 2: Markeranalyse zur Identifizierung von Resistenzloci  
Fig. 2: Marker analyses for the identification of resistance loci

wählten RAPD-Primern alle Klone voneinander differenzieren, was auf eine hohe genotypische Diversität in den Blattlauspopulationen schließen lässt. Es konnten keine Beziehungen zwischen Genotypen und geographischer Herkunft festgestellt werden.

Die durch klassisch genetische und molekularbiologische Arbeiten selektierten Gerstengentypen mit komplexer Resistenz gegenüber den

Gerstengelbmosaikviren, die nicht auf dem Resistenzgen *rym5* beruht, wurden zur Klärung der Identität der Gene weiter untersucht. Dafür erfolgten umfangreiche Rückkreuzungen mit bekannten Resistenzträgern. Mit Hilfe molekularer Markertechniken, wie Mikrosatelliten- und AFLP-Analysen, wurde versucht, Marker zu finden, die mit den Resistenzloci gekoppelt sind sowie die an den Resistenzen beteiligten „neuen“ Gene zu kartieren. Eines dieser Resistenzgene, das in dem Gerstengenotyp HHOR 4224 vorhanden ist, konnte in einer spaltenden DH-Linien-Nachkommenschaft unter Verwendung von Mikrosatellitenmarkern charakterisiert werden.

Für das Bundessortenamt wurden 172 Winterweizen-, 26 Sommerweizen-, 36 Wintertriticale-, 4 Sommertriticale-, 7 Winterspelzweizen- und 4 Hartweizen-Genotypen auf Resistenz gegen *Puccinia triticina*, den Erreger des Braunrostes, geprüft. Beim Winterweizen hatten 31 % der zugelassenen Sorten im Feld eine Befallsnote besser als 5, bei den Zuchtstämmen beträgt dieser Anteil jedoch 70 %. Beim Sommerweizen lagen nur 5 Genotypen, darunter 3 Sorten, in diesem Boniturbereich. Die meisten der Wintertriticale-Genotypen waren im Feld völlig resistent, während beim Sommertriticale die geprüften Nummern mäßig bis stark befallen waren. Beim Hartweizen findet sich Resistenz in allen Genotypen, eine der Sorten war völlig befallsfrei. Demgegenüber besitzt der Spelzweizen keine oder nur mäßig wirksame Resistenzgene. - Ebenso wurden für das Bundessortenamt 147 Wintergersten- und 78 Sommergerstensorten / -linien auf Resistenz gegen *P. hordei* geprüft. Das Resistenzniveau aller getesteten Muster war besser als das des anfälligen Standards 'Vogelsanger Gold' (Boniturnote 5). Bei 43 Sorten / Linien war es besser als bei 'Alpaca' (Boniturnote 3 = Sortenmittel). 7 Zuchtstämme wurden mit der Boniturnote 1 bewertet.

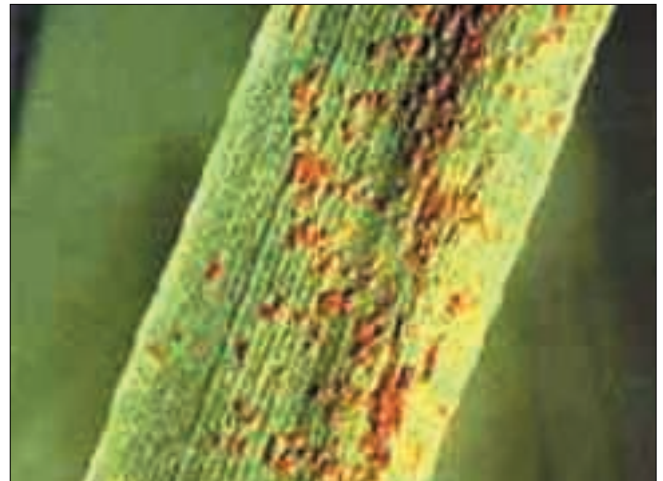


Abb. 3: Pusteln des Weizenbraunrostes (*Puccinia triticina*)  
Fig. 3: Pustules of the wheat leaf rust (*Puccinia triticina*)

Als Fortführung des EU-Projektes „Airborne Pathogens on Cereals (COST 817)“ wurden in einem Ringtest die Wirt / Pathogen-Kombinationen Gerste / Zwergrost und Gerste / Netzfleckenkrankheit untersucht. Für 93 Gerstenlinien wurde der Resistenztyp (rassenspezifisch, partiell) bestimmt und

außerdem ein Sämlingstest mit 6 definierten Isolaten von *P. hordei* durchgeführt, um zu ermitteln, welche *Rph*-Gene noch wirksam sind.



Abb. 4: Apfelmischlinge mit unterschiedlicher Anfälligkeit gegenüber Spinnmilben

Fig. 4: Breeding lines of apple with different susceptibility to spider mites

Die Evaluierung der Feuerbrandresistenz von Zuchtmaterial des Apfels aus dem Institut für Obstbau bzw. Obstzüchtung Dresden-Pillnitz wird seit 1972 in Aschersleben vorgenommen. Durch diese Zusammenarbeit konnten folgende Apfelsorten aus Pillnitz als feuerbrandresistent beurteilt werden: 'Realka', 'Reanda', 'Regine', 'Remo', 'Rene', 'Resi' und 'Rewena'. Die Resistenz erwies sich über Jahre als stabil, da die Sorten auch durch wiederholte Inokulation mit neuen hochvirulenten Stämmen von *Erwinia amylovora* nicht anfällig reagierten. - Außerdem wurden im Zuchtmaterial des Apfels

aus Pillnitz zwei aussichtsreiche Klone ermittelt, die von Aphiden (*Aphis pomi*) sowie Spinnmilben (*Tetranychus urticae* und *Panonychus ulmi*) schwächer befallen werden als die anfälligen Standards.

Im Rahmen einer bilateralen Zusammenarbeit mit dem Institut für Genetik in Sofia wurde die in den Vorjahren erarbeitete Methode zur Induktion einer Resistenz in Tomate gegen *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (Cmm) auf Versuchsfeldern des bulgarischen Instituts von 1998 bis 2001 hinsichtlich der Wirkung bei hohem natürlichen Erregerdruck erprobt. Auch unter diesen Bedingungen war die Resistenz nach Präinokulation von Jungpflanzen mit dem natürlichen avirulenten Cmm-Stamm NCPP 3123 bzw. nach Applikation seiner isolierten Schleimhülle (EPS) gegen eine Folgeinokulation mit hoch virulenten Erregerisolaten bis zum Ende der Vegetationsperiode so hochgradig ausgebildet, dass in den Optimalvarianten gleiche Erträge zu verzeichnen waren wie bei unbehandelten Kontrollpflanzen. Nicht resistenzinduzierte Tomaten waren 4 Wochen nach Inokulation mit virulenten Cmm Isolaten größtenteils abgestorben.

Die weiteren Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen-System *Brassica* / *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* ergaben, dass selektierte Linien von *B. oleracea* bzw. Wildarten auch gegen neu gewonnene hochvirulente Erreger-Isolate bzw. Rassen (u.a. auch aus Japan, Rußland und S-Afrika) hochgradig resistent waren. Dies traf auch für die am meisten verbreiteten Rassen 1 und 4 zu.

Durch Weiterführung der Resistenzanalysen beim Wirt / Pathogen-System *Pelargonium* / *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonium* (Xhp) konnte unter Zonale-Hybriden ein Genotyp gefunden werden, der auch bei sehr hoher Erregerbelastung keine Welkesymptome ausbildete. Detaillierte Untersuchungen zur Erregerausbreitung ergaben, dass diese Hybride Z 958 eine relativ starke Vermehrung der Xhp im Gefäßsystem toleriert.

The main research aims of the Institute of Epidemiology and Resistance are determined by the strategic direction of the Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture. Some emphasis is also placed on cooperation among institutes of the BAZ connected with specific crops. Studies are carried out too on the establishment and behaviour of particular pathogens and pests that are important for breeding research. Accessions obtained from gene banks are evaluated for their resistance to these pathogens and pests. These activities provide a basis for breeding resistant crop varieties, which are an essential prerequisite for integrated crop protection, sustainable agricultural production and prevention of adverse effects on the environment and consumer.

Individual research priorities are as follows:

#### Epidemiology

- Registration of pathogen populations and analysis of their virulence or aggressiveness,
- Studies of the population dynamics and epidemiology of the pathogens and pests for characterizing host-pathogen relationships involving new resistance genes,
- Collection and maintenance of isolates of pathogens and pests (viruses, bacteria, fungi and aphids), especially of those with well-defined virulences, for evaluation and resistance breeding (see also: <http://www.dainet.de/genres/mgrdeu>).

#### Resistance resources

- Evaluation of plant genetic resources for selecting genotypes with increased resistance to important pathogens,
- Determining the genetics of resistance in selected plant material,
- Development and optimisation of evaluation methods and resistance tests.

Projects undertaken by the following research groups „Viruses and Invertebrate Pests“, „Fungi“ and „Molecular Marker Analysis“ are focused mainly on barley, and to a lesser extent wheat. The „Bacterial“ research group concentrates its efforts on fruit trees, vegetables and ornamentals.

The EU-Project „Evaluation and Conservation of Barley Genetic Resources to Improve Their Accessibility to Breeders in Europe (GENRES, CT98-104)“ comprises 28 participants and cooperative partners. In this project the International Barley Core Collection (BCC) was evaluated further using standard methods. The institute coordinates the evaluation of biotic stress, while the overall coordination is carried out by IPK Gatersleben. At Aschersleben field and glasshouse assessments are carried out for resistance to leaf rust (*Puccinia hordei*), net blotch (*Pyrenophora teres*), *Barley yellow dwarf virus* (BYDV), the *Barley yellow mosaic virus*-complex (BaYMV, BaMMV) and the cereal aphids (*Rhopalosiphum padi*, *Sitobion avenae*, *Metopolophium dirhodum* and *R. maidis*).

The institute participates in the EU-Project „Exploitation of Aphid Monitoring in Europe – EXAMINE“ and is contributing to the establishment of a European database. There are now almost complete data on aphid flights in Europe using ‘Rothamsted-type’ suction traps. All observations from Aschersleben since 1985 were entered into a database, which is publicly available on the World Wide Web. Relationships between the flight activity of aphids, climatic changes, atmospheric pollution and land use are also studied.

The project „Establishment of a National Program for the Evaluation of Plant Genetic Resources of Cereals (EVA II)“ commenced in early 2001 and is coordinated by BAZ. The goal is to promote the sustainability and genetic diversity of modern agriculture by transferring resistances from PGR into resistance breeding programs. A network of more than 20 private German plant breeders and research institutes jointly evaluates barley and wheat. Selected breeding material, foreign varieties, and gene bank accessions, are screened in multi-site field trials for resistance to the most important fungal and viral pathogens. A dynamic information system for the network is being developed by the German Centre for Documentation and Information in Agriculture (ZADI / IGR). Results will be distributed first to the project partners and later will become freely accessible.

In field tests of 174 winter barleys from the Gatersleben Collection, five were similar to ‘Post’ in their tolerance to *Barley yellow dwarf virus* complex (BYDV). Twenty one progenies from different cross combinations that were tolerant in 2000 were also tolerant this season. Out of 50 winter wheat genotypes screened, three showed only weak virus symptoms. Apart from these field tests, some genotypes were inoculated with BYDV-PAV in gauze houses and symptom expression was related to yield parameters such as thousand kernel weight, yield / plant and number of ears / plant. Twenty-seven winter barley and 13 spring barley genotypes with high levels of BYDV tolerance were identified. Eighty-six doubled haploids (DH) derived from a cross between winter barleys with BYDV tolerance from different genetic sources were characterised using similar methods to verify the results from 2000. These data are being analysed for QTLs with molecular markers.

Naturally occurring *Rhopalosiphum padi*-populations are being studied by molecular markers to determine the genetic diversity among these populations and whether any differences correlate with aphid development and efficiency of BYDV transmission. High genotypic variability of *R. padi*-clones, which originated from 24 different locations in Europe (including Germany) and New Zealand was detected by a combination of three RAPD-primers. There was no relation between genotype and geographical origin.

Investigations are continuing into identifying resistance loci in winter barleys with complex resistance to the *Barley yellow mosaic virus* complex different from the *rym5* gene. To achieve this aim,

extensive back crosses were made with barley genotypes of known resistance. Molecular techniques such as SSR and AFLP were used to identify markers linked to the resistance loci and to map these putative „new“ loci. One of these loci was mapped with microsatellites from a segregating DH progeny derived from a cross with the resistant parent HHOR 4224.

Disease screening of 249 cereal genotypes was carried out for the Federal Office of Plant Varieties (Bundessortenamt). These genotypes comprise 172 winter wheats, 26 spring wheats, 36 winter triticales, four spring triticales, seven winter spelt wheats and four durum wheats. They were all tested for resistance to *Puccinia triticina*, the causative agent of leaf rust. Only 31 % of the licensed cultivars had a score better than 5 in field tests compared with 70 % of breeders' lines with similar levels of resistance but still undergoing trialling. Only five spring wheat genotypes, three of which are cultivars, were highly resistant and one of them was immune. Most genotypes of winter triticales were completely resistant in the field, but spring triticales and breeders' lines were moderately to heavily infected. All durum wheat genotypes were highly resistant and one of them was immune. In spelt wheat, however, no effective resistance genes were detected. - The resistance of 147 winter barley and 78 spring barley cultivars / lines to *P. hordei* was also investigated for the Federal Office of Plant Varieties. All genotypes were less susceptible than the standard 'Vogelsanger Gold' (score 5) and 43 cultivars / lines were more resistant than 'Alpaca' (score 3 = mean value of the cultivars). Seven breeding lines had a score of 1.

As a continuation of the EU-Project „Airborne Pathogens of Cereals (COST 817)“ a ringtest was carried out for barley leaf rust and net blotch. A set of 93 barley lines was tested for the presence of race-specific or partial resistance. This research was complemented by a seedling test with six defined isolates of *P. hordei* to determine which *Rph*-genes are still effective.

Apple breeding material from the Institute of Fruit Production (since 1992 renamed Fruit Breeding Dresden-Pillnitz) has been evaluated for fire blight resistance at Aschersleben since 1972; the cultivars 'Realka', 'Reanda', 'Regine', 'Remo', 'Rene', 'Resi' and 'Rewena' were selected as resistant. The resistance was stable in spite of multiple inoculations of new highly virulent isolates of *Erwinia amylovora*. - Two apple breeding lines from Pillnitz were less attacked by aphids (*Aphis pomi*) and spider mites (*Tetranychus urticae* and *Panonychus ulmi*) than the standard cultivars.

In cooperation with the Institute of Genetics in Sofia a method for inducing resistance in tomatoes to *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (Cmm) has been developed. This method was tested in the field from 1998 to 2001 at the Bulgarian institute under high natural infection of the pathogen. A pre-inoculation with the avirulent Cmm strain NCPP 3123 or application of its extracellular polysaccharides (EPS) in young tomato plants before planting out induced systemic, persistent and high resistance throughout the growing season. There were no yield differences between these variants and the untreated control. Plants that were not pre-inoculated generally died four weeks after inoculating with highly virulent Cmm isolates.

Investigations of resistance in *Brassica* to *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* showed that selected lines of *B. oleracea* derived from wild species were highly resistant to the widely occurring races 1 and 4 and to new isolates including those from Japan, Russia, and South-Africa. Continued analyses of resistance in *Pelargonium* to *Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii* (Xhp) at Zonale-Hybrids confirmed that one genotype (Z 958) showed no symptoms under conditions of high inoculum. Exhaustive investigations of the multiplication and distribution of the pathogen after inoculation showed that this hybrid is extremely tolerant to Xhp.



# 1. Viren und tierische Schädlinge Viruses and invertebrate pests

## 1.1. Bewertung der Gerste hinsichtlich Resistenz gegen pilzübertragbare Viren und Toleranz gegen blattlausübertragbare Viren sowie Bereitstellung von Ausgangsmaterial mit verbesserter Resistenz Evaluation of barley for resistance to fungi-transmitted viruses and tolerance to aphid-transmitted viruses as well as generation of basic material with improved resistance

Habekuß, A.; Proeseler, G.; Krämer, I.

### Zielsetzung/Aim:

Selektion von Gerstenherkünften, insbesondere aus dem Gaterslebener Wintergerstensortiment, mit Resistenz gegen BaMMV, BaYMV-1 und -2 sowie Toleranz gegen verschiedene Viren des BYD in Gewächshaus-, Klimakammer- und Feldversuchen. Untersuchung der resistenten Gerstenakzessionen hinsichtlich des Vorhandenseins bekannter (*rym4*, *rym5* und *Ryd2*) und neuer Resistenz- bzw. Toleranzgene durch klassisch-genetische Studien sowie unter Verwendung eng gekoppelter molekularer Marker.

Selection of barley, especially of accessions of the Gatersleben winter barley collection, with resistance to BaMMV, BaYMV-1 and -2 and tolerance to different strains of BYDV in growth chambers and in the field. Investigations of the selected virus resistant / tolerant barley for the presence of the resistance genes *rym4*, *rym5* and *Ryd2* by classic-genetical studies and by using of closely linked molecular markers.

### Ergebnisse:

Die Evaluierungsarbeiten von Wintergerste auf Virusresistenz bzw. -toleranz wurden kontinuierlich fortgesetzt. In diesem Jahr wurden u.a. 321 Herkünfte auf einer mit *Barley mild mosaic virus* und *Barley yellow mosaic virus 1* kontaminierten Fläche geprüft. Dabei erwiesen sich 109 Gersten als kombiniert resistent. Diese werden in der aktuellen Testung auf Dreifachresistenz untersucht. Die Analysen zur Genetik von dreifachresistenten Gersten, deren Resistenz vermutlich nicht auf dem *rym5* Gen beruht, wurden für zwei DH-Linienpopulationen und eine F<sub>3</sub>-Nachkommenschaft weitergeführt.

Außerdem wurden 170 ausgewählte, z.T. bereits im Vorjahr als tolerant vorselektierte Gersten mit künstlicher BYDV-PAV Inokulation im Gazezelt anhand der Symptomausprägung und von Ertragsmerkmalen, wie Tausendkornmasse, Kornertrag / Pflanze und Ährenzahl / Pflanze untersucht.

Die 27 Herkünfte mit einem Toleranzniveau gleich oder besser dem Standard 'Post' wurden für die Wiederholungsprüfung 2001/2002 selektiert. Die Abbildung 1 zeigt die Testergebnisse für die Symptombewertung, ausgedrückt als Toleranzgrad.

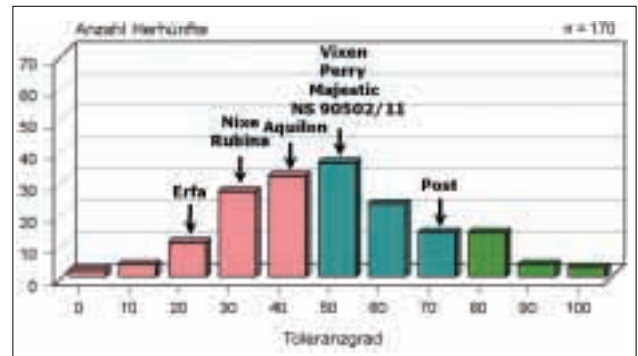


Abb. 1: Toleranz von Wintergerste nach künstlicher BYDV-Inokulation 2000/2001

Fig. 1: Tolerance of winter barley to artificial BYDV-inoculation in 2000/2001

Als Grundlage für molekulare Markeranalysen zur BYDV-Toleranz wurde mit gleicher Prüfmethode eine 86 DH-Linien umfassende Nachkommenschaft charakterisiert.

Kreuzungen und DH-Linien für weitere resistenzgenetische Untersuchungen wurden hergestellt bzw. vermehrt.

### Abstract:

The evaluation of winter barley for virus resistance or tolerance and the molecular marker analyses were systematically continued. Twenty-seven accessions out of 170 tested showed a quite similar or better tolerance level in comparison to the standard variety 'Post'

In Zusammenarbeit mit: Inst. f. Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, Genbank, A. Graner, Crop & Food Research, Christchurch, New Zealand, R. Pickering (BAZ-2301, BAZ-2335)

## 1.2. Entwicklung eines Nationalen Evaluierungsprogramms pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide (EVA II)

### Establishment of a National Program for the Evaluation of Plant Genetic Resources of Cereals (EVA II)

Riemer, H.; Schliephake, E.

### Zielsetzung/Aim:

Ein nationales Kooperationsnetzwerk zur Evaluierung von pflanzengenetischen Ressourcen für Getreide soll die Verbreitung neuer Resistenzen und damit die Nachhaltigkeit der Resistenzzüchtung fördern. Die Anwendung und Weiterentwicklung einheitlicher Methoden verbessert die sekundäre Evaluierung; ein dynamisches Informationsnetzwerk dient der Erfassung, Auswertung und Bereitstellung der Evaluierungsdaten. Das zunächst als dreijähriges Pilotprojekt für Gerste und Weizen gestartete Vorhaben soll unbefristet fortgesetzt werden.

A national network for the evaluation of PGR of cereals shall support the spreading of new resistances and thus

sustainability of resistance breeding. Secondary evaluation will be enhanced through use and advancement of consistent evaluation methods; a dynamic information system facilitates an effective acquisition, examination, and provision of the network's evaluation data. The long time pursue of this three year pilot project is intended.

Ergebnisse:

Mehrortig evaluieren über 20 private Getreidezuchtunternehmen und Forschungs-institute, auch der BAZ, jeweils einjährig die Resistenz gegen die wichtigsten pilzlichen Schaderreger im Getreide sowie Resistenz gegen Viren. Die Evaluierungssortimente für Gerste und Weizen (Winter- und Sommerformen) werden aus Genbankmaterial zugelassenen ausländischen Sorten, Prebreeding- und Zuchtmaterial der Beteiligten jährlich aufgrund markanter Resistenzeigenschaften zusammengestellt.

In der Vegetationsperiode 2001 wurde ein Winterweizen- (156 Akzessionen) und ein Sommergerstensortiment (79 Akzessionen) an 17 bzw. 11 Standorten bonitiert. 2002 werden Sortimente der Winter- und Sommerform von Gerste und Weizen mit jeweils rund 100 Akzessionen evaluiert. Die Evaluierungsmethoden zur Bewertung horizontaler sowie partieller Resistenzen werden im Projekt standardisiert, um einheitlich auswertbar und für verschiedene Getreidekrankheiten anwendbar zu sein. Mittels resistenter und anfälliger Standards werden die Befallsbedingungen der einzelnen Prüforte beschrieben. Die vorkommenden Virulenzen der einzelnen Pathogene werden im Labor durch Differenzialsortimente mit definierten Resistenzgenen charakterisiert.

Von der Genbank der BAZ in Braunschweig wird das Saatgut für die mehrortige Evaluierung vermehrt. Aus der Sommervermehrung 2001 wurden 125 Gersten- und 20 Weizenherkünfte beerntet. In der Wintervermehrung 2001/02 stehen aktuell 29 Weizen und 37 Gersten im Feld sowie Herkünfte mit besonders geringer Saatgutmenge in Töpfen unter Glas.

Nachdem im ersten abgeschlossenen Anbau von Sommergerste und Winterweizen Informationen über das Resistenzverhalten der Herkünfte vorliegen, werden PCR-Markeruntersuchungen sämtlicher Akzessionen durchgeführt. Das dynamische Informationssystem zur effektiven und schnellen Erfassung sowie zur Bereitstellung der Daten wird am Informationszentrum Genetische Ressourcen (IGR, Bonn) der ZADI erarbeitet. Datenbankstrukturen wurden entwickelt und unter ORACLE realisiert. Hierfür wurden Strukturen des öffentlichen Systems für Evaluierungsdaten „EVA I“ überarbeitet. Ein Online-Prototyp mit Daten des ersten Jahres steht den Projektpartnern zur Verfügung; nach einer Sperrfrist von drei Jahren sind die Informationen jeweils öffentlich zugänglich. Im ersten Projektjahr hat die ZADI vorrangig die vertraglichen Kooperationsbedingungen für das Netzwerk erarbeitet.

Abstract:

More than 20 private German plant breeders and research institutes evaluate cereals for resistance to most important fungal and viral pathogens in multi-site one year field tri-

als. The tested material is chosen according to promising former disease evaluations. Yearly, sets of barley and wheat, each winter and spring type, are formed that consist of gene bank material, foreign varieties, prebreeding material, and breeding material of the involved partners. Evaluation methods to rate vertical and horizontal resistance are refined and standardised for summarised analyses and to be applicable to several cereal diseases. Resistant and susceptible standards are included in the trials to characterise infestation conditions. Pathogen virulences of the different locations will be described following laboratory examinations with differential sets.

In 2001, a winter wheat set (156 accessions) and a spring barley set (79 accessions) were screened on 17 respectively 11 sites. The BAZ Genebank (Braunschweig) multiplied accessions for future evaluation. PCR-marker investigations of all accessions started. An online prototype of the dynamic information system makes results of the first year available to the project partners.

(BAZ 2308)

## 2. Bakterien Bacteria

### 2.1. Virulenzanalyse und Selektion von Genotypen des Obstes mit Resistenz gegen Bakterien Analysis of virulence and selection of fruit genotypes with resistance to bacteria

Richter, K.; Fischer, C.

Zielsetzung/Aim:

Obstsorten mit dauerhafter Resistenz gegen *Erwinia amylovora* sollen selektiert werden. Jährlich sind Isolate von *E. amylovora* aus verschiedenen Regionen zu sammeln und hinsichtlich ihrer Virulenz zu untersuchen. Ein Gemisch mehrerer hoch virulenter Isolate wird zur Resistenzbewertung eingesetzt. Nach Triebinfektion im Gewächshaus sind resistente Formen zu selektieren. Die Blütenanfälligkeit von Obstgehölzen wird im Freiland getestet.

Fruit cultivars with resistance to fire blight (*Erwinia amylovora*) will be selected. Every year isolates of *E. amylovora* from different regions have to be collected and tested for their virulence. A mixture of some strains will be used for the resistance evaluation. After shoot infection in the glasshouse resistant plants will be selected. The blossom susceptibility will be tested in the field.

Ergebnisse:

In der Virulenzanalyse wurden 60 *Erwinia amylovora*-Isolate im Vergleich zu den drei im vorangegangenen Jahr zur Resistenzevaluierung eingesetzten Stämme getestet. Da die deutschen Isolate *Malus robusta* Nr. 5 in den vorherigen Untersuchungen nicht befielen, wurde dieser Klon 2001 durch die Sorte 'Idared' ersetzt. In die Analyse konnten auch 13 Isolate aus der Schweiz einbezogen werden, wo sich der Feuerbrand auf dem Vormarsch befindet. Überraschenderweise war nur einer dieser Stämme hoch

virulent. Die anderen reagierten nur mittel bis schwach. Für das Inokulumgemisch zur Resistenzprüfung des Zuchtmaterials, der Wildformen und von transgenen Apfelgehölzen wurden zwei Isolate aus Baden-Württemberg (Quitte und Apfel) sowie der hochvirulente Stamm aus der Schweiz (Quitte) ausgewählt. Dem Institut für biologischen Pflanzenschutz der BBA, der Landesanstalt für Pflanzenschutz Stuttgart und der Landesanstalt für Pflanzenbau und Pflanzenschutz in Mainz sind für die Bekämpfungsversuche drei hochvirulente Erregerstämme aus Baden-Württemberg zur Verfügung gestellt worden.

Mit dem eingesetzten Inokulum wurde in der anfälligen Kontrollvariante 'Idared' ein Befall von 70 % erreicht. Die Wildformen *Malus floribunda*, *M. fusca*, *M. hupehensis* und *M. sieboldii* erwiesen sich als sehr widerstandsfähig gegenüber *E. amylovora*. Auch die Sorten 'Realka', 'Rebella', 'Regia', 'Regine', 'Remo', 'Resi', 'Rewena' und 'Liberty' bestätigten ihre Feuerbrandresistenz. Insgesamt sind in diesem Jahr 126 Zuchtstämme und Sorten getestet worden.

#### Abstract:

The virulence of 60 new *Erwinia amylovora* isolates was tested in comparison to 3 strains used for resistance evaluations in the last year. The most virulent isolates we got from Baden-Württemberg and Bavaria. Strains from Switzerland could be involved in the virulence test in 2001. Only one isolate was high virulent in relation to those from South Germany. The virulence of the others was only moderate. Two isolates from Baden-Württemberg (isolated from *Cydonia* and *Malus*) and the high virulent strain from Switzerland (*Cydonia*) were selected for the inoculum mixture. The wild species *Malus floribunda*, *M. fusca*, *M. hupehensis* and *M. sieboldii* were high resistant to fire blight. In spite of high virulence of the used *E. amylovora* strains the cultivars 'Realka', 'Rebella', 'Regia', 'Regine', 'Remo', 'Resi', 'Rewena' und 'Liberty' confirmed their high fire blight resistance too. 126 advanced selections, wild species and cultivars were tested in 2001. (BAZ-2323)

## **2.2. Resistenzinduktion gegen *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* nach Präinokulation junger Tomatenpflanzen unter Feldbedingungen in Bulgarien**

**Induction of resistance to *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* by preinoculation of young tomato plants under field conditions in Bulgaria**  
Griesbach, E., \*Sotirova, V.

#### Zielsetzung/Aim:

In früheren Gewächshaus-Untersuchungen konnte nach Präinokulation junger Tomatenpflanzen mit dem natürlichen avirulenten Stamm NCPP 3123 von *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (Cmm) oder dessen extracellulären Polysacchariden (EPS) Resistenz gegen Folgeinokulationen mit aggressiven Isolatens des Erregers induziert werden. Von 1998 bis 2001 wurde in Bulgarien

geprüft, ob dieses Phänomen auch unter hohem Erregerdruck im Feld wirksam wird.

In previous greenhouse investigations we could observed that young tomato plants pre-inoculated with the natural avirulent strain NCPP 3123 of *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (Cmm) or its extracellular polysaccharides (EPS) showed resistance to bacterial wilt and canker. From 1998 to 2001 these results were examined under optimal conditions for Cmm in Bulgarian tomato fields where the pathogen has a wide natural distribution.

#### Ergebnisse:

Im Hinblick auf unterschiedliche Gepflogenheiten im Partnerinstitut und eigenen Labor bei der Auswahl von Agarmedien zur Erregerhaltung und -vermehrung wurde vor Beginn der Felduntersuchungen in Bulgarien geprüft, ob durch Einsatz unterschiedlicher Nährstoffquellen die resistenzinduzierende Wirkung des avirulenten Cmm NCPP 3123 beeinflusst wird. Die vergleichenden Untersuchungen an Tomatenjungpflanzen im Gewächshaus zeigten, dass der Schutzeffekt sowohl des avirulenten Stammes als auch seiner isolierten Schleimhülle (EPS) deutlich davon abhängig ist. Allerdings erwies sich der in Bulgarien eingesetzte Kartoffel-Dextrose-Agar als ebenso gut geeignet wie der bei uns verwendete Hefe-Dextrose-Ca-Agar bzw. das entsprechende Flüssigmedium. Deutlich reduziert war der Wirkungsgrad nach Anzucht des NCPP 3123 auf Tryptic-Soja-Agar bzw. in dem Komplexflüssigmedium 5b.

Für die Untersuchungen in Bulgarien wurden die beiden bulgarischen Tomatensorten 'Ideal' und 'Trapezitsa' verwendet. Sowohl Prä- als auch die Folgeinokulation mit einem hochvirulenten Cmm-Isolat aus dem Sofioter Institut erfolgten im Gewächshaus 10 bis 14 Tage vor dem Auspflanzen ins Freiland. Der Wirkungsgrad wird durch mehrere Faktoren beeinflusst. Im Hinblick auf eine mögliche Nutzung dieses Verfahrens in Ländern mit starkem natürlichen Erregerdruck wurden Prä- und Folgeinokulation stets mit gleich hohen Erregerdichten ( $5 \times 10^8$  Zellen / ml) durchgeführt. Variiert wurden die Zeitspanne zwischen beiden, die Prä-Inokulationsmethoden und die Art der Präparation des Elicitors NCPP 3123.

Zur Ermittlung des erforderlichen Zeitintervalls zwischen Prä- und Folgeinokulation unter den in Bulgarien vorherrschenden Bedingungen wurden die in vorangegangenen Arbeiten festgestellten optimalen Abstände von 7 und 14 Tagen vergleichend geprüft. Während der mehrjährigen Untersuchungen bei unterschiedlichen Witterungsbedingungen erwiesen sich Jungpflanzen 2 Wochen nach Präinokulation als so hochgradig resistent gegen Folgeinokulationen mit hochvirulentem Cmm, dass in dieser Variante in jedem Untersuchungsjahr gleiche Erträge erzielt wurden wie bei den nicht infizierten Kontrollpflanzen.

Da Cmm-Zellen nur über Wunden in ihre Wirtspflanze eindringen können, erfolgten Prä- und Folgeinokulation mit Hilfe von Injektionskanülen über die jeweils oberste, voll entwickelte Blattachsel der Jungpflanze. Mit dem Ziel, die Präinokulation im Hinblick auf eine mögliche Anwendung im Tomatenanbau einfacher zu gestalten,

wurde die Effektivität verschiedener Schnitt-, Stich- und Injektionsmethoden über Wurzeln, Blätter und Stengel vergleichend geprüft. Dabei zeigte sich, dass ein Ein- oder Durchstechen des Stengels ebenso wirksam ist wie die Blattachselinjektion. Auch eine Applikation des NCPP 3123 über frische Ausgeizwunden schränkt die sekundäre Ausbreitung des Erregers im Tomatenbestand sehr stark ein. Da es bisher nicht gelungen ist, den avirulenten Stamm in ausreichender Menge in Samen zu bringen, kann über die Möglichkeit einer Resistenzinduktion in Tomatenpflanzen über kontaminiertes Saatgut keine Aussage gemacht werden.

Um das avirulente Isolat in größerer Menge zur Verfügung zu stellen und über einen längeren Zeitraum lagern zu können, ohne dass seine Wirkung vermindert wird, wurden verschiedene Präparationen wie Lyophilisierung lebender und hitzegetöteter Zellen bzw. seiner isolierten Schleimhülle (EPS) vergleichend geprüft. Nach Präinokulation bzw. Applikation der verschiedenen Präparate über Blattachsen von Jungpflanzen und Folgeinokulation des hochvirulenten Cmm 2 Wochen später zeigte sich, dass lyophilisierte lebende Zellen bzw. die EPS des NCPP 3123 gleich hohen Wirkungsgrad haben wie eine frische Suspension zwei bis drei Tage alter Zellen.

Da in Tomatenanbaugebieten durch die Bakterielle Welke Ertragsverluste bis zu 80 % verzeichnet werden und bisher keine Möglichkeiten zur direkten Bekämpfung dieser weit verbreiteten, gefürchteten Krankheit zur Verfügung stehen, zeigen die vorliegenden Ergebnisse eine Chance, in Jungpflanzen systemische, persistente Resistenz zu induzieren. Speziell die EPS des NCPP 3123 scheint besonders geeignet zu sein für eine Präparateentwicklung zur biologischen Bekämpfung dieser Bakteriose in betroffenen Anbaugebieten.

Abstract:

The results indicate that the pre-inoculation of the natural avirulent Cmm strain NCPP 3123 or application of its EPS in young tomato plants before planting out induced systemic, persistent, and extreme resistance to highly virulent Cmm isolates also under a very strong pressure of infection in Bulgarian fields. The best protection was detectable when young plants were pre-inoculated respectively the EPS was injected in the axil of the topmost full developed leaf or into the stem 14 days before the challenge inoculation with virulent Cmm strains. No differences in yield could be observed between these variants and untreated control plants. Degree of efficiency of the avirulent strain is dependent on its culture medium.

Especially the EPS of NCPP 3123 could be suitable for the development of an elicitor preparation. The handling of numerous young plants would cause additional work and costs but growers in afflicted regions would have saved yields using this method of biological control.

In Zusammenarbeit mit: \*Institute of Genetics, BAS, Sofia, Bulgarien, V. Sotirova; Institut für Pharmazie, Friedrich-Schiller-Universität Jena, M. Ramm.  
(Bilaterale Zusammenarbeit)

### 3. Pilze Fungi

#### 3.1. Charakterisierung der Resistenz von Weizen und Triticale gegen *Puccinia triticina* im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes **Characterization of the resistance of wheat and triticale to *Puccinia triticina* within the scope of the evaluation procedure of the Federal Office of Plant Varieties**

Lind, V.

Zielsetzung/Aim:

Untersuchung der Resistenz der Sorten und Zuchtstämme von Winter- und Sommerweizen, Winter- und Sommertriticale, Hartweizen und Spelzweizen im Gewächshaus- und Feldversuch mit definierten Isolaten bzw. Isolatagemischen von *P. triticina*. Identifizierung von Resistenzgenen und Resistenztypen (Keimlings- und Altersresistenz).

Studies of the resistance of cultivars and breeding strains of winter and spring wheat, winter and spring triticale, durum wheat and spelt wheat in greenhouse and field trials using defined isolates and a mixture of virulent isolates of *P. triticina*, respectively. Identification of resistance genes and resistance types (seedling and adult plant resistance).

Ergebnisse:

Die Untersuchungen an Keimpflanzen wurden in einer Klimakammer mit Hilfe von 6 definierten Isolaten in 2 Wiederholungen bei kontrollierten Bedingungen (20 °C, 90 % rel. Luftfeuchte, 16 Stunden Licht) vorgenommen. Nach 8 Tagen wurde am 1. Blatt der Infektionstyp auf einer Skala von 0 bis 4 bonitiert, wobei 0-2 als resistent und 2-4 als anfällig gelten. Die differentielle Reaktion der Genotypen gegenüber verschiedenen Isolaten ermöglicht eine Identifizierung von Resistenzgenen.

Die Feldprüfung wurde als randomisierte Blockanlage mit 4 Wiederholungen angelegt. Im Feld erfolgte der Befall von Infektionsstreifen aus, die mit einem Gemisch aus virulenten Isolaten inokuliert wurden. Es wurden 5 Bonituren vorgenommen, bei denen als Befallskriterium der prozentuale Anteil der befallenen Blattfläche in der Parzelle geschätzt wurde. Mit den Daten lässt sich eine Befallsverlaufskurve darstellen. Die Fläche unter der Kurve stellt ein quantitatives Maß für die Befallsstärke eines Genotyps dar. Mit der SAS-Anwendung RESI werden die Prozentwerte statistisch verrechnet und in Boniturnwerte der Skala 1 bis 9 umgewandelt.

Aus den Ergebnissen des Klimakammer- und Feldtestes können Rückschlüsse auf den Resistenztyp gezogen werden. Als altersresistent werden Genotypen bezeichnet, die im Feld partielle Resistenz (Bonitur 1-4) zeigen. Besonders hervorgehoben werden altersresistente Genotypen, wenn sie keine differentielle Reaktion gegenüber Isolaten zeigen und von allen einheitlich befallen werden. Eine Aussage über die genetische Grundlage der Altersresistenz wird

nicht getroffen. Andere Genotypen erweisen sich sowohl im Jugendstadium als auch im Alter als voll resistent. In diesen Fällen wurde auf Grund von Erfahrungen eine monogenische Resistenz angenommen. Die meisten Genotypen reagierten aber eindeutig verschiedenartig mit den Differentialisolaten und besaßen auch im Feld unterschiedliche Befallsstärken. Bei ihnen konnte häufig eine monogenische, spezifische Resistenz nachgewiesen werden.

#### Winterweizen

Insgesamt wurden 80 Sorten und 92 Stämme geprüft. Nur die Resistenzgene *Lr3* und *Lr26* konnten identifiziert werden. 13 % aller Genotypen besaßen eines dieser Gene, die jedoch im Feld weitgehend unwirksam sind. Als altersresistent wurden die Sorten 'Aristos', 'Batis', 'Cardos', 'Clever', 'Darwin', 'Estica', 'Renan', 'Ritmo', 'Romanus', 'Semper', 'Transit' und 25 Stämme bezeichnet. Sie werden als Keimpflanzen von allen Isolaten befallen, haben im Feld jedoch Bonituren von 1 bis 4, außerdem besitzen sie lange Latenzzeiten. Monogenisch bedingte hohe Jugend- und Altersresistenz, die aber genetisch noch untersucht werden muss, tritt neben 'Biscay' auch bei 14 weiteren Stämmen auf. Bei 30 Genotypen mit einer Boniturnote von 2 bis 4 konnten weder im Keimpflanzen- noch im Feldtest Aussagen über die genetische Grundlage ihrer Resistenz vorgenommen werden. In 98 Genotypen (42 %) wurde keine Resistenz festgestellt. Damit besitzen 70 % der geprüften Weizensorten oder -stämme mit Bonituren von 5 bis 9 einen unzureichenden genetischen Schutz gegen Braunrost.

#### Wintertriticale

Die meisten der insgesamt 36 Triticalesorten bzw. -stämme waren sowohl als Keimpflanzen als auch als adulte Pflanzen völlig resistent. Abweichend verhalten sich die Genotypen 'Angus', 'Lupus', 'Piano' und ein Stamm. Sie zeigen im Jugendstadium eine unterschiedliche Reaktion mit den Isolaten, im Feld sind sie jedoch mittel resistent (Bonituren 3-4). Zwei weitere Stämme reagieren in der Klimakammer unterschiedlich, sind aber im Feld als altersresistent einzustufen (Bonitur 1). Nur 2 Genotypen, darunter auch die Sorte 'Trimaran', werden von allen Isolaten befallen und zeigen dazu auch einen Befall im Feld, der mit der Bonitur 4 bewertet wurde. Bei keinem Triticale-Genotyp konnte ein bekanntes Resistenzgen nachgewiesen werden.

#### Winterspelzweizen

In der Wertprüfung befanden sich 6 Sorten und 1 neuer Stamm. Sie erwiesen sich im Gewächshaus aber auch im Feld als hoch anfällig. Es ist deshalb anzunehmen, dass der Spelzweizen keine oder nur mäßig wirksame Resistenzgene enthält.

#### Sommerweizen

Von den 17 Sommerweizensorten und den 9 -stämmen zeigte nur 1 Stamm Resistenz im Keimpflanzenstadium und im Feld. Die Sorten 'Lavett' und 'Piccolo' waren zwar im Gewächshaus resistent gegenüber allen Isolaten, im

Feld besaßen sie jedoch nur eine mäßige Resistenz (Bonituren 4-5). Die Sorte 'Star' und 1 Stamm waren im Keimlingstest anfällig gegen die meisten Isolate, sie waren aber im Feld wenig befallen (Bonituren 2-3) und hatten somit Altersresistenz. Die restlichen 21 Genotypen reagierten je nach Isolat verschieden und waren im adulten Stadium mäßig bis stark befallen. Insgesamt gelten somit im deutschen Sommerweizensortiment 88 % der Genotypen als mittel bis stark anfällig. Bei keinem Genotyp konnte eines der bekannten Resistenzgene nachgewiesen werden.

#### Sommertriticale

Die 2 Sorten und 2 Stämme reagierten mit den Isolaten sehr unterschiedlich und waren im Feld mäßig bis stark befallen (Bonituren 4-6).

#### Hartweizen

Geprüft wurden 1 Winterhartweizen-Stamm und 3 Sommerhartweizen-Sorten. Die Winterform zeigte eine mittlere Altersresistenz (Bonitur 3). Bei den Sommerformen waren von 'Megadur' sowohl die jungen als auch die alten Pflanzen befallsfrei. Bei 'Durafit' und 'Durabon' konnte mit den Isolaten ein differenzierter Befall festgestellt werden, im adulten Stadium waren beide Sorten jedoch nur wenig befallen (Bonitur 3).

#### Abstract:

Altogether 172 genotypes of winter wheat, 36 of winter triticale, 7 of winter spelt wheat, 26 of spring wheat, 4 of spring triticale and 4 of durum wheat were tested for their resistance to *P. triticina*. The test in the seedling stage was performed with 6 defined isolates to study differential host / pathogen interactions and to identify resistance genes. The field test provided information about the resistance reaction at adult stages and the disease progress.

In winter wheat 87 genotypes were characterized by high to medium resistance in the field, 25 of them were officially released cultivars and 62 were breeding strains not yet released. In most genotypes the genetic base of resistance is not known. Resistance occurred in few spring wheat genotypes. Only 3 cultivars and 2 strains had a score better than medium.

Almost all cultivars and strains of winter triticale were completely resistant both at the seedling and adult stage. In spring triticale, however, the four genotypes tested had a medium to low resistance.

Spelt wheat proved to be susceptible in the greenhouse and in the field. In durum wheat 3 genotypes showed only a medium disease attack and 1 cultivar was completely resistant.

In Zusammenarbeit mit: E. Gultiaeva St. Petersburg (bis zum 31.08.01 im Institut für Epidemiologie und Resistenz); BBA Braunschweig, G. Bartels; Bundessortenamt Hannover (BAZ-2303)

### 3.2. Charakterisierung der Resistenz im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes für die Wirt / Pathogenkombination Winter- und Sommergerste / *Puccinia hordei*

**Determination of resistance in the examination of assortments carried out for the Bundessortenamt (Federal Office of Plant Varieties) for the host / pathogen combination winter and spring barley / *Puccinia hordei***

Kopahnke, D.

Zielstellung/Aim:

Charakterisierung von Sorten und Zuchtmaterial auf vertikale und partielle Resistenz gegen *Puccinia hordei* (Winter- und Sommergerste) im Rahmen der Prüfungen zur Sortenzulassung; Aussagen zu Resistenzgenen und zum -typ (Keimpflanzen-, 'adult-plant'- und quantitative Resistenz), Erfassung von epidemiologisch bedeutsamen Sortenmerkmalen.

Characterization of cultivars and breeding material for resistance to *Puccinia hordei* (winter and spring barley) in connection to the cultivar registration; determination of resistance genes and resistance types (seedling resistance, adult plant resistance, quantitative resistance), evaluation of epidemiological characteristics of cultivars.

Ergebnisse:

Die Bestimmung der vertikalen Resistenz erfolgte durch Keimpflanzenprüfung mit definierten Erregerisolaten (6 Isolate) unter kontrollierten Umweltbedingungen (20 °C, 16 Stunden Licht) in Klimakammern.

Die Feldprüfungen wurden als voll randomisierte Blockanlage in 4 Wiederholungen bei künstlicher Infektion mit einem hochvirulenten Isolat (virulent für alle bekannten Resistenzgene außer *Rph7*, *Rph2+5*, HOR 1132-sel.) durchgeführt. Ermittelt wurden eine Boniturnote aus der Fläche unter der Befallsverlaufskurve (AUDPC) und die Latenzperiode (Tage später befallen als der anfällige Standard). Die Verrechnung erfolgte mit dem Programm 'RESI'. Als Vergleiche dienten Sorten mit einem gut definierten Resistenzniveau (Sommergerste) bzw. das Sortimentsmittel und ein anfälliger Standard (Wintergerste).

Auf Resistenz gegen Zwergrost (*P. hordei*) wurden 147 Winter- und 78 Sommergersten untersucht.

Der Gerstenzwergrost entwickelte sich auf der Winter- sowie auf der Sommergerste sehr spät, so dass die Abreife der Gerste relativ schnell einsetzte und nur 3 Bonituren zuließ. Die Befallsbonitur wurde in diesem Jahr durch ein starkes Auftreten physiologischer Blattflecken erheblich erschwert.

#### Wintergerste

In der Mehrzahl der Wintergersten wurde keine wirksame vertikale Resistenz gefunden. Folgende Resistenzgene wurden bestimmt:

- ***Rph1***: 'Allegra', 'Alpaca', 'Arkona', 'Astrid', 'Catinia', 'Georgia', 'Julia', 'Quantis', 'Rocca', 'Theresa' und 3 Stämme
- ***Rph2***: 'Alissa', 'Angela', 'Angora', 'Aviron', 'Cabrio', 'Camera', 'Carola', 'Cleopatra', 'Cordoba', 'Cornelia',

'Duet', 'Gamelan', 'Geo', 'Goldmine', 'Hanna', 'Isolde', 'Jura', 'Labea', 'Millie', 'Nikel', 'Regina', 'Sarah', 'Svenja', 'Tafeno', 'Tiffany', 'Tessy', 'Uschi', 'Vanessa', 'Leonie' und 52 Stämme

- ***Rph1* + *Rph2***: 'Candessa', 'Franziska', 'Opal', 'Tilia' und 4 Stämme

- ***Rph12***: 1 Stamm

Diese Gene sind für die meisten zur Zeit nachgewiesenen Pathogenisolate nicht effektiv. Im Feldversuch wurde die Boniturnote aus der AUDPC von 3 Bonituren vom 06.06.-29.06.01 errechnet. Das Sortimentsmittel lag bei der Note 3 (entspricht der Sorte 'Alpaca'). Die Resistenz von 9 Sorten sowie von 34 Stämmen war signifikant besser als das Sortimentsmittel.

#### Sommergerste

Für die Sommergerstensorten bzw. -stämme wurden mittels Keimpflanzenprüfung folgende Resistenzgene bestimmt:

- ***Rph1***: 'Viskosa' und 1 Stamm
- ***Rph3***: 'Neruda', 'Prolog' und 6 Stämme
- ***Rph12***: 'Alexis', 'Brenda', 'Chantal', 'Krona', 'Madera', 'Madonna', 'Maresi', 'Pasadena', 'Pewter', 'Prestige', 'Ria', 'Saloon', 'Thuringia' und 13 Stämme
- ***Rph3+ Rph12***: 'Barke', 'Birte', 'Havanna', 'Madras', 'Meltan', 'Scarlett' und 6 Stämme
- ***Rph7?***: 'Hanka', 'Jacinta'

Diese vertikalen Gene mit Ausnahme von *Rph7* werden von allen Isolaten überwunden. Die Sorten 'Hanka' und 'Jacinta' haben eine in der Keimpflanze gegen alle Isolate vollwirksame Resistenz, zeigten aber im Feld bei Beginn der Reife kleine Pusteln. Es ist bekannt, dass das Gen *Rph7* temperaturlabil ist, und es zur Pustelbildung auf den Pflanzen kommen kann. Es konnte in der Pathogenpopulation jedoch keine Virulenz für dieses Gen nachgewiesen werden. Für 'Hanka' kann aufgrund ihrer Abstammung *Rph7* angenommen werden.

Das Niveau der quantitativen Resistenz ist in der Sommergerste relativ hoch, alle Sorten und Stämme waren signifikant besser als der anfällige Standard. Der Befall war in diesem Jahr insgesamt nicht sehr stark. Die Sorten 'Alexis', 'Eunova', 'Danuta', 'Viskosa', 'Neruda', 'Chariot', 'Prestige' und 1 Stamm waren signifikant schlechter als 'Vada' (feldresistenter Standard).

Abstract:

Characterization of cultivars and breeding material on resistance to *Puccinia hordei* (winter and spring barley) was carried out on order of the Bundessortenamt. 147 winter and 78 spring barley cultivars or lines were tested with 6 determined isolates of *P. hordei* in the seedling stage and in the nursery by means of artificial infection. The most of the winter barley lines do not possess vertical resistance, in 13 cultivars were found the gene *Rph1* respectively in 81 *Rph2*. In spring barley lines *Rph1*, *Rph2* but at most 'Trumpf'-resistance, the gene *Rph3* and the combined resistance 'Trumpf' + *Rph3* were determined. In the field trials the Area Under the Disease Progress Curve was determi-

ned. The best cultivars were 'Meltan', 'Prolog' and 'Ria'. In Zusammenarbeit mit: BBA, Braunschweig, G. Bartels; Bundessortenamt, Hannover, Rentel (BAZ-2319)

### 3.3. Virulenzanalyse und Evaluierung genetischer Ressourcen auf Resistenz bei der Wirt / Pathogenkombination Weizen / *Puccinia triticina*

#### Analysis of virulences and evaluation of genetic resources for resistance within the host / pathogen combination wheat / *Puccinia triticina*

Lind, V.

Zielsetzung / Aim:

Bestimmung von Virulenzgenen und ihrer Häufigkeiten in Populationen von *P. triticina* aus Deutschland und den Nachbarländern. Prüfung der Effekte von Resistenzgenen und ihres Nutzens für die Resistenzzüchtung. Evaluierung von Weizengenotypen aus Genbanken und von Züchtern auf quantitative sowie qualitative Resistenz und Nutzbarmachung neuer Resistenzen für die Züchtung.

Determination of virulence genes and their frequencies in populations of *P. triticina* from Germany and neighbouring countries. Test of the effects of resistance genes and of their value for resistance breeding. Evaluation of wheat genotypes from gene banks and breeders for quantitative and qualitative resistance and the utilization of new resistances for breeding.

Ergebnisse:

#### Virulenzanalysen und Resistenzprüfungen

Von Prüfstandorten des Bundessortenamtes, der Länder und Pflanzenschutzfirmen sowie von Züchtungsfirmen wurden insgesamt 30 Blattproben mit Braunrostbefall eingesandt. Daraus konnten 221 Einpustelisolat hergestellt werden, für die mit Hilfe eines Testersortimentes (Thatcher NIL) ein Virulenz / Avirulenz-Muster erstellt wurde. Die Untersuchungen wurden mit Blattsegmenten und mit Pflanzen im 2-Blatt-Stadium durchgeführt. Um Trends zur Verschiebung dieser Muster besser erkennen und auch statistisch absichern zu können, wurden bestimmte Leitorte (Aschersleben, Niedertraubling, Triesdorf und Wetze) ausgewählt, von denen eine höhere und somit repräsentativere Zahl von Isolat (mindestens 10) hergestellt wurde. Die Anzahl der Leitorte, die relativ gleichmäßig über Deutschland verteilt sind, und die von ihnen isolierten Isolate sollen in den nächsten Jahren noch erhöht werden, wenn mehr Informationen über die Befallssituationen vorliegen. Auf Grund der in den Isolat gefundenen und überprüften Avirulenzen können von den im Testersortiment vorhandenen 38 Resistenzgenen 19 identifiziert werden. Hierbei handelt es sich um die Gene *Lr1*, *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr3*, *Lr3bg*, *Lr3ka*, *Lr10*, *Lr15*, *Lr17*, *Lr20*, *Lr21*, *Lr23*, *Lr25*, *Lr26*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr30*, *Lr34* und *LrW* (Tab. 1). Außerdem waren alle Isolate avirulent gegen *Lr9*, *Lr19*, *Lr24* und *Lr38*. In Aschersleben kommen Avirulenzen für *Lr10*, *Lr15*, *Lr17*, *Lr21*, *Lr30*, *Lr34* und *LrW* nicht vor. Isolate, deren Häufigkeit in der dritten Spalte der Tabelle

100 % beträgt, erwiesen sich an sämtlichen Standorten als virulent, so dass das betreffende Resistenzgen im Jugendstadium keine Wirkung besitzt. Während die vier genannten Resistenzgene gegenüber den in Deutschland vorkommenden Braunrostpopulationen sowohl im Gewächshaus als auch im Feld wirksam sind, muss der Effekt der anderen Gene im Feldversuch überprüft werden, da die Jugendresistenz von der Altersresistenz abweichen kann. Tab. 1 zeigt diesen Vergleich für den Standort Aschersleben in den beiden letzten Spalten. Für die Resistenzzüchtung sind die Effekte der Gene im adulten Stadium ausschlaggebend. Nach den Ergebnissen in der Tabelle sind lediglich die Gene für die Weizenzüchtung von Interesse, die im Feld einen Befall von 30 % oder weniger bewirken.

#### Evaluierung

Die Evaluierung genetischer Ressourcen dient der Identifizierung neuer Resistenzen, die für die Weizenzüchtung nutzbar gemacht werden können. In einer ersten Feldprüfung wurden 180 Genotypen der Genbank Braunschweig getestet. Die Ausbeute an resistenten Linien, deren Blattflächen weniger als 30 % Befall zeigten, war relativ hoch: *Triticum boeoticum* 6 Linien, *T. monococcum* 42 Linien, *T. durum* 8 Linien, *T. dicoccum* 10 Linien, *T. turgidum* 8 Linien und *T. macha* 2 Linien. Die Linien der Spezies *T. aestivum* und *T. spelta* erwiesen sich alle als anfällig. Zur Zeit werden die resistenten Genotypen im Gewächshaus mit definierten Isolat auf die 23 erkennbaren Resistenzgene untersucht. Die Linien mit genetisch unbekanntem Resistenzgen werden im kommenden Jahr für Testkreuzungen, Allelietests und weitere Feldprüfungen verwendet.

Abstract:

Samples of *P. triticina* were collected at 30 locations in Germany and used to produce 221 single pustule isolates. Their virulence / avirulence pattern was determined on Thatcher near isogenic lines each carrying one of 38 resistance genes. In the analyses of virulence isolates occurred that were virulent at the seedling stage everywhere in Germany and had a frequency of 100 %. Isolates with a lower frequency showed avirulence at least at one location. Such isolates were selected to be applied for the identification of *Lr* genes. Four genes proved to be most effective: *Lr9*, *Lr19*, *Lr24* and *Lr38*, there were no virulence genes capable of overcoming their effect. Only genes distinguished by a high resistant effect at the adult stage in the field are recommended for resistance breeding.

Wheat genotypes of the BAZ-gene bank at Braunschweig were evaluated for resistance to *P. triticina* in field trials. A relatively high proportion of resistant lines was selected, mainly from *Triticum monococcum* (23 %).

In Zusammenarbeit mit: E. Gultiaeva, St. Petersburg (bis zum 31.08.01 tätig im Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben); Bundessortenamt Hannover; Anstalten und Kammern der Bundesländer; Prüfungsstellen von Pflanzenschutzfirmen; Züchtungsfirmen der GFP; BAZ-Genbank Braunschweig, L. Frese (BAZ-2305)

Tab. 1: Virulenzanalyse mit den Thatcher-Weizenlinien im Keimpflanzenstadium für alle 221 Isolate von *P. triticina* aus deutschlandweiter Sammlung und für Aschersleben mit Isolat aus der Population dieses Standortes. Zum Vergleich der Geneffekte im Jugend- und adulten Stadium sind die Ergebnisse des Feldtests 2001 in Aschersleben angegeben.

Table 1: Analysis of virulence using the Thatcher wheat lines at the seedling stage for all 221 isolates of *P. triticina* collected all over Germany and for the isolates collected at Aschersleben. For comparison of gene effects at the seedling and adult stage the results of the field test at Aschersleben in 2001 are listed.

Lr-Gene	Tester-Linien	Keimpflanzenstest		Feldprüfung
		Deutschland <sup>1)</sup> (%) virulente Isolate	Aschersleben <sup>2)</sup> (%) virulente Isolate	% befallene Blattfläche zu Beginn der Reife
<i>Lr1</i>	Tc*6/Centenario	15	43	50
<i>Lr2a</i>	Tc*6/Webster	26	86	70
<i>Lr2b</i>	Tc*6/Carina	84	86	70
<i>Lr2c</i>	Tc*6/Loros	100	100	70
<i>Lr3</i>	Tc*6/Democrat	68	75	70
<i>Lr3bg</i>	Bage/Tc*8	67	75	70
<i>Lr3ka</i>	Tc*6/Aniversario	66	75	70
<i>Lr9</i>	Transfer/Tc*6	0	0	0
<i>Lr10</i>	Tc*6/Exchange	99	100	70
<i>Lr11</i>	Tc*2/Hussar	100	100	70
<i>Lr12</i>	Exchange/Tc*6	100	100	50
<i>Lr13</i>	Tc*6/Frontana	100	100	30
<i>Lr14a</i>	Selkirk/Tc*6	100	100	70
<i>Lr14b</i>	Tc*6/M.Escobar	100	100	70
<i>Lr15</i>	Tc*6/W1483	70	100	70
<i>Lr16</i>	Tc*6/Exchange	100	100	70
<i>Lr17</i>	K.Lucero/Tc*6	93	100	30
<i>Lr18</i>	Tc*7/Africa43	100	100	30
<i>Lr19</i>	Tc*7/Tr.4 A.elong.	0	0	0
<i>Lr20</i>	Tc*6/Jimmer	73	57	30
<i>Lr21</i>	Tc*6RL 5406 Tetra C	99	100	70
<i>Lr22</i>	Tc*6RL 5404 Tetra C	100	100	30
<i>Lr23</i>	Lee 310/Tc*6	38	29	0
<i>Lr24</i>	Tc*6/Agent	0	0	0
<i>Lr25</i>	Tc*6/Transec	46	14	0
<i>Lr26</i>	Tc*6/St-1-25	78	86	70
<i>Lr28</i>	Tc*6/C-77-1	35	29	30
<i>Lr29</i>	Tc86/CS7D-Ag#11	78	86	5
<i>Lr30</i>	Tc*6/Terenzio	94	100	50
<i>Lr32</i>	Tc*6/3/Ae.sq.	100	100	50
<i>Lr33</i>	Tc*6/PI58548(1+)	100	100	70
<i>Lr34</i>	Tc*6/PI58548(2+)	99	100	50
<i>Lr35</i>	Tc*6/RL 5711	100	100	0
<i>Lr37</i>	Tc*8/VPM	100	100	10
<i>Lr38</i>	Tc*6/T7Kohn	0	0	0
<i>Lr44</i>	Tc*6/T.spelta	100	100	70
<i>LrB</i>	Tc*6/Carina	100	100	70
<i>LrW</i>	Tc*6/V336	99	100	30
<i>Tc</i>	Thatcher	100	100	70

<sup>1)</sup> 221 Isolate, Mittel über 30 Standorte

<sup>2)</sup> 12 Isolate



### 3.4. Virulenzanalyse und Selektion resistenten Ausgangsmaterials bei der Wirt / Pathogenkombination Gerste / *Puccinia hordei*

#### Analysis of virulences and selection of resistant material on the host / pathogen combination barley / *Puccinia hordei*

Kopahnke, D.

#### Zielstellung/Aim:

Beobachtung der Entwicklung der Zwergrostpopulationen in Deutschland und den Nachbarstaaten einschließlich der Bestimmung der Virulenzgene bzw. ihrer Kombinationen als Grundlage einer gezielten Resistenzzüchtung; Selektion definierten Ausgangsmaterials mit vertikaler und partieller Zwergrostresistenz, Entwicklung von Selektionsmethoden.

Determination of the development of leaf rust populations on barley in Germany and neighbouring countries as well as determination of virulence genes and their combinations, selection of breeding material with quantitative and qualitative resistance, development of selection methods.

#### Ergebnisse:

##### Virulenzgenanalyse

In enger Zusammenarbeit mit den Prüfstationen des Bundessortenamtes und den Züchtungsfirmen wurden Proben von anfälligen Sorten und von solchen, die bestimmte Resistenzgene tragen, genommen und ausgewertet. Generell erfolgte eine Zwischenvermehrung der eingesandten Proben auf einer anfälligen Sorte.

Unter den eingesandten Blattproben waren in diesem Jahr auffallend viele Blätter mit Nekrosen, aber ohne Zwergrostpusteln.

Nach einer Zwischenvermehrung wurden die 42 Populationen, die von Winter- und Sommergersten vorwiegend aus Nord- und Mitteldeutschland stammten, auf dem Differentialsortiment bestimmt. Von 19 Zwergrostpopulationen wurden 149 Einzelpustellinien hergestellt und untersucht.

Folgende Virulenzgene wurden mit nachstehendem Anteil bestimmt (Note 3 und 4 auf der jeweiligen Differentialsorte):

##### Deutschland:

- 80-100 % *Rph1*, *Rph2*, *Rph3*, *Rph4*, *Rph2+Rph6*, *Rph8*, *Rph9*, *Rph12* ('Trumpf') für die Testsorten HOR 500-1, 'Lada'
- 81 % *Rph2+5*
- 4,7 % HOR 1132-sel.
- 0 % *Rph7*

Analog zu den Vorjahren war die Komplexität der Virulenz der Isolate in Deutschland hoch. Die Isolate 717677 (I80) und 757677 haben komplexe Virulenz für *Rph1*, 2, 3, 4, 2+5, 2+6, 8, 9, HOR 500-1, 'Trumpf' und 'Lada' und hatten in allen Regionen einen Anteil von über 70 % an der Gesamtpopulation.

Die Virulenzen für die Resistenzgene *Rph1*, *Rph2*, *Rph4*, *Rph2+Rph6*, *Rph8* waren in den letzten 25 Jahren immer

mit sehr hohem Prozentsatz in der Erregerpopulation vertreten. In den vergangenen Jahren konnte eine weitere Zunahme der Virulenz für *Rph3* und *Rph2+5* beobachtet werden (Abb. 1). Das Gen *Rph3* ist in zugelassenen Sommergerstensorten vorhanden, während die Genkombination *Rph2+5* in der Züchtung nicht verwendet wurde. Europaweit konnte diese Virulenz für *Rph2+5* bisher nur in Großbritannien (83 %) und in der Schweiz (70 %) mit höherem Prozentsatz festgestellt werden. Die Virulenz für HOR 1032 sel., die europaweit in den vergangenen Jahren durchschnittlich 5 % betrug, konnte 2000 mit 18 % in Deutschland nachgewiesen werden. Es ist zu beobachten, ob sich die Virulenz in der Pathogenpopulation in den Folgejahren stabilisiert.

In Europa ist das Resistenzgen *Rph7* weiterhin wirksam.

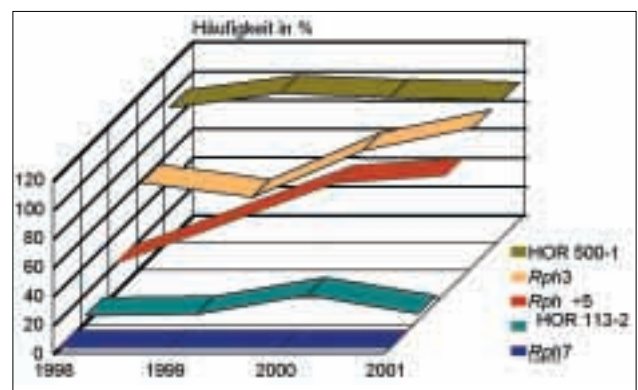


Abb. 1: Prozentuale Häufigkeit ausgewählter Virulenzgene des Gerstenzwergrostes in Deutschland

Fig. 1: Percentage of selected virulence genes of leaf rust of barley in Germany

##### Tschechische Republik:

Eine mit Zwergrost befallene Blattprobe aus dem Gebiet um Kromeriz wurde über 12 Einzelpustellinien analysiert. Im Unterschied zu Proben aus Deutschland konnte keine Virulenz für *Rph2+5* und HOR 1132-sel. nachgewiesen werden. Die Virulenz für das Gen *Rph3* beträgt 100 % und ist damit häufiger vertreten als in Deutschland.

##### Resistenzevaluierung

Für die Wirt / Pathogenkombination Gerste / Zwergrost wurden 21 Sommergersten in 4 Wiederholungen getestet, die 1999 aus einem 350 Akzessionen umfassenden Sortiment der Barley Core Collection (EU-Projekt) auf quantitative Resistenz selektiert wurden. Die Prüfungen wurden abgeschlossen und die Daten aufgearbeitet.

##### Abstract:

- 42 leaf rust populations and 149 single pustules lines of *Puccinia hordei* were determined on the differential set.
- 80-100 % *Rph1*, *Rph2*, *Rph3*, *Rph4*, *Rph2+Rph6*, *Rph8*, *Rph9*, *Rph12* ('Trumpf') for the test genotypes HOR 500-1, 'Lada'
- 81 % *Rph2+5*
- 4,7 % - HOR 1132-sel.;
- 0 % *Rph7*.

The high virulent isolate 717677 determined the populati-

ons with a frequency of 50-75 %. In generally the gene *Rph7* was effective.

21 lines of spring barley were tested for quantitative resistance.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, A. Graner; Bundessortenamt Hannover, Rentel; Züchtungsfirmen der GFP. (BAZ-2302; BAZ-2307)

#### 4. Molekulare Methoden der Evaluierung Molecular methods of evaluation

##### 4.1. Molekulargenetische Charakterisierung von Krankheitsresistenzen bei Kultur- und Wildgersten

**Molecular genetic characterization of disease resistance in cultivated and wild barley**

Krämer, I.; Proeseler, G.; Habekuß, A.; Dragavtseva, L.

Zielsetzung/Aim:

Ziel des Vorhabens ist es, für die Arbeiten zur klassisch genetischen Analyse und phänotypischen Charakterisierung von Genbankmaterial der Kultur- und Wildgersten auf Resistenz gegen wirtschaftlich wichtige Schaderreger in zunehmendem Maße molekulare Marker zu nutzen. Den Schwerpunkt des Projektes bilden die Identifizierung, Lokalisierung und Kartierung neuer wirksamer Resistenzgene gegen Viren und pilzliche Krankheitserreger sowie die Entwicklung entsprechender Marker für eine markergestützte Selektion.

In addition to the classical genetic analysis of cultivated and wild barleys for resistance to important pathogens molecular methods are aimed at the use of markers. Investigations include the identification, localization and mapping of new resistance genes to viruses and fungi.

Ergebnisse:

Die aus über 2000 Herkünften der Wintergerstenkollektion der Genbank Gatersleben selektierten Genotypen mit vollständiger Resistenz gegenüber den Mosaikviren (BaMMV, BaYMV-1, BaYMV-2) wurden durch Vererbungs- und Markeranalysen weiter charakterisiert. Im Vordergrund der Arbeiten standen die Gersten, deren Resistenz nach den bisher vorliegenden Erkenntnissen nicht durch das Resistenzgen *rym5* bedingt ist. Für klassisch- sowie molekular-genetische Untersuchungen konnten DH-Linien-Populationen verwendet werden, die aus Kreuzungen dieser resistenten Gersten mit anfälligen Genotypen erstellt wurden. Zur Klärung der Identität dieser Gene erfolgten umfangreiche Rückkreuzungen mit Genotypen bekannter Gelbmosaikvirus-Resistenzträger. Zur Kartierung der neuen Resistenzgene wurden Mikrosatelliten und AFLP-Analysen eingesetzt.

Anhand von Vererbungsanalysen in der doppelhaploiden Nachkommenschaft aus einer Kreuzung mit der gelbmosa-

ikresistenten HHOR 4224 konnte die Wirkung von zwei Resistenzgenen nachgewiesen werden. Die Identifizierung von eng gekoppelten Markern für diese Gene wurde mit Hilfe der bulked segregant analysis (BSA) durchgeführt. Die Erstellung der bulks erfolgte aus DNA-Proben von jeweils 20 anfälligen bzw. resistenten Pflanzen der spaltenden DH-Population. Insgesamt wurden 187 Mikrosatelliten und 300 AFLP-Primer-Kombinationen durch die BSA auf Kopplung mit den Resistenzloci getestet. Mit den Markerkandidaten wurden detaillierte Kopplungsanalysen in der gesamten DH-Population durchgeführt. Die erhaltenen Daten wurden unter Verwendung des Kartierungsprogramms MAPMAKER verrechnet. Mit Hilfe von Mikrosatellitenmarkern konnte eines der in HHOR 4224 nachgewiesenen Resistenzgene chromosomal lokalisiert und kartiert werden. Zur Erstellung einer Gesamtkarte aus Mikrosatelliten- und AFLP-Markern werden gegenwärtig die AFLP-Analysen ausgewertet und verrechnet.

Abstract:

New sources of resistance are supposed to detect within winter barley of the Gatersleben World Collection to improve the genetic base of resistance to the mosaic viruses (BaMMV, BaYMV-1, BaYMV-2).

Classical and molecular genetic methods were used to identify the new genes. Mapping of molecular markers was performed using microsatellite as well as AFLP technology. One of the detected genes involved in the resistance of the barley genotype HHOR 4224 could be localised and mapped studying microsatellites. The integration of AFLP markers into the map is currently being processed.

In Zusammenarbeit mit: Inst. f. Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, Genbank, A. Graner; Crop & Food Research, Christchurch, New Zealand, R. Pickering. (BAZ-2335)

##### 4.2. Entwicklung molekularer Marker zur Differenzierung von Genotypen der Haferblattlaus (*Rhopalosiphum padi*) und Evaluierung der Aphidenresistenz von Gerstenformen sowie der Übertragung des Barley yellow dwarf virus (BYDV)

**Development of molecular markers for the differentiation of genotypes of *Rhopalosiphum padi* and evaluation of the aphid resistance of barley genotypes and Barley yellow dwarf virus (BYDV) transmission**

Leistner, H.-U.; Schliephake, E.; Habekuß, A.

Zielstellung:

Mit Hilfe molekularer Marker soll die genetische Diversität natürlicher Populationen von *Rhopalosiphum padi* erfasst werden. Auf der Grundlage dieser Ergebnisse ist die Reaktion der Blattlausgenotypen auf verschiedenen Gerstenformen sowie die Übertragungseffektivität des BYDV zu überprüfen. Ziel der Untersuchungen ist eine Optimierung der Evaluierungsmethode zur Blattlausresi-

stanz und Virustoleranz sowie eine bessere Kenntnis der Reaktion evaluierter Gerstenherkünfte im Hinblick auf die natürlichen Blattlauspopulationen.

The genetic diversity of natural occurring populations of *Rhopalosiphum padi* should be characterized with the help of molecular markers. Based on these results the reaction of the aphid genotypes to different as resistant or less susceptible respectively evaluated barley genotypes and the BYDV-transmission efficiency is to prove. The aim of these investigations is an optimizing of the method for evaluation of aphid resistance and virus tolerance as well as a better knowledge about the reaction of evaluated barley genotypes concerning to the natural occurring aphid populations.

#### Ergebnisse:

Aufbauend auf ersten Ergebnissen zur Untersuchung der genetischen Diversität von natürlich auftretenden Populationen von *Rhopalosiphum padi* gelang es, durch den Einsatz ausgewählter RAPD-Dekaprimer Blattlausklone, welche von Einzeltieren unterschiedlicher geographischer Herkunft angelegt wurden, voneinander zu differenzieren (Tab.1). Für die Gruppierung der Genotypen wurden die nach PCR-Analyse mit dem jeweiligen Primer in der Elektrophorese erhaltenen charakteristischen Bandenmuster entsprechend ihrem Molekulargewicht geordnet und mit einem binären Code versehen. Dabei wird dieser Code gebildet durch die Verknüpfung der Summen für die jeweilige Bandenabfolge, woraus eine individuelle Zahlenkombination entsteht. Wie aus den in Tabelle 1 dargestellten genotypischen Zuordnungen zu den jeweiligen Klonen ersichtlich wird, konnten mittels dieser Methode alle 24 Herkünfte voneinander differenziert werden, was auf eine hohe genotypische Diversität in den *R. padi*-Populationen schließen lässt. Es waren keine Beziehungen zwischen Genotypen und geographischer Herkunft herstellbar.

Im Rahmen einer deutsch-neuseeländischen Forschungs-kooperation (Dr. David Teulon, Crop & Food Research Institute; Christchurch) konnte bei der Untersuchung von insgesamt 252 neuseeländischen *R. padi*-Herkünften unter Anwendung der gleichen Methodik eine genotypische Variabilität nachgewiesen werden, welche jedoch nicht so ausgeprägt ist wie in den europäischen Populationen.

Künftige detailliertere Untersuchungen an Blattläusen aus Saugfallenfängen sollen klären, inwiefern und in welchem Maße Unterschiede in der genetischen Diversität der *R. padi*-Populationen in Abhängigkeit von der Jahreszeit auf Grund von Neukombination des genetischen Materials in der sexuellen Vermehrungsphase bestehen. Nach der Charakterisierung der Blattlausgenotypen sollen vergleichende Untersuchungen zur Blattlausentwicklung an verschiedenen Gersten sowie Übertragungsversuche des *Barley yellow dwarf virus* (BYDV-PAV) und des *Cereal yellow dwarf virus* (CYDV-RPV) auf Gerste erfolgen, um hierdurch eventuelle Beziehungen zwischen Blattlausgenotyp, Blattlausresistenz und Virusübertragung zu finden.

Tab. 1: Genotypische Gruppierung der *R. padi*-Klone  
Table 1: Genotypic groups of *R. padi* clones

	Klon	Genotyp	Herkunft
Gruppe 1	BRD14	0.1.0	Nordrhein-Westfalen
Gruppe 2	D4	0.1.20	Mecklenburg-Vorpommern
Gruppe 3	R1	0.16.28	Russland
Gruppe 4	BRD10	0.17.28	Baden-Württemberg
Gruppe 5	BRD9b	0.17.55	Mecklenburg-Vorpommern
Gruppe 6	AU1-2	0.21.4	Österreich
Gruppe 7	BRD2	0.24.4	Hessen
Gruppe 8	BRD6	0.24.28	Schleswig-Holstein
Gruppe 9	BRD16	0.24.92	Nordrhein-Westfalen
Gruppe 10	BRD1	0.25.4	Hessen
Gruppe 11	BRD4	0.26.28	Schleswig-Holstein
Gruppe 12	BRD9d	0.27.20	Mecklenburg-Vorpommern
Gruppe 13	NZ1	0.38.12	Neuseeland
Gruppe 14	BRD9e	0.50.24	Mecklenburg-Vorpommern
Gruppe 15	BRD9a	0.50.28	Mecklenburg-Vorpommern
Gruppe 16	BRD12	0.51.4	Nordrhein-Westfalen
Gruppe 17	BG1	0.114.12	Bulgarien
Gruppe 17	CZ1	0.114.12	Tschechische Republik
Gruppe 17	D1	0.114.12	Sachsen-Anhalt
Gruppe 18	D2	1.22.12	Sachsen-Anhalt
Gruppe 19	BRD8/1	1.24.28	Baden-Württemberg
Gruppe 20	BRD15	2.1.20	Nordrhein-Westfalen
Gruppe 21	AU1-1	4.21.20	Österreich
Gruppe 22	D3	8.49.12	Mecklenburg-Vorpommern
Gruppe 23	BRD11	29.81.30	Baden-Württemberg
Gruppe 24	BRD13	48.17.20	Nordrhein-Westfalen

#### Abstract:

On the basis of first results concerning the investigation of genetical diversity of natural occurring populations of *Rhopalosiphum padi* a successful segregation of aphid clones originating from different geographical regions by application of selected RAPD-decaprimers (Tab.1) was attained. For grouping of the genotypes the characteristic band patterns obtained after PCR-analysis were arranged by their molecular weight and encoded with binary numbers. The code of a genotype is formed by linking the sums for the band sequences resulting in an individual combination. As visible in genotypic associations to the individual clones presented in Table 1, all 24 origins could be differentiated by this method indicating for a high level of genotypic diversity within *R. padi*-populations. No relations were found between genotypes and their geographical origin.

Applicating the same method for experiments within a bilateral German-New Zealandian research cooperation (Dr. David Teulon, Crop & Food Research Institute; Christchurch) a genotypic variability between 252 *R. padi*-origins from New Zealand was detected, but this was not so marked as in European populations.

In future detailed investigations with aphids from suction traps should give elucidation about variations in the genetical heterogeneity of *R. padi* populations in dependence on seasonal changes (recombination of genetic material during sexual reproduction). After characterization of the

aphid genotypes the results will be used in comparing transmission experiments of *Barley yellow dwarf virus* (BYDV-PAV) and of *Cereal yellow dwarf virus* (CYDV-RPV) on barley to find out a possible correlation between vector genotype, aphid resistance and virus transmission. (BAZ-2334)

# Genbank

## Gene Bank

### Braunschweig

Der Mensch verändert in immer stärkerem Maße seine Umwelt und verursacht hierdurch den Verlust pflanzengenetischer Ressourcen. Gene oder Genkomplexe, die heute oder in Zukunft zur Sortenzüchtung benötigt werden und der Landwirtschaft nutzen können, gehen unwiederbringlich verloren. Während der 4. Internationalen Technischen Konferenz über Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft (PGRFA) der FAO in Leipzig (1996) wurde deshalb ein Maßnahmenkatalog (Weltaktionsplan, GPA) für die Sicherung gefährdeter pflanzengenetischer Ressourcen verabschiedet. Als Fachministerium ist das BMVEL in besonderem Maße zur Umsetzung der Empfehlungen des GPA auf nationaler Ebene verpflichtet. Hierbei unterstützt die BAZ Genbank das BMVEL durch

- die Ex-situ-Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen von Kulturpflanzen im Rahmen der nationalen und internationalen Kooperation
- die Bereitstellung von Informationen sowie Saat- und Pflanzgut zum Zweck der Forschung und Nutzung durch Partner im In- und Ausland und durch
- die Ressortberatung in Zusammenhang mit der Entwicklung nationaler Rahmenprogramme.

Angesichts der fortschreitenden genetischen Erosion werden seit dem Inkrafttreten des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt (ÜBV) im Jahre 1993 verstärkt Maßnahmen zur In-situ- und On-farm-Bewirtschaftung pflanzengenetischer Ressourcen erforscht und entwickelt. Die Erhaltung genetischer Ressourcen soll künftig in Natur- und Landschaftsschutzprogramme integriert (In-situ-Bewirtschaftung) und in der landwirtschaftlichen Produktion (On-farm-Bewirtschaftung) berücksichtigt werden. Die damit in Zusammenhang stehenden Forschungsaufgaben sind langfristig und umfangreich. Deshalb wurde eine Aufgabenteilung zwischen dem Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) und der BAZ auf dem Gebiet der Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen vorgeschlagen. Um Ressortkapazität für wissenschaftliche Untersuchungen über In-situ- und On-farm-Bewirtschaftungsmaßnahmen bereitstellen zu können, beschlossen die zuständigen Ministerien (BMVEL und BMBF) im Jahre 2001 die Sammlungs- und Datenbestände der BAZ Genbank in den Bestand der IPK Genbank zu überführen und die BAZ Genbank künftig von Aufgaben im Bereich der Ex-situ-Erhaltung zu entlasten. Bis zur Überführung der Sammlungs- und Datenbestände nimmt die BAZ Genbank die wesentlichen technischen Funktionen einer Ex-situ-Sammlung wahr.

Gleichzeitig entwickelt sie Aktivitäten im Bereich der In-situ- und On-farm-Bewirtschaftung pflanzengenetischer Ressourcen. Durch die Reform der Agrarpolitik der Europäischen Gemeinschaft und der damit verbundenen Möglichkeiten zur Förderung von Agrarumweltmaßnahmen einschließlich der Ausdehnung des ökologischen Landbaus entstehen günstige Rahmenbedingungen für die Erhaltung und Weiterentwicklung pflanzengenetischer Ressourcen 'on farm'. Die BAZ Genbank soll künftig die Entwicklung einer multifunktionalen bäuerlichen Landwirtschaft unterstützen, indem sie On-farm-Bewirtschaftungsmaßnahmen beratend begleitet, die Beschaffung und Bereitstellung von Material für Evaluierungsaktivitäten organisiert sowie Datenbanken zur Erfassung von Evaluierungsdaten und Informationen, unter anderem aus On-farm-Projekten, entwickelt und betreibt. Die BAZ Genbank pflegt zahlreiche Kontakte zu Nutzern im In- und Ausland sowie Kontakte zu europäischen und internationalen Organisationen wie IPGRI und FAO. Sie beteiligt sich an bilateralen Projekten im Rahmen der Ressortforschung mit Partnern in den USA, Kanada und Russland, an EU Projekten im Rahmen der EU Verordnung 1467/94 und insbesondere am deutsch-niederländischen Programm für pflanzengenetische Ressourcen. Darüber hinaus trägt die Genbank zu Aktivitäten des European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks (ECP/GR) durch

Übermittlung von Datenbanken und anderen Informationen, durch die Beteiligung an sowie die Organisation von Arbeitstagen bei.

Mankind is increasingly and severely changing its environment and thereby causes world-wide the loss of plant genetic resources. Genes or gene complexes which may be needed for variety development and could be useful for agriculture now and in future, are irretrievably lost. During the 4th International Technical Conference on Plant Genetic Resources held in Leipzig (1996) the Global Plan of Action (GPA) for the conservation and sustainable use of plant genetic resources for food and agriculture was passed. As the competent ministry, the Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture (BMVEL) is particularly committed to the implementation of the recommendations of the GPA at the national level. Here the BAZ supports the BMVEL by

- maintaining plant genetic resources for food and agriculture in the framework of the national and international co-operation
- provision of information as well as germplasm to partners in Germany and abroad for research and utilisation purposes and
- scientific advice to aid BMVEL in the development of national framework programmes.

In view of the progressing genetic erosion the investigation and development of in situ and on farm management measures are being reinforced since the Convention on Biodiversity came into force in 1993. The maintenance of plant genetic resources will more seriously be integrated in nature and landscape protection programmes (in situ management) and will be considered in agricultural production (on farm management). In this context substantial and long-term research is required. It was therefore suggested that the BAZ and the Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) share tasks in the field of plant genetic resources management with the aim to gain research capacity for in situ and on farm management measures. In 2001 the ministries responsible for the BAZ and IPK decided to transfer the BAZ Gene Bank germplasm and data collection to the IPK genebank and to relieve the BAZ Gene Bank from the management of an ex situ holding. Up to the definite transfer of the collection the BAZ Gene Bank will continue to carry out all functions of an ex situ collection.

At the same time it develops activities within the area of the in situ and on farm management of plant genetic resources. From the reform of the common agricultural policy of the EU and the associated possibilities for the promotion of agrarian environmental measures including the expansion of the ecological agriculture favourable basic conditions for the preservation and advancement of plant genetic resources 'on farm' result. The BAZ gene bank is to support the development of a multi-functional rural agriculture in the future, by advisory accompanying the development of on farm management measures, by organising the procurement and supply of material for evaluation activities as well as through the development and operation of data bases designed for the documentation of evaluation data and among other things information from on farm projects.

The Gene Bank maintains numerous contacts with users in Germany and abroad as well as close contacts to European and international organisations such as IPGRI and FAO. It is engaged in bilateral co-operations with the USA, Canada, and Russia, in projects funded through the EU council regulation 1467/94 and in particular in the German-Dutch programme for plant genetic resources. In addition the BAZ Gene Bank contributes to the European Programme for Crop Genetic Resources Networks (ECP/GR) through provision of information, through participation in working group meetings and through the organisation of workshops.

# 1. Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen Collection of plant genetic resources

## 1.1. Erhaltung und Austausch pflanzengenetischer Ressourcen

### Conservation and exchange of plant genetic resources

Frese, L.; Baars-Hibbe, O.

Zielsetzung/Aim:

Weltweit gehen pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft verloren. Die BAZ Genbank sammelt und reproduziert Saat- und Pflanzgut von Kulturarten und damit verwandter Wildarten. Die Ziele sind: a) Ex-situ-Erhaltung gefährdeter pflanzengenetischer Ressourcen im Rahmen der internationalen Arbeitsteilung, b) Bereitstellung genetischer Ressourcen für die Züchtungsforschung und Sortenzüchtung, c) Erforschung und Entwicklung von Methoden, die Ex-situ-Maßnahmen ergänzen.

World-wide plant genetic resources for food and agriculture are lost. The BAZ Gene Bank collects and reproduces seed and planting material of crops and related wild species. The goals are: a) Preservation of plant genetic resources in the context of the international task sharing, b) supply of genetic resources for the breeding research and variety breeding, and c) investigation and development of germplasm management methods that complement ex-situ measures.

Ergebnisse:

Abgesehen von den als Saatgut gelagerten 48.118 Genbankmustern unterschiedlichster Arten werden gegenwärtig 558 Kartoffelklone in flüssigem Stickstoff und 243 Klone als Knollen erhalten. Durch Unterstützung seitens des Institutes für Pflanzenbau und Grünlandwirtschaft der FAL und über den Verstärkertitel des BMVEL finanziert konnten 41 weitere Herkünfte der Sammlung alter europäischer Kulturkartoffelsorten in die Cryokonservierung überführt werden. Bei *Avena*, *Beta*, *Brassica*, *Daucus*, *Hordeum* und *Triticum* werden die Routinearbeiten durch fünf EU Teilprojekte sowie ein nationales Vorhaben verstärkt.

Tab. 1: Abgabestatistik der Genbank (Anzahl Muster)

Table 1: Exchange statistic of the gene bank (number of samples)

Jahr	Gesamt	Inland	Ausland
<b>1985-1995</b>	95484	49690	45794
<b>1996</b>	7115	4043	3072
<b>1997</b>	8166	5037	3129
<b>1998</b>	5460	3495	1965
<b>1999</b>	8017	4559	3458
<b>2000</b>	4939	3074	1865
<b>2001</b>	6156	5072	1084
<b>Summe</b>	<b>135337</b>	<b>74970</b>	<b>60367</b>

Im Vergleich zum Vorjahr nahm im Jahr 2001 die Abgabe pflanzengenetischer Ressourcen zu (6156 Muster, Stichtag 01.12.2000). Inländische Nutzer erhielten 82% aller angeforderten Saatgutproben. Insgesamt wurden 54 externe Informationsanfragen sowie 171 Anfragen nach Saatgut bearbeitet. Tab. 1 zeigt die seit 1985 fortgeschriebene Abgabestatistik.

Als Partner des EU Projektes GENRES CT 109/112 ist die Genbank für die Vermehrung und Charakterisierung von Raps zuständig. In der Vegetationsperiode 2000/2001 wurde in Isoliergewächshäusern Saatgut auf 19 Herkünften in hinreichender Menge erzeugt und es wurden weitere 43 zur Saatgutproduktion in der Vegetationsperiode 2001/2002 angebaut.

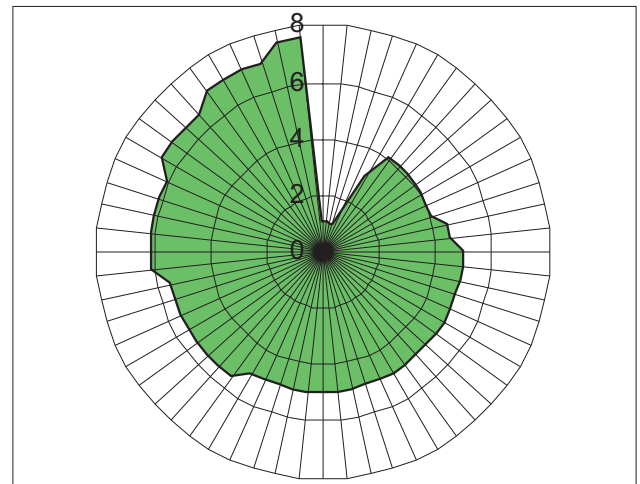


Abb. 1: Variation der Blattlappenanzahl bei *Brassica napus*. 60 Herkünfte. Die Strahlen im Diagramm stellen die einzelnen Muster dar. Spannweite der Bonituren: 1 – 7,5 auf der 1-9 Skala.

Fig. 1: Variation of the number of lobes per leaf. 60 accessions. The rays represent individual accessions. Range of the scores: 1-7.5 on a 1-9 scale.

Bei 60 Herkünften wurden 12 Merkmale nach einer vom Projektkoordinator vorgegebenen Deskriptorliste mit dem Ziel der Erstevaluierung bonitiert. Merkmale wie Stängelfarbe zeigten keinerlei Variation. Zur Differenzierung des Materials sind dagegen Blühdatum, Pflanzenhöhe und Anzahl Blattlappen (Abb. 1) besser geeignet. Die Erstevaluierung von Raps wird im Jahr 2002 fortgesetzt. Hierzu wurden insgesamt 120 Parzellen im Herbst 2001 gedriht. Seit dem Jahr 2000 beteiligt sich die BAZ Genbank am EU Projekt GENRES CT99 105 'Daucus' mit Charakterisierungs- und Vermehrungsarbeiten. 25 Herkünfte und 3 Standardsorten wurden in zweifacher Wiederholung angebaut, an zweijährigem Material 17 Merkmale bonitiert und die Wurzelform und -farbe photographisch dokumentiert. Im Rahmen des EU Projektes GENRES CT98 104 vermehrte und charakterisierte die BAZ Genbank 88 Muster der Barley Core Collection (BCC). Anhand von 17 Merkmalen wurde das Sortiment beschrieben. Abb. 2 zeigt exemplarisch die Variation im Sortiment. Die Variationsbreite des Merkmals „Tausendkornmasse“ beträgt 24-56 g.

Zur Vorbereitung der Evaluierungsarbeiten im Projekt EVA II vermehrte die Genbank nach Vorgabe des Koordinators Gerste- und Weizenmuster, im Jahr 2001 insgesamt 190 Proben.

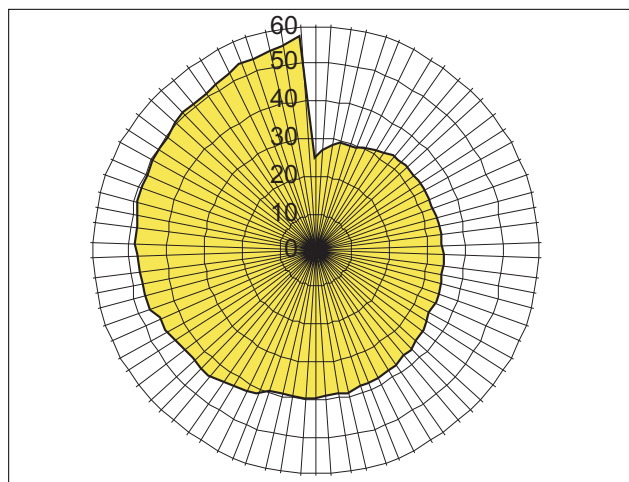


Abb. 2: Variation der Tausendkornmasse (in g) bei 88 Herkünften der Barley Core Collection (BCC). Die Strahlen im Diagramm stellen einzelne Muster dar.

Fig. 2: Variation of thousand grain mass (in g) of 88 accessions of the BCC. Rays in the diagram represent individual accessions.



Abb. 3: Anbau der „Vogelsberger Dickwurz“ in Hartmannshain. Das Saatgut wird „on farm“ erzeugt.

Fig. 3: Production of the „Vogelsberger Dickwurz“ at the village Hartmannshain. The seed is produced on farm.

Zur Einarbeitung in die künftigen Aufgaben der Braunschweiger Genbank wurde ein traditionelles Saatgutversorgungssystem an Hand der „Vogelsberger Dickwurz“ beschrieben. Bäuerinnen am Vogelsberg selektieren seit ca. 60 Jahren Futterrüben (Abb. 3), die an die speziellen Anbaubedingungen der Region angepasst sind. Dieses Beispiel für traditionelle „On-farm-Bewirtschaftung“ pflanzengenetischer Ressourcen zeigt, dass weniger ökonomische als vielmehr kulturelle Beweggründe zur Aufrechterhaltung solcher Saatguterhaltungssysteme in einer Industriegesellschaft beitragen.

Abstract:

Compared to the previous year, the number of germplasm and information requests slightly increased. In *Avena*, *Beta*, *Brassica*, *Daucus*, *Hordeum* and *Triticum* routine activities are strengthened by a national subproject and five EU funded subprojects. The genebank has started to develop activities in the field of in situ and on farm management of plant genetic resources.

(BAZ-8001, 8005, 8006, 1152)

## 1.2. Deutsch-niederländische Kooperation German-Dutch cooperation

Frese, L.

Zielsetzung/Aim:

Die optimale Nutzung vorhandener Mittel und Expertise ist das Hauptziel der Kooperation.

The optimal use of available means and expertise is the principal purpose of co-operation.

Ergebnisse:

Im deutsch-niederländischen Kooperationsprogramm sind internationale Aktivitäten wie die „Association of Potato Intergenebank Collaborators“ (APIC) mit der dazugehörigen „Intergenebank Potato Database“ (IPD) sowie das „World *Beta* Network“ (WBN) und die „International Database for *Beta*“ (IDBB) verankert. Der niederländische Partner (Plant Research International (PRI) - CGN) ist für die Erhaltung und Abgabe von Material und Informationen von samenvermehrten Wild- und Primitivformen der Kartoffel zuständig, während die Braunschweiger Genbank analog für die gemeinsame Sammlung von *Beta*-Rüben, für die Kulturkartoffelsammlung und die Gattung *Cichorium* verantwortlich ist.

Die Erhaltung der Sammlung von *Cichorium* wird von niederländischen Pflanzenzüchtungsunternehmen stark unterstützt.

Zwei der über die EU Richtlinie 1467/94 für pflanzengenetische Ressourcen geförderten Projekte (*Beta* und Kartoffel) werden durch die Partnerinstitute der deutsch-niederländischen Zusammenarbeit koordiniert. Am *Beta* Projekt sind 11 Partner beteiligt. In Hanfstreifen und in Isoliergewächshäusern wurden im Jahr 2001 fünfzig Muster fremdbefruchtender *Beta*-Rüben zur Saatguterzeugung im Rahmen des Projekts GENRES CT95 42 angebaut. Das Projekt endet im Februar 2002.

Seit dem Jahr 2001 enthält die GENRES CT95 42 Homepage Informationen zur Taxonomie und Verbreitung der Gattung *Beta* sowie eine auf der Grundlage der Internationalen Datenbank für *Beta* (IDBB) entwickelte, herunterladbare Modul mit Evaluierungsdaten. Als zentrale Datenbank in einem Netzwerk von 28 dezentral gelagerten Sammlungen in Europa, den USA sowie in West- und Ostasien dient die Internationale Datenbank für *Beta* (IDBB) als Projektmanagementinstrument. Die IDBB ent-



hält Passportdaten dieser Sammlungen mit einem Gesamt-datenbestand zu derzeit 10581 Mustern. Auf der Grundlage der Passportdaten wurde eine „Synthetic *Beta* Core Collection“ entwickelt, die im Verlauf des EU Projektes GENRES CT95 42 zur Vermehrung und Evaluierung an Projektpartner abgegeben wurde.

Ein wesentliches Ziel des *Beta*-Rüben Projektes ist die Evaluierung von 600-800 Mustern auf 10 biotische/abiotische Stressfaktoren. Zur Zeit enthält die IDBB 4033 Einträge, die aus den Evaluierungsprogrammen der Projektpartner stammen. Herkünfte mit Resistenz gegen pilzliche Schaderreger und Virose traten je nach *Beta*-Art und Erregergruppe mit einer Häufigkeit zwischen 2,1 und 7,5% aller getesteten Herkünfte auf. Das Interesse der Projektpartner konzentriert sich auf Muster, die zur Entwicklung von Zuchtmaterial mit Resistenz gegen *Aphanomyces cochlioides*, *Pythium ultimum*, *Rhizoctonia solani*, *Cercospora beticola*, Vergilbungsvirus (BYV) oder BNYVV geeignet erscheinen.

Abstract:

Within the German-Dutch cooperative programme international activities like the „Association of Potato Intergenebank Collaborators“ (APIC) with its „Intergenebank Potato Database“ (IPD) as well as the „World *Beta* Network“ (WBN) and the „International Database for *Beta*“ (IDBB) are being implemented. The Dutch partner is responsible for the maintenance, seed and information exchange of the joint collection of wild and primitive potatoes, while the Gene Bank at Braunschweig manages likewise the joint collection of *Beta*. In addition, the German partner is responsible for the maintenance of the European collection of obsolete potato varieties and the genus *Cichorium*. Within the German-Dutch co-operative programme international activities like the „Association of Potato.

(BAZ-8003, 8004)

### 1.3. GABI-BEET Unterprojekt „Spaltende Populationen“ GABI-Beet subproject „segregating populations“

Frese, L.; Ziegler, D.

Zielsetzung/Aim:

Das Ziel besteht in der Herstellung spaltender Populationen bei Wildarten der Sektion *Corollinae* und *Procumbentes* sowie in der Erzeugung von Artkreuzungsnachkommenschaften zwischen *B. patellaris* und *B. vulgaris*.

This project aims at the production of segregating populations of wild species of sections *Corollinae* and *Procumbentes* as well as in the creation of *B. patellaris* x *B. vulgaris* offsprings.

Ergebnisse:

Die BAZ Genbank verfügt über langjährige Erfahrungen auf dem Gebiet der Kultur von Wildrüben. Diese Kenntnisse sind für das Kooperationsvorhaben GABI-BEET nützlich. Im Rahmen der Projektes stellt die Genbank spaltende Populationen her, die vom Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Universität Kiel für Kartierungsarbeiten benötigt werden.

Das Projekt begann im Jahr 1999/2000 mit der Anzucht des zwei- bis mehrjährigem Pflanzenmaterials. Geplant sind weite Kreuzungen zwischen den Arten *B. macrorhiza* x *B. lomatogona* (Arbeitspaket 1- AP1), *B. procumbens* x *B. webbiana* (AP2) sowie *B. patellaris* x Zuckerrübe (AP3).

AP1: Der Blütezeitpunkt beider Wildarten musste durch Einsatz einer Kühlkammer synchronisiert werden. Da nicht bekannt ist, ob *B. macrorhiza* hochgradig selbststeril ist, wurden Knospen auf Zweigen des Saatgutelters manuell kastriert, was wegen der größeren Blüten leichter als bei *B. patellaris* zu bewerkstelligen ist. Insgesamt wurden 48 Paarkreuzungen vorgenommen. Das Ergebnis ist in Abb. 1 dargestellt. Beim überwiegenden Teil der Kreuzungen entstanden bis zu 5 Knäuele, nur in Ausnahmefällen bis zu 20 Stück.

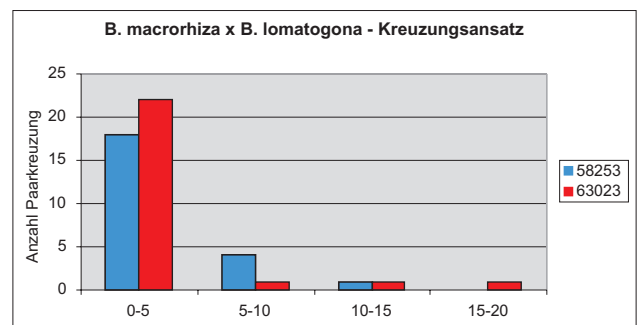


Abb. 1: Anzahl Samen pro Kreuzung

Fig. 1: Number of seeds per cross

AP2: Aus einem umfangreichen Pflanzenbestand ausgelesene typische 'procumbens' (Mutter) bzw. 'webbiana' (Vater) Einzelpflanzen wurden räumlich isoliert als offen abblühende Pärchen gekreuzt. Zwei der 'webbiana' Pflanzen erwiesen sich als männlich steril (Abb. 2), so dass in der reziproken Kreuzungsrichtung F1-Hybriden entstanden. Von insgesamt 10 Pärchenkreuzungen konnten zwischen (0) 150-1218 Samen geerntet werden. Mit der Rückkreuzung des Materials wurde begonnen. Die ist jedoch ungleich schwieriger, da der Saatgutelter per Hand kastriert werden muss.



Abb. 2: Blüte der Wildrübe *B. webbiana*. Größe ca. 1,8 mm. Einzelpflanze mit verkümmerten Antheren.

Fig. 2: Flower of the wild beet *B. webbiana*. Size about 1,8 mm. Single plant with degenerated anthers.

AP3: Aus demselben Grunde ist die Herstellung von Kreuzungsnachkommen von *B. patellaris* x *B. vulgaris* sehr aufwändig. Nach Handkastration der extrem kleinen Blüten von *B. patellaris* wurden diese mit Pollen von *B. vulgaris* bestäubt. Im Durchschnitt der 126 Paarkreuzungskombinationen entwickelten sich 3,2 Samen, wobei noch nicht gesichert ist, ob diese tatsächlich das Ergebnis einer Artkreuzung sind oder aus einer unbeabsichtigten Selbstung oder Fehlbestäubung stammen.

#### Abstract:

Owing to many years of work on the maintenance of beet genetic resources the BAZ Gene Bank holds specific experiences in the field of cultivation of wild beets. This knowledge is useful to the cooperative project. Within the framework of GABI-BEET the genebank produces segregating populations which are required by the University of Kiel, Institute of Crop Science and Plant Breeding for genome analysis. In the year 2001, controlled crosses were made between *B. procumbens* x *B. webbiana* (including reciprocals), *B. macrorhiza* x *B. lomatosogona* and between *B. patellaris* x *B. vulgaris*. Seed set was recorded in many cross combinations. However, it still needs to be confirmed whether the seeds are viable F1-hybrids indeed.

(BAZ-8009)

## 2. Dokumentation und Controlling Documentation and Controlling

### 2.1. Weiterentwicklung des Genbankinformationssystems Improvement of the genebank information system Germeier, C.; Frese, L.; Krauß, R.

#### Zielsetzung/Aim:

Das Informationssystem der BAZ Genbank ist von zentraler Bedeutung für das interne technische und organisatorische Management der Genbank. Die Arbeitsgruppe pflegt und ergänzt zum Nutzen der Züchtungsforschung und Sortenzüchtung seit 30 Jahren Sammlungsdaten. Neben der Datenhaltung und Datenübermittlung an Nutzer im In- und

Ausland besteht das Hauptziel in der Weiterentwicklung und Verbesserung des Systems insbesondere in Bezug auf die Dokumentation und Bereitstellung von Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten.

The information system of the BAZ Gene Bank is of central importance for the internal technical and organizational management of the genebank. The working group maintains and supplements for the benefit of the breeding research and variety breeding collection data since 30 years. Apart from the data maintenance and data transfer to users at home and abroad the principal purpose exists in particular in the advancement and improvement of the system regarding the documentation and supply of characterisation and evaluation data.

#### Ergebnisse:

Ein Arbeitsschwerpunkt lag im Jahr 2001 in der Konzipierung eines Gemeinschaftsprojekts mit dem Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Abteilung Genbank, zur Neuentwicklung des Dokumentationssystems für die gesamtdeutsche Genbank und zur Zusammenführung der Datenbestände. Im Rahmen einer ad hoc Arbeitsgruppe zum künftigen Ausbau des Datenmanagements an der BAZ war die Gruppe Datendokumentation außerdem maßgeblich an der Erstellung einer Situationsanalyse und eines Projektentwurfs beteiligt.

Neue Datendokumentationsverfahren und verbesserte Datenbankstrukturen werden anhand der Internationalen Datenbank für *Beta* (IDBB) modellhaft entwickelt und getestet.

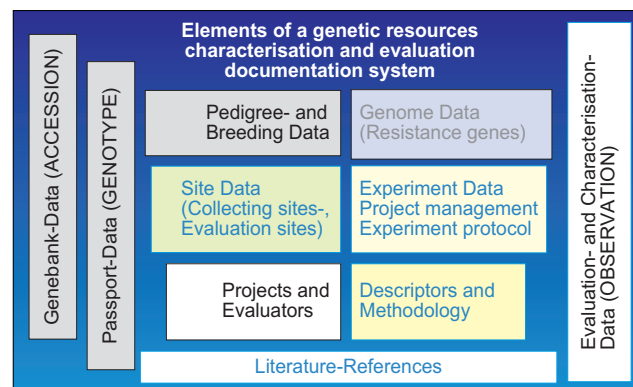


Abb. 1: Module einer Datenbankarchitektur für Passport- und Evaluierungsdaten genetischer Ressourcen

Fig. 1: Modules of the IDBB for passport, evaluation and characterisation data

Das für die IDBB neu konzipierte Datenmodell für Passport- und Evaluierungsdaten konnte auf internationalen Tagungen präsentiert werden. Abbildung 1 zeigt Module, die für eine Datenbankarchitektur zur Dokumentation genetischer Ressourcen als notwendig erachtet werden. Außer dem Modul für Genomdaten sind alle aufgezeigten Module in gegenwärtig 71 Tabellen implementiert.

Auf der Basis der im Projekt GENRES CT 95 42 „Evaluation and enhancement of *Beta* collections for extensificati-

on of agricultural production“ verfügbaren Daten wurde eine herunterladbare Access Anwendung bereitgestellt (<http://www.fal.de/bgrc/eu9542>), die eine den Nutzer weitgehend unterstützende Maske zur Abfrage von Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten bereitstellt (Abb. 2). Die Berichte umfassen neben den eigentlichen Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten (inkl. statistischer Parameter wie Wertebereich, Streuungs- und Verteilungsmaße), Angaben zum Experiment (Standortbeschrei-

bung, experimentelle Behandlungsstufen und agronomische Maßnahmen) sowie zur Erhebungs- und Analysemethodik (Abb. 3). Daten für die ausgewählten Herkünfte können als Kreuztabelle oder mit detaillierten Angaben statistischer Parameter nach Excel exportiert werden.

Die im Zuge der Arbeiten an der IDBB gewonnenen Erkenntnisse können zur Verbesserung des Informationssystems der BAZ verwendet werden.

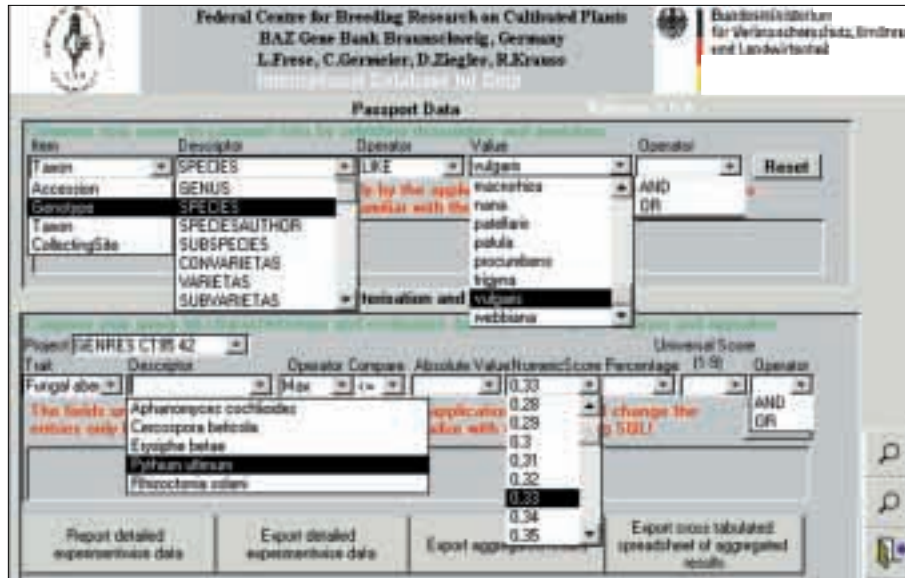


Abb. 2: Abfragemaske für Passport-, Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten aus dem Beta Projekt  
 Fig. 2: Form for querying passport, evaluation and characterisation data from the IDBB



Abb. 3: Berichts-Ausgaben der IDBB für im Projekt GENRES CT 95 42 erarbeitete Daten  
 Fig. 3: Reports of the IDBB for data elaborated in the GENRES project CT 95 42

**Abstract:**  
 In the year 2001, the data documentation group focussed the work on the development of management and documentation modules for large sized evaluation and characterisation projects. Hereby the International Database for Beta (IDBB) served as a modell database.

(BAZ-8002, 8004)

**2.2. Evaluierung und Verbesserung von Avena-Sammlungen zur Erweiterung der genetischen Basis bei Avena für die Qualität- und Resistenzzüchtung**  
**Evaluation and enhancement of Avena collections for extensification of the genetic basis of Avena for quality and resistance breeding**

Germeier, C.; Frese, L.

**Zielsetzung/Aim:**

Im Rahmen des Gemeinschaftsvorhabens ist die Genbank für die Entwicklung einer Projektdatenbank sowie der Projekthomepage zuständig. Darüber hinaus beteiligt sich die Genbank an der Vermehrung und Charakterisierung von Herkünften des Hafers.

Within the framework of the joint project the genebank is responsible for the development of a project database and the project homepage. Furthermore the genebank is involved in seed multiplication and characterisation of oat accessions.

**Ergebnisse:**

Die Projektdatenbank zum Management der Projektarbeiten wurde weiterentwickelt (Erstellung von Feldplänen, Boniturlisten, Management des Projektsaatgutbestands, Dokumentation von Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten der beteiligten Partner).

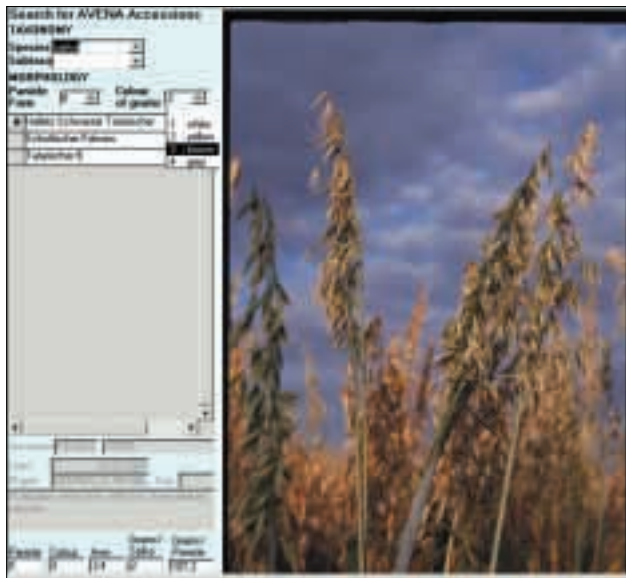


Abb. 1: Bilder und Evaluierungsdaten der im Jahr 2001 vermehrten Muster lassen sich in der für das Projekt erstellten Datenbankanwendung anzeigen.

Fig. 1: Pictures and evaluation data of landraces increased and multiplied in 2001 can be accessed with the project database application

Im Jahr 2001 wurden 344 Muster aus 11 europäischen Ländern vermehrt und 270 Muster der BAZ Genbank sowie 41 Muster der Nordic Genebank charakterisiert und evaluiert. 276 Muster wurden in 475 Diapositiven erfaßt. Davon stehen 295 in digitalisierter Form zur Verfügung. Auf die digitalisierten Bilder und einen Teil der Evaluierungsdaten kann über eine Access 97 - Anwendung bereits zugegriffen werden (Abb. 1)

**Abstract:**

The EADB has been prepared for the central documentation of characterization and evaluation data recorded by partners. Amongst other data the informations system now also holds pictures in digitised form.

(BAZ-8008)

**2.3. Anbauversuch mit alten und modernen Hafersorten bei unterschiedlichem Standraum und Untersaaten**

**Field trial with old and modern oat varieties at different spacing and nurse crops**

Germeier, C.

**Zielsetzung/Aim:**

Alte, unter anderen Anbaubedingungen selektierte Hafer reagieren möglicherweise anderes als neue Sorten. Die Beschreibung der Reaktion von Hafersorten unter extensiven Anbaubedingungen ist Gegenstand der Untersuchung.

Old oat varieties selected under other growing conditions react possibly different than new varieties. The description of the reaction of oats grown under extensive cultivation conditions is the subject of the investigation.

**Ergebnisse:**

Vier alte Hafersorten (BGRC 16461 Fichtelgebirgshafer II, 16556 Lüneburger Kley Kleykoenig (Abb. 1, links), 16558 Anderbecker Weiss, 16615 Stormogulhavre) sowie eine moderne Vergleichssorte (Radius, Abb. 1, rechts) wurden in fünffacher Wiederholung unter extensiven Versuchsbedingungen (Verzicht auf Pflanzenschutz und Düngung nach Vorfrucht Lupine) jeweils in drei verschiedenen Anbauvarianten angebaut:

1. normaler Reihenabstand 12.5 cm
2. weiter Reihenabstand: 25 cm
3. weiter Reihenabstand: 25 cm mit gleichzeitiger Aussaat eines Leguminosengemenges aus Serradella, Perserklee, Inkarnatklee, Gelbklee und Weißklee als Untersaat.

Die Auswertung der Versuchsdaten findet derzeit statt.



Abb. 1: Alte Hafersorte (Lüneburger Kley – Kleykönig) und moderne Standardsorte (Radius) mit Leguminosenunter-  
saat

Fig. 1: Old (Lüneburger Kley – Kleykönig) and modern cultivar (Radius) with legumes underseeded

**Abstract:**

Under different cultivation conditions selected old oat varieties were compared to a modern variety. The material was grown under extensive growing conditions. The data still need to analysed.

(BAZ-8002, 8008)

# Institut für Obstzüchtung

## Institute for Fruit Breeding

Dresden-Pillnitz

Ziel der Arbeiten des Instituts für Obstzüchtung ist es, für den umweltschonenden Obstbau Sorten und Unterlagen bei Baum- und Beerenobst bereitzustellen. Im Vordergrund stehen dabei die Resistenzzüchtung zur weiteren Minimierung des Pflanzenschutzmittelbedarfs, die Züchtung zur Verbesserung verbraucher- und verarbeitungsrelevanter Qualitätseigenschaften sowie die Risiko- und Sicherheitsforschung zur Biotechnologie.

Das Forschungskonzept beinhaltet eine Verknüpfung klassischer Zuchtverfahren, Methoden der Zell- und Gewebekultur, gentechnischer Verfahren und molekularer Techniken.

Im Jahre 2001 wurden im Institut für Obstzüchtung folgende Beiträge geleistet:

### Züchtung

Der Schwerpunkt der praktischen Züchtungsarbeiten sowie der Grundlagenforschung liegt bei der Obstapfel. Die Forschungsarbeiten führten im Jahre 2001 zur Anmeldung von drei Re-Sorten – ‘Rebella’ (Abb. 1), ‘Regine’, ‘Renora’ – zum europäischen Gemeinschaftsschutz. Sechs neue resistente Zuchtstämme der Pillnitzer Züchtung wurden 2001 an 16 Standorten in Deutschland in einem Bundessortenversuch im Vergleich mit internationalen Neuheiten aufgepflanzt. Im Ergebnis der Resistenzzüchtung gegenüber Feuerbrand (*Erwinia amylovora*), die sich nunmehr über drei Jahrzehnte erstreckt, und auf der Grundlage von breiten wissenschaftlichen Arbeiten zum Erreger der Krankheit und dessen Virulenz konnten 2001 nach wiederholter Resistenzprüfung 6 neue Zuchtstämme mit hoher, stabiler Resistenz bestätigt werden, die gleichzeitig resistent gegenüber Schorf und Mehltau sind. Die Sorte ‘Regia’ mit stabiler Resistenz gegenüber Schorf und Mehltau erwies sich auch als resistent gegenüber Feuerbrand. Untersuchungen zur Stabilität der Schorfresistenz bestätigten 2001 die bisherigen Ergebnisse an den Standorten der Bundessortenversuche in Deutschland. Nur am Standort Rostock trat Schorfbefall auf.



Abb. 1: ‘Rebella’ - eine farbige Herbstsorte mit hoher Fruchtqualität und Produktivität sowie Mehrfachresistenz gegenüber Schorf, Mehltau, Feuerbrand, Bakterienbrand, Obstbaumspinnmilbe, Aphiden und hoher Verträglichkeit gegenüber Winter- und Spätfrösten

Fig. 1: ‘Rebella’ – a red-yellow coloured variety with high fruit quality, high productivity, and multiple resistance to scab, mildew, fire blight, bacterial canker, red spider mite, aphids, winter and spring frost

In der Süß- und Sauerkirschenzüchtung wurden neben den Arbeiten zur Selektion neuer Sorten die Untersuchungen zu Fragen der Resistenz gegenüber Sprühfleckenkrankheit, *Blumeriella jaapii*, und der Monilia-Spitzendürre, *Monilinia laxa*, weitergeführt.

Im Rahmen der Unterlagenzüchtung für Süßkirschen konnte in diesem Jahr die Registerprüfung zur Erteilung des Sortenschutzes im Bundessortenamt erfolgreich für die Unterlage ‘Piku 4’ abgeschlossen werden. Diese Unterlage zeichnet sich durch eine Wuchsreduzierung von 20 bis 40 % gegenüber der Unterlage *P. avium* aus. Der Ertrag setzt früher ein als auf *P. avium* und ist in den ersten Jahren höher. Die Unterlage hat sich besonders auf leichteren Böden mit geringen Niederschlägen gut bewährt.

In der Beerenobstzüchtung konzentrierten sich die Arbeiten im Wesentlichen auf die Obstapfel-Erdbeere. Wichtigste Ziele der Arbeiten sind die Selektion, Prüfung und Empfehlung von Sorten für den Anbau, die sich durch Ertragssicherheit, ausgezeichnete Fruchtqualität und Widerstandsfähigkeit gegenüber biotischen und abiotischen Faktoren auszeichnen. Im Jahr 2001 erhielten die Pillnitzer Sorten ‘Fraroma’ und ‘Frabella’ Sortenschutz.

## Züchtungsforschung

Auf dem Gebiet der gentechnischen Forschung wurden die Arbeiten zur Transformation bei Apfel fortgesetzt. Im Mittelpunkt stehen vor allem die molekulare Beurteilung der Pflanzen und Probleme der Genexpression. Durch finanzielle Unterstützung über Projektmittel des Freistaates und des Bundes ist es möglich, eine Reihe von Untersuchungen auf dem Gebiet der Risikoforschung gentechnisch veränderter Pflanzen durchzuführen, die für mehrjährige Gehölze und Fremdbefruchter von besonderem Interesse sind.

Zum gegenwärtigen Zeitpunkt befinden sich 30 homozygote Linien aus der Haploidenerzeugung bei Apfel als Veredlungen in der Baumschule bzw. im Versuchsfeld. Zur umfassenden Charakterisierung der Homozygotie wurde begonnen, Mikrosatelliten-Marker zu nutzen. Durchgeführte Fruchtanalysen und Verkostungen der Äpfel der Linien aus der *In-situ*-Parthenogenese zeigten positive Ergebnisse hinsichtlich Vitamin-C-Gehalt und Geschmack im Vergleich zu Standardsorten.

Die Arbeiten zur Entwicklung von DNA-Markern für die Identifizierung von Resistenzgenen gegen *Venturia inaequalis* (Apfelschorf) und *Podosphaera leucotricha* (Apfelmehltau) bei Apfel wurden im Berichtsjahr intensiviert. Erstmals war es möglich, bei einer Reihe von Populationen eine markergestützte Selektion gegenüber Schorfgenen durchzuführen und die Markeranalysen mit den phänologischen Daten der Gewächshausbonituren zu vergleichen.

Nachdem im Jahr 2000 durch gemeinsame Anstrengungen von Bund und Freistaat ein hergerichtetes modernes Laborgebäude in Betrieb genommen worden ist (Abb. 2), erhielt das Institut zum Ende des Jahres 2001 ein neu gebautes Funktionsgebäude für den Gewächshausbetrieb auf dem Gelände der ehemaligen Königlichen Hofgärtnerei (Abb. 3). Mit modern eingerichteten Arbeits-, Funktions- und Sozialräumen haben sich die Arbeitsbedingungen für die Mitarbeiter am Standort Pillnitz erheblich verbessert. Gleichfalls fertig gestellt wurden die Gewächshausanlage und der Außenbereich mit Freilandkulturflächen. Die als Kabinengewächshaus konzipierte Anlage bietet auf einer Gesamtnutzfläche von 1.548 m<sup>2</sup> mit einer individuellen, automatisch gesteuerten Kulturführung in jeder einzelnen Kabine exzellente Bedingungen für die Durchführung der vielseitigen Züchtungs- und Forschungsaufgaben des Instituts.

Für die Mitarbeiter/Innen des Standortes Dresden-Pillnitz stehen nun modernste Arbeitsbedingungen zur Verfügung, die wiederum die besten Voraussetzungen schaffen, die bisher erfolgreichen und international anerkannten wissenschaftlichen Forschungsarbeiten des Instituts fortzusetzen.



Abb. 2: Das Laborgebäude – Hauptsitz des Instituts  
Fig. 2: The main building of the institute where the laboratories are situated



Abb. 3: Der neue Versuchsgewächshauskomplex des Instituts  
Fig. 3: The greenhouse facilities of the institute

Im Juli 2001 wurde im Ergebnis eines Berufungsverfahrens Frau Direktorin und Professorin Dr. Viola Hanke zur neuen Leiterin des Instituts ernannt. Unter ihrer Leitung werden die wissenschaftliche Profilierung von Züchtung und Züchtungsforschung im Rahmen einer bundesdeutschen Forschungslandschaft vorangebracht, die bewährten Traditionen des Pillnitzer Instituts fortgesetzt und die Verbindungen von Wissenschaft und obstbaulicher Praxis weiterentwickelt. Von weitreichender Bedeutung ist auch die Festigung der Zusammenarbeit mit der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft, der Genbank Obst des Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben und den ‚grünen‘ Bereichen der Hochschule für Technik und Wirtschaft am Standort Pillnitz.

The main objective of research performed at the Institute for Fruit Breeding is the selection of scion and rootstock cultivars in top fruit and small fruit species for an ecological friendly fruit production. Special emphasis is directed on resistance breeding to minimise the application of chemicals for plant protection, on selection to improve quality of fruit as for consumers as for processing industry and on research in risk assessment of biotechnological approaches. This aim is achieved by an integrated research concept of combining classical cross breeding, cell and tissue culture, genetic engineering and molecular methods.

In 2001, the following scientific contribution was achieved at the Institute for Fruit Breeding:

### **Breeding**

Most research projects are focused on the main fruit species, the apple. In 2001, the application for European plant breeder's rights was submitted for three Re-cultivars – ‘Rebella’ (Fig.1), ‘Regine’, ‘Renora’. Six new resistant selections were planted together with new varieties from abroad in a Federal trial at 16 different locations in Germany in 2001. As a result of resistance breeding to fire blight (*Erwinia amylovora*) conducted since three decades and based on a research program dealing with the causal organism of the disease and its virulence, six new breeding selections with high, stable resistance to fire blight were selected. At the same time, these selectios are resistant to scab and mildew. The cv. ‘Regia’ resistant to scab and mildew turned out to be also resistant to fire blight. The stability of scab resistance in trials at different locations corresponded with previously obtained results, except at the location Rostock scab infections were detected.

In sweet and sour cherries, selection was focused on new clones and research on resistance to leaf spot (*Blumeriella jaapii*) and to *Monilinia laxa*.

As a result of rootstock breeding for sweet cherry the trials for the rootstock ‘Piku 4’ were completed and the plant breeder's rights were obtained. This rootstock shows a reduced growth compared to the rootstock *P. avium*, about 20 to 40 %. The first crop is produced earlier and higher in the first years than on *P. avium*. This rootstock is especially recommended for light soils with low precipitation.

In small fruit species, selection was emphasised on strawberry. Main topic in classical breeding is the selection, evaluation and recommendation of new varieties for the fruit grower which are prized by high and stable yielding, excellent fruit quality and resistance to biotic and abiotic factors. In 2001, the Pillnitz varieties ‘Fraroma’ and ‘Frabella’ were granted with plant breeder's rights.

### **Breeding research**

In the field of genetic engineering, the experiments on transformation in apple were continued. Main focus was on molecular characterisation of transgenic plants and on gene expression studies. Based on financial support of the Saxon State and the Federal government research on risk assessment genetically engineered plants was started, which is in general of high interest for perennial out-pollinated trees.



At present, 30 homozygous lines produced by the haploidisation program in apple were planted as grafted trees in the nursery and the orchard. It was started to apply microsatellites for further characterisation of the homozygosity. Analysis of the fruits and degustations showed positive results concerning the vitamin C content and the flavour compared to standard varieties.

Research on the development of DNA-markers for identification of resistance genes to scab and mildew in apple has been improved. For the first time, a number of populations were used for marker assisted selection and the data obtained were compared to phenological data from greenhouse evaluation.

Since in 2000, a modern reconstructed laboratory building funded by the State and the Federal governments was taken into operation (Fig. 2), at the end of 2001, the institute obtained a new built administrative building for the greenhouse at the site of the former Royal gardens (Fig. 3). The working conditions for the Institute's staff have been remarkable improved due to these modern facilities. At the same time, a new greenhouse complex and outdoor facilities for plant cultivation were built. The greenhouse complex operates with various smaller cubicles allowing the regulation of conditions for plant cultivation individually and automatically on a overall area of 1.548 m<sup>2</sup>.

At present, best working conditions available for the Institute's staff at Dresden-Pillnitz which are the basis to continue a successful research well-known also at the international level.

In July 2001, Dr. Viola Hanke was appointed to be in charge of the Institute. The scientific profile of breeding and breeding research embedded in a federal German research scene will progressing, the remarkable traditions of the Pillnitz institute will be continued and the contacts between science and fruit growers will be further developed.

## 1. Züchtung Breeding

### 1.1 Entwicklung von Apfelsorten mit multipler Resistenz gegen *Venturia inaequalis*, *Podosphaera leucotricha*, *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae*, *Panonychus ulmi* in Kombination mit hoher Produktqualität

**Development of apple cultivars with multiple resistance to *Venturia inaequalis*, *Podosphaera leucotricha*, *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae* and *Panonychus ulmi* combined with high product quality**

Fischer, C.

Zielsetzung/Aim:

Das langjährige Apfelzüchtungsprogramm beinhaltet: Züchtung neuer Apfelsorten mit hoher Resistenz gegen biotische und abiotische Schadfaktoren, mit hoher Fruchtqualität und hohen, stabilen Erträgen mit hoher Ertragssicherheit; Züchtung auf dauerhafte Mehrfachresistenz, vor allem gegen Schorf, Mehltau und Feuerbrand als die ökonomisch wichtigsten Krankheiten sowie hohe Winterfrosthärte, gekoppelt mit hoher Fruchtqualität; Herstellung neuer, multipel resistenter Donoren; Prüfung der Stabilität der Resistenzen im Feldbestand; Vererbung der Resistenzen und obstbaulicher Merkmale.

In the long-term apple breeding program at Pillnitz the following characteristics will be combined: high fruit quality, regularly high productivity, resistance to economically important diseases especially scab, mildew, fire blight. Further breeding aims: durability of multiple resistances, development of multiple resistant donors, screening for resistance durability in the open ground, screenings of heritability of breeding objectives.

Ergebnisse:

Im Jahr 2001 wurden drei Re-Sorten® 'Rebella', 'Regine' und 'Renora' zum EU-Sortenschutz angemeldet. Die befruchtungsbiologischen Arbeiten für die Neuzüchtungen wurden fortgesetzt, die bisherigen Ergebnisse veröffentlicht. Die obstbaulichen Leistungsprüfungen wurden weitergeführt, die bisherigen Ergebnisse der Pi-Klone sind in Tabelle 1 zusammengefasst. Für die in den Leistungsprüfungen befindlichen konventionellen und resistenten Neuzüchtungen wurden Befruchtersorten ermittelt. Die Untersuchungen zur Stabilität der Schorffresistenz wichtiger resistenter Apfelsorten des In- und Auslandes wurden fortgesetzt, die Ergebnisse aus den Vorjahren konnten bestätigt werden. Eine sehr frühe Schorfinfektion bereits in der Apfelblüte führte 2001 wiederum an zwei Standorten in Mecklenburg zu Schorfbefall an einigen in- und ausländischen resistenten Sorten. An den anderen Standorten trat in Anlagen mit resistenten Apfelsorten ohne Fungizid-

spritzungen auch 2001 kein Schorfbefall auf. Die bereits früher getroffene Empfehlung, 80 % (nicht 100 %) der Fungizide im Anbau von resistenten Apfelsorten einzusparen, wird damit auch im Jahr 2001 bestätigt.

Im Berichtsjahr wurde folgendes Pflanzenmaterial hergestellt und selektiert: 67 Nachkommenschaften aus Kreuzbestäubungen für die Sortenzüchtung mit hoher Fruchtqualität und Produktivität sowie multipler Resistenz, Populationen für spezifische Screenings auf Feuerbrandresistenz, Kreuzbestäubungen für die Ermittlung befruchtungsbiologischer Eigenschaften und neuen multiplen Ausgangsmaterials als Kreuzungseltern. Nach Aussaat von 5700 Samen wurden durch Frühselektion auf Schorf 1000 resistente Sämlinge (= 18 %) selektiert und in den Zuchtprozess eingegliedert. Aus Rückkreuzungen für Mehltauresistenz wurden 850 Samen ausgesät und 270 resistente Sämlinge selektiert sowie in Markeranalysen einbezogen. 900 Samen wurden für spezifische Untersuchungen zur Feuerbrandresistenz angezogen. Für Rassenuntersuchungen beim Apfelschorf wurden 400 Samen ausgesät. In Resistenzprüfungen gegenüber Feuerbrand wurden insgesamt 126 Sorten, Zuchtstämme und Wildarten getestet, von denen sich 35 als hochresistent (Wertzahl 9,0 bis 8,0) und 19 Zuchtstämme als ausreichend resistent (Wertzahl 7,9 bis 7,0) erwiesen. Davon zeigten 6 Genotypen praktisch keine Infektionen (Bewertung 9,0). In der Resistenzprüfung erwies sich die Re-Sorte® 'Regia' (Sortenschutz seit 2000) gleichfalls als hoch resistent. Eine langjährige stabile, hohe Resistenz gegenüber Feuerbrand wurde für

weitere 6 Zuchtstämme sowie die Re-Sorten® 'Realka', 'Reanda', 'Rebella', 'Regine', 'Remo', 'Resi', 'Rewena' ermittelt. Resistenzprüfungen gegenüber Aphiden und Spinnmilben wurden 2001 im Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben weitergeführt. Geringe Anfälligkeit für Befall mit Blattläusen, *Aphis pomi*, zeigte sich bei den Re-Sorten® 'Reanda', 'Rebella', 'Regine', 'Relinda', 'Renora', 'Resi' und 3 Zuchtstämmen sowohl in der Klimakammer als auch im Freiland. Ähnliche Ergebnisse wurden im Freiland in Pillnitz erzielt. Die Virustestung wurde 2001 fortgesetzt.

Abstract:

In 2001, the Re-cultivars 'Rebella', 'Regine' and 'Renora' were applied for Community Plant Variety Rights. Six resistant apple breeding clones will be planted into Federal cultivar trial at 16 locations in Germany. The scab and fire blight resistant Pillnitz cultivars remained durable in different screenings for stability of resistance. 35 apple clones have a high resistance to fire blight. Six Re-cultivars® showed only a low susceptibility to *Aphis pomi*.

In Zusammenarbeit mit: BAZ Aschersleben, Richter, Habekuß, Proeseler; IPK, Genbank Obst Dresden-Pillnitz, Fischer, Geibel; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft Dresden, Handschack, Wilcke, Wiedemann; INRA Angers, Frankreich, Laurens, Lespinasse; EFA Wädenswil, Schweiz, Kellerhals; ETH Zürich, Schweiz, Gessler, Koller; Cornell University Geneva, USA, Brown.

Tab. 1: Charakteristik neuer Apfelzuchtstämme im Vergleich zu 'Golden Delicious'  
Characteristics of new apple clones compared to 'Golden Delicious'

Sorte Zuchtstamm	Eltern	Versuchs- jahre	Reifezeit	Ertrag kg/B. Summe Jahre	Ertrag % zu GD	mittl. Fr.- masse/g	Frucht- bonitur*
'Golden Delicious' (GD)	Zufallssämling	1997-2001	Okt.-April	25,7	100	166	6/6/6
		1996-2001		40,4	100		
Pi-A-6,37	'Pinova' x 'Idared'	1996-2001	Nov.-Mai	46,9	116	183	7/7/7
Pi-A-10,113	'Pilot' x 'Piros'	1997-2001	Sept.-Nov.	30,7	119	135	7/6/6
Pi-A-12,51	'Idared' x 'Pilot'	1997-2001	Okt.-Jan.	37,3	145	149	6/7/6
Pi-A-13,77	'Pirella' x 'Idared'	1997-2001	Sept.-Dez.	36,3	141	218	7/7/7
Pi-A-13,97	'Pirella' x 'Idared'	1997-2001	Sept.-Nov.	34,8	135	169	7/8/7
Pi-A-17,45	15,130 x 'Pinova'	1996-2001	Okt.-März	42,2	105 247	8/8/8	

\* Fruchtbönetur: Aussehen, Geschmack, Gesamtbewertung (1 = sehr schlecht, 9 = ausgezeichnet)

(BAZ-4101)

**1.2. Reduktion chemischer Pflanzenschutzmittel in der Apfelproduktion zum Vorteil für Verbraucher und Anbauer durch ein Entwicklungskonzept zur Erhöhung dauerhaft natürlicher Resistenz gegenüber Krankheiten**

**Kurztitel: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel**

**Reducing chemical input in apple production in response to consumer and growers environmental concerns by increasing the durability of natural disease resistance**

**Short title: Durable disease resistance in apple.**

**EU-Project: PL 97-3898**

Fischer, C.

**Zielstellung/Aim:**

Entwicklung von neuem, dauerhaft resistentem Pflanzenmaterial beim Apfel gegen Schorf und Mehltau, Bearbeitung eines Netzwerkes der Pathogene über die Verbreitung und das Auftreten von verschiedenen Biotypen der Pilze, Erarbeitung von Grundlagen für Entwicklung und Marketing neuer Apfelsorten mit dauerhafter Resistenz gegen Schorf und Mehltau.

Development of plant material, a pathogen observation network, knowledge and methodologies, basic for the creation and marketing of new apple varieties carrying durable resistance against scab and powdery mildew.

**Ergebnisse:**

Die 2001 durchgeführten Resistenzprüfungen gegen Schorf im Freiland ergaben eine gute Übereinstimmung des Resistenzgrades bzw. Befallsgrades der Sorten und Zuchtstämme zu den Vorjahren. Von 20 Apfelgenotypen erwiesen sich im Freiland am Standort Pillnitz als resistent: Vf: 'Prima', Pi-AS-1, Pi-AS-2; polygen: 'Dülmener Rosenapfel', 'Rote Sternrenette', TN 10-8. Die Vergleichssorten 'Fiesta', 'Gala' und 'Golden Delicious' wurden 2001 im Freiland sehr stark mit Schorf befallen.

Günstig gestalteten sich auch die Infektionsbedingungen für den Mehltau im Freiland. Von den schorfresistenten Genotypen wurde TN 10-8 mittelstark befallen. Einige Sorten blieben resistent bzw. sehr schwach anfällig: 'Durello die Forli', 'Delicious', 'Melba', Pi-AS-22,17, 'Rewena', 'Rote Sternrenette'.

Die Modell-Population C3 ('Discovery' x 'Prima') wurde im Freiland gegenüber Schorf- und Mehltaubefall bewertet. Der Anteil resistenter Sämlinge in der Population betrug im Jahr 2001 bei Schorf 38 %, bei Mehltau 24 %, über 3 Jahre von 1999 bis 2001 bei Schorf 32 % und bei Mehltau 10 %. Im Jahr 2001 haben in der C3-Population 31 % der Sämlinge und 70 % der veredelten Bäume geblüht.

**Abstract:**

The strategy to improve the durability of scab and mildew resistance is pyramiding of resistance genes in new apple plant material. The characterised cultivars and clones were resistant in the core orchard: Vf: 'Prima', Pi-AS-1, Pi-AS-

2; polygenic: 'Dülmener Rosenapfel', 'Rote Sternrenette', TN 10-8. The control cultivars 'Fiesta', 'Gala', and 'Golden Delicious' were very susceptible against scab because the weather conditions were very good for scab infections. The genotypes 'Durello die Forli', 'Delicious', 'Melba', 'Rewena', 'Rote Sternrenette' and Pi-AS-22,17 showed also a good resistance or low susceptibility for mildew in the field.

In Zusammenarbeit mit: BAZ Ahrensburg; INRA Angers, Frankreich; CPRO-DLO Wageningen, Niederlande; ETH und EFA Zürich und Wädenswil, Schweiz; HRI East Malling, England; DCA-BO Bologna, Italien; NAGREEF Naoussa, Griechenland; CRA Gembloux, Belgien.

(EU-Projekt PL 97-3898)

**1.3. Entwicklung ertragreicher Sauerkirschensorten mit hoher Produktqualität und Resistenz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern**

**(*Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii* und *Pseudomonas syringae*) sowie Spätfrosttoleranz**

**Development of productive sour cherry cultivars with high fruit quality and resistance to *Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii* and *Pseudomonas syringae* and tolerance to spring frost**

Schuster, M.

**Zielsetzung/Aim:**

Züchtung von neuen selbstfertilen Sauerkirschensorten mit guter Fruchtqualität und Verarbeitungseignung, mit Resistenz bzw. Toleranz gegenüber *Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii*, *Pseudomonas syringae* sowie Spätfrosttoleranz. Gezielte Kreuzungskombinationen, Selektion von Sämlingen, Resistenzprüfungen, Generationsbeschleunigung, markergestützte Selektion, Prüfung der Verarbeitungseignung, obstbauliche Prüfung, Vererbungsanalysen.

Breeding of new self-compatible sour cherry cultivars with high fruit quality and processing ability, with resistance or tolerance to *Monilinia* ssp., *Blumeriella jaapii*, *Pseudomonas syringae* and spring frost. Controlled hybridisation, seedling selection, resistance screenings, acceleration of generation, marker-assisted selection, test of fruit processing, fruit growing qualification tests, inheritance analysis.

**Ergebnisse:**

Im Berichtszeitraum wurden 21 Kreuzungskombinationen realisiert. Im Ergebnis konnten von den 15 622 bestäubten Blüten 657 Früchte geerntet werden. Dies ist ein durchschnittlicher Fruchtansatz von 4,2 %. Neben Kombinationseffekten sind Gründe für den schlechten Fruchtansatz im Witterungsverlauf im Frühjahr zu suchen. Die Samen aller geernteten Früchte wurden unmittelbar nach der Ernte ohne Kerngehäuse und Samenschale ausgesät. Aus den Kreuzungen des Vorjahres wurden in diesem Jahr 600 Sämlingsbäume im Versuchsfeld ausgepflanzt.

Für genetische und molekulare Untersuchungen bei Sauer-

kirschen wurde begonnen, eine Population der Kreuzungskombination 'Köröser Gierstädt' x 'Vowi' genauer zu beschreiben. Hierzu wurden neben phänologischen, inhaltsstofflichen und Ertragsmerkmalen die Fertilität und die Reaktion gegenüber Krankheiten bewertet. Die beiden Kreuzungseltern unterscheiden sich in ihrem Habitus, ihren Fruchtmerkmalen, der Fertilität und in ihrer Reaktion gegenüber Pathogenen. Zur Frage der Selbstinkompatibilität wurde der Fruchtansatz nach Selbstungen und 'freier Abblüte' bestimmt sowie fluoreszenzmikroskopische Untersuchungen zum Pollenschlauchwachstum im Griffel durchgeführt. Erste Ergebnisse bestätigen bisherige Untersuchungen, dass die Selbststerilität bei Sauerkirschen nicht nur durch eine gametophytische Selbstinkompatibilität bedingt sein kann. Diese Arbeiten werden in den nächsten Jahren wiederholt.

In Fortführung der Arbeiten zur Krankheitsresistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz, *Blumeriella jaapii*, erfolgten weitere Untersuchungen zur Inkulturnahme und zur Vermehrung des Pilzes. Im Ergebnis dieser Arbeiten war es möglich, Isolate des Erregers der Sprühfleckenkrankheit von Süß- und Sauerkirsche *in vitro* zu kultivieren und zu vermehren. In weiteren Schritten konnte eine Blattinfektionsmethode im Labor entwickelt werden (Abb. 1). Siehe hierzu auch die Ergebnisse im Projekt BAZ-4121.

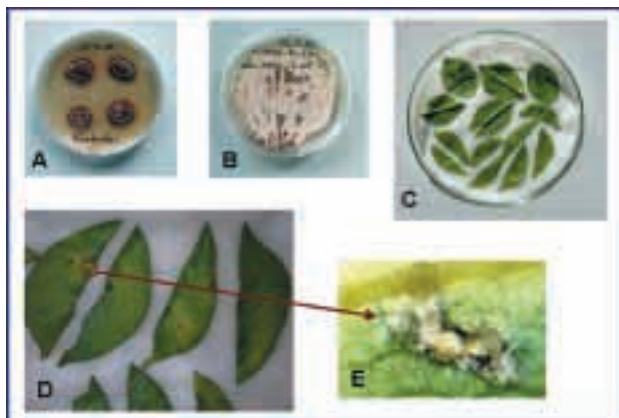


Abb. 1: Sprühfleckeninfektion: A – *Blumeriella jaapii*, B – Vermehrung des Pilzes; C – Blätter/Blattstücke zur Inokulation; D – Infizierte Blätter; E – Acer-vuli mit Konidien

Fig. 1: Leaf spot inoculation: A – *Blumeriella jaapii*, B – propagation of the fungus; C – leaves/leaf disks for the inoculation; D – infected leaves; E – acer-vuli with conidia

Der Erreger der Spitzendürre, *Monilinia laxa*, konnte gleichfalls erfolgreich im Labor etabliert werden. Erste Versuche zur Entwicklung einer Infektionsmethode im Freiland erfolgten an der Sorte 'Schattenmorelle'.

#### Abstract:

21 cross combinations were realised to continue the breeding program. From 15 622 pollinated blossoms 657 fruits were harvested (fruit set 4,2 %). 600 new seedling from the last season were planted in the orchard. For genetical and molecular investigations a cross population of

'Köröser Gierstädt' x 'Vowi' was evaluated. To continue the investigations on leaf spot resistance, a collection of leaf spot isolates from sweet and sour cherries were established *in vitro*. In an additional step an inoculation test was developed on leaves or leaf disk in the laboratory.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft Dresden, Wiedemann, Großmann; IPK, Genbank Obst Dresden-Pillnitz, Fischer; LVA Erfurt, Möhler; LVA Müncheberg, Schwärzel; SLVA Oppenheim, Hilsendegen; Michigan State University, East Lansing, USA, Iezzoni; Research Institute of Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, Apostol, Bujdosó.

(BAZ-4102)

#### 1.4. Entwicklung von Süßkirschensorten mit Selbstfertilität, hoher Produktivität und Toleranz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Cytospora* ssp., *Pseudomonas syringae*) Development of sweet cherry cultivars with self-fertility, high fruit quality and tolerance to diseases (*Cytospora* ssp., *Pseudomonas syringae*) Schuster, M.

##### Zielsetzung/Aim:

Züchtung von Süßkirschensorten mit hoher Fruchtqualität (Fruchtgröße, -farbe, -festigkeit und geringe Platzempfindlichkeit), Selbstfertilität und Toleranz gegenüber *Cytospora* ssp., *Pseudomonas syringae* und Spätfrost. Gezielte Kreuzungskombinationen, Selektion von Sämlingen, Resistenzprüfungen, Generationsbeschleunigung, befruchtungsbiologische Untersuchungen, markergestützte Selektion, Prüfung der Verarbeitungseignung, obstbauliche Prüfung, Vererbungsanalysen.

Breeding of sweet cherry cultivars with high fruit quality (fruit size, fruit firmness, fruit colour, low susceptibility to cracking), self-compatibility and tolerance to *Cytospora* ssp., *Pseudomonas syringae* and spring frost. Controlled hybridisation; seedling selection; resistance screenings; acceleration of generation; investigations on fertility; marker-assisted selection; test of fruit processing; fruit growing qualification tests; inheritance analysis.

##### Ergebnisse:

Im Rahmen des diesjährigen Kreuzungsprogramms wurden vier Kreuzungskombinationen mit zuchtmethodischem Schwerpunkt durchgeführt. Im Mittelpunkt stand dabei die Frage der Vererbung der Resistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz, *Blumeriella jaapii*. Von den 3872 bestäubten Blüten konnten aber nur 82 Früchte (2,2 %) geerntet werden. Als Ursache für diesen geringen Fruchtansatz sind eine mögliche Kreuzungsunverträglichkeit und ungünstige Kreuzungsbedingungen im Frühjahr anzuführen. Alle Samen der geernteten Früchte wurden unmittelbar nach der Ernte ohne Kerngehäuse und Samenschale ausgesät.

Zur Charakterisierung von Kreuzungspopulationen und Artbastarden auf ihre Resistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz erfolgten Untersuchungen mit Hilfe eines neu entwickelten Infektionstests im Labor (siehe BAZ-4102). Hierzu wurden Blätter bzw. Blattstücke der einzelnen Genotypen mit einem lokalen Konidiengemisch des Sprühfleckenpilzes inokuliert. Im Ergebnis konnte eine Aufspaltung in resistente und anfällige Sämlinge in der Kreuzungspopulation bonitiert werden. Diese ersten Ergebnisse müssen in weiteren Versuchen und durch Freilandbonituren bestätigt werden. Bei der Prüfung von befallsfreien Artbastarden konnte die Resistenz gegenüber dem Sprühfleckenpilz bestätigt werden.

Aus den Kreuzungen des Vorjahres wurden in diesem Jahr 1330 Sämlingsbäume in das Versuchsfeld ausgepflanzt. Im Ergebnis der Verlagerung aller Züchtungsarbeiten vom Standort Dresden-Kauscha nach Dresden-Pillnitz wurden 53 Zuchtstämme in einem neuen Zuchtstammversuch ausgepflanzt.

Im Rahmen der Unterlagenzüchtung für Süßkirschen konnte in diesem Jahr die Registerprüfung zur Erteilung des Sortenschutzes im Bundessortenamt erfolgreich für die Unterlagensorte 'Piku 4' abgeschlossen werden. Diese Unterlage zeichnet sich durch eine Wuchsreduzierung von 20 bis 40 % gegenüber der Unterlage *P. avium* aus. Der Ertrag setzt früher ein als auf *P. avium* und ist in den ersten Jahren höher. Die Unterlage hat sich besonders auf leichteren Böden mit geringeren Niederschlägen gut bewährt.

Abstract:

To investigate the inheritance of resistance to leaf spot, *Blumeriella jaapii*, in sweet cherries, four cross combinations were made. The cherry species *P. canescens* and a hybrid of *P. avium* x *P. canescens* were used as resistant crossing parents. In result of the pollination of 3872 flowers, 82 fruits were harvested (2,2 % fruit set). To characterise the resistance to leaf spot in sweet cherry cross populations and in interspecific hybrids, a leaf disk tests was established. In result of these first tests, segregation in resistant and susceptible seedlings were evaluated. These results have to be confirmed with evaluation data of field testing during the next years. In the field, resistant interspecific hybrids showed similar results as in the laboratory test. In 2001, the evaluation was completed in application for the cherry rootstock cultivar 'Piku 4' for National Plant Breeders Rights. The rootstock 'Piku 4' induces a growth reduction of the grafted variety of about 20 to 40 % in comparison with *P. avium* depending on variety and location. The yielding stage starts earlier than on *P. avium* and the yield is higher in the first years. The rootstock is suitable for sandy and light soils with low precipitation.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft Dresden, Wiedemann, Großmann; IPK, Genbank Obst Dresden-Pillnitz, Fischer; LVA Erfurt, Möhler; LVA Müncheberg, Schwärzel; SLVA Veitshöchheim, Siegler; Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung Großhansdorf, Schüler; HRI, East Malling, Großbritannien, Tobutt, Sonneveld; Research Institute of

Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest, Ungarn, Apostol, Bujdoso; Research and Breeding Institute, Holovousy, Tschechische Republik, Blazkova.

(BAZ-4121)

#### 1.5. Erstellung von resistantem Basismaterial bei Erdbeere mit Resistenz gegen *Phytophthora fragariae* Hickmann, *Phytophthora cactorum* (Leb. & Cohn) Schroet., *Verticillium dahliae* Kleb. sowie mit hoher Fruchtqualität

**Breeding of basis material of strawberry with resistance to *Phytophthora fragariae* Hickmann, *Phytophthora cactorum* (Leb. & Cohn) Schroet., *Verticillium dahliae* Kleb. as well as with high fruit quality**

Dathe, B.; Hanke, V.

Zielsetzung/Aim:

*Phytophthora fragariae*, *P. cactorum* und *Verticillium* sp. sind bodenbürtige Schaderreger, die in der Erdbeerproduktion bedeutende Schäden mit hohen ökonomischen Verlusten verursachen. Ziel der Züchtungsforschung: Untersuchung der genetischen Ressourcen der Resistenzen gegen *P. fragariae*, *P. cactorum* und *Verticillium* sp. in Wildarten und Sorten; Entwicklung von Selektionsmethoden; Untersuchungen über die Vererbung der Resistenzen; Kombination von Resistenzgenen gegen Rassen eines Pathogens oder unterschiedliche Pathogene; Akkumulation von Resistenzgenen in Donor-Genotypen; Entwicklung von Basismaterial mit Resistenz gegen *P. fragariae*, *P. cactorum* und *Verticillium* sp. sowie mit hoher Fruchtqualität.

*Phytophthora fragariae*, *P. cactorum* and *Verticillium* sp. are soilborne pathogens which cause important diseases with high economic losses in strawberry production. Aim of breeding research: exploration of genetic resources for resistances to *P. fragariae*, *P. cactorum* and *Verticillium* sp. in wild species and varieties; development of selection methods; studies on inheritance of resistances; combination of resistance genes in donor-genotypes; development of basic material with resistance to *P. cactorum* and *Verticillium* sp. and with a high fruit quality.

Ergebnisse:

Die Selektionsarbeiten im Zuchtgarten wurden im Berichtsjahr fortgesetzt. Aufgrund personeller Einschränkungen bei der wissenschaftlichen Betreuung des Zuchtmaterials erfolgte eine Reduzierung des Versuchsumfanges.

Die Registerprüfungen zum Sortenschutz wurden abgeschlossen und für die Sorten 'Fraroma' und 'Frabella' wurde Sortenschutz erteilt.

Abstract:

In 2001, selection in the breeder's orchard was continued. Due to a lack of scientific supervision the material was reduced.

The evaluation for three new cultivars was finished successfully and 'Fraroma' and 'Frabella' obtained plant breeder's rights.

In Zusammenarbeit mit: Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft Dresden, Krieghoff; Bundessortenamt

## 2. Züchtungsforschung Breeding Research

### 2.1. Erarbeitung und Anwendung cytogenetischer Methoden zur Genomuntersuchung bei Obst Development and application of cytogenetic methods for description of fruit genomes

Schuster, M.

Zielsetzung/Aim:

Schwerpunkt der Untersuchungen ist es, die Genomzusammensetzung von Obstarten mit Hilfe klassischer und molekularer cytogenetischer Methoden klären zu helfen und chromosomenspezifische Marker zu finden. Neben der Chromosomen-Bänderungstechnik und Meioseuntersuchungen soll die Methode der *In-situ*-Hybridisierung angewandt und weiterentwickelt werden.

The objective of the investigations is to describe the genome of fruit species by using classical and molecular cytogenetic methods and to find chromosome specific markers. Beside the chromosome-banding-technique and meiotic investigations the *in situ* hybridisation method will be used and further developed.

Ergebnisse:

Im Rahmen der cytogenetischen Untersuchungen an Obst erfolgten Chromosomenzahlbestimmungen an Genotypen der Wilderdbeere.

Zur taxonomischen Einordnung und zur Beschreibung neuer Erdbeerarten wurde hierzu die Chromosomenanzahl von Wilderdbeer-Herkünften aus Asien und Europa bestimmt. Diese Arbeiten erfolgten in Zusammenarbeit mit Herrn Professor Dr. Staudt.

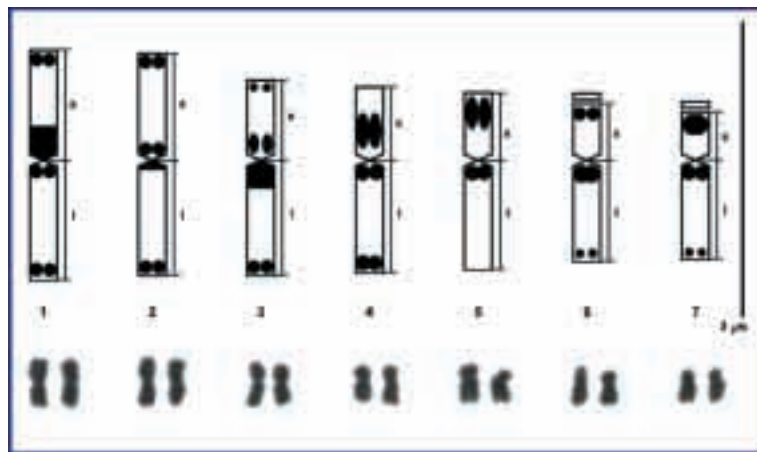


Abb. 1: Karyotyp und Idiotyp von *Fragaria viridis* Duch.  
Fig. 1: Karyotype and idiotype of *Fragaria viridis* Duch.

In Fortsetzung der Arbeiten zur karyologischen Beschreibung von Obstgenomen wurde das Genom der Wilderdbeere, *Fragaria viridis* Duch. ( $2n=2x=14$  Chromosomen), mit Hilfe differenzieller Färbemethoden beschrieben (Abb. 1). Die Länge der Chromosomen beträgt zwischen  $1,7 \mu\text{m}$  bis  $2,5 \mu\text{m}$ . Das Genom setzt sich aus fünf metazentrischen und zwei submetazentrischen Chromosomenpaaren zusammen. Alle Chromosomen lassen sich differentiell anfärben und tragen zentromere bzw. telomere Banden. Die beiden kleinsten Chromosomen 6 und 7 besitzen im telomeren Bereich des kurzen Chromosomenarmes die Nukleolus-Organisator-Region (NOR) als sekundäre Einschnürung.

Abstract:

In result of karyological studies in fruits, the genome of *Fragaria viridis* Duch. was described. The length of the 7 chromosome pairs ranges from  $1,7 \mu\text{m}$  to  $2,5 \mu\text{m}$ . The chromosomes can be classified in five metacentric and two submetacentric chromosome pairs. All chromosomes can be differentiated by C-banding staining method. The smallest chromosome pairs 6 and 7 both have the NOR-region on the short chromosome arms.

In Zusammenarbeit mit: IPK, Genbank Obst Dresden-Pillnitz, Geibel; Merzhausen, Prof. Staudt.

(BAZ-4132)

### 2.2. Erstellung transgener Pflanzen bei ausgewählten Apfelsorten und -unterlagen unter Nutzung von Genkonstrukten zur Induktion von Resistenz gegenüber Phytopathogenen

**Transformation of apple scion and rootstock genotypes by gene constructs inducing resistance to phytopathogens**

Hanke, V.; Grafe, C.

Zielstellung/ Aim

Entwicklung eines effizienten Transformationssystems für Apfelsorten und -unterlagen unter Nutzung des *Agrobacterium*-vermittelten Transfers von Nutzenkonstrukten in Blattstücke mit dem Ziel, transgene Pflanzen zu regenerieren, die Resistenz gegenüber Phytopathogenen aufweisen. Methode: Etablierung eines Sprossregenerationssystems an Blattscheiben; Etablierung der Technik des *Agrobacterium*-vermittelten Gentransfers unter Nutzung verschiedener virulenter Stämme; Nutzung von verschiedenen Genkonstrukten; Molekulare Untersuchungen an den putativ transgenen Pflanzen; Testung der transgenen Pflanzen auf Resistenz gegenüber Phytopathogenen mittels künstlicher Infektion.

Development of an efficient transformation system for apple scion and rootstock cultivars using the *Agrobacterium*-mediated gene transfer of beneficial con-

structs into leaf pieces and recovery of transgenic apple plants resistant to phytopathogens. Objectives: to establish a shoot regeneration system on leaf pieces; to establish the *Agrobacterium*-mediated gene transfer using different virulent strains; to apply different gene constructs; to realise the molecular characterisation of putative transgenic plants, to test transgenic plants for resistance to pathogens using artificial infection in the greenhouse.

Ergebnisse:

Die gentechnischen Arbeiten zur Induktion einer Feuerbrandresistenz in Apfel durch Übertragung des EPS-Depolymerase-Gens aus dem Bakteriophagen Ea1 wurden fortgesetzt. 83 transgene Linien der Ausgangssorte 'Pinova' wurden regeneriert, die auf jeweils ein Transformationsereignis zurückgehen. Die Integration, Transkription und Translation der Transgene wurden mit verschiedenen molekularen Ansätzen untersucht. Die Feuerbrandresistenz wurde mit Hilfe einer *In-vitro*-Methode unter Verwendung von *gfp*-gelabelten *E. amylovora* – Bakterien untersucht. Die Pflanzen wurden in das Gewächshaus überführt und einer künstlichen Feuerbrandinfektion unterzogen. Die Untersuchungen werden abschließend ausgewertet.

Abstract:

Research on genetic engineering to induce fire blight resistance in apple using the EPS-depolymerase-gen from the bacteriophage Ea1 was continued. 83 different transgenic lines of the mother cultivar 'Pinova' were regenerated. The integration of the transgene, transcription and translation were evaluated using various molecular approaches. Fire blight resistance was evaluated applying an *in vitro* assay based on infection with a *gfp*-labelled *E. amylovora* strain. Plantlets from transgenic line were transferred to a greenhouse for fire blight assays with artificial shoot inoculation.

In Zusammenarbeit mit:

BAZ, Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben, Richter; MPI für Zellbiologie Ladenburg, Geider; Cornell-University, NYSAES Geneva, USA, Aldwinckle

(BAZ-4129)

### **2.3. Untersuchungen zur Stabilität der Merkmalsausprägung in transgenen Gehölzen und zum vertikalen Gentransfer bei Apfel (*Malus domestica*)** **Investigations on stability of traits in transgenic woody plants and on vertical gene transfer in apple (*Malus domestica*)**

Reim, S.; Hanke, V.

Zielstellung/Aim:

Das Projekt befasst sich im Rahmen der Sicherheitsforschung mit der Analyse gentechnisch veränderter Apfelpflanzen. Die Untersuchungen beziehen sich auf die Lokalisierung von Transgenen und den Transport von Trans-

genprodukten in vegetativ vermehrbaren, veredelten transgenen/nicht transgenen Sorten-Unterlagen-Kombinationen, auf die morphologische und obstbauliche Charakterisierung von gentechnisch veränderten Gehölzen nach der Phase der *In-vitro*-Kultur und auf molekulare Untersuchungen zum potentiellen vertikalen Gentransfer unter Nutzung von nicht transgenen Pflanzen.

The project deals with genetically engineered apple plants in the frame of risk assessment. The investigations aimed on the localisation of transgenes and transport of transgene products in vegetative propagated and grafted transgenic / non transgenic scion-rootstock-combinations, on the morphological and pomological characterisation of transgenic woody plants after *in vitro* culture and on molecular experiments of a potential vertical gene transfer using non transgenic plants.

Ergebnisse:

Die Untersuchungen zur Lokalisierung von Transgenen und zum Transport von Transgenprodukten in nicht transformierte Gewebe erfolgen an *Ex-vitro*-Pflanzen im Gewächshaus. Dabei werden transgene Unterlagen, transgene Edelsorten sowie Propfkombinationen aus transgenen bzw. nicht transgenen Edelreis-/Unterlagenkombinationen in die Analysen einbezogen. Für den Nachweis von Transgenen in verholzten Teilen von Edelreis bzw. Unterlagen werden Methoden zur Isolierung genomischer DNA aus verholztem Gewebe entwickelt. Der Nachweis der Integration und Expression von Marker- und Fremdgenen erfolgt mit Hilfe von PCR-Techniken bzw. immunologischen Verfahren, die bereits für transgenes *In-vitro*-Material etabliert sind und für adultes, verholztes Gewebe von *Ex-vitro*-Pflanzen angepasst werden müssen. Zur Zeit werden vorhandene Pflanzen transgener Sorten und Linien bewurzelt. Diese Pflanzen sollen anschließend (im Frühjahr 2002) aus der *In-vitro*-Kultur in das Gewächshaus überführt werden. Von diesen Pflanzen werden verschiedene Veredelungsvarianten hergestellt, die als Probenmaterial dienen.

Ein weiterer Schwerpunkt der Arbeiten sind Untersuchungen zum potentiellen Risiko der Übertragung von Genen über transgenen Pollen auf nicht transgene Apfelgehölze. Der Apfel, als selbststerile, fremdbefruchtende Kulturpflanze, ist nicht durch Kreuzungsbarrieren von anderen Individuen der gleichen Art und von Wildarten getrennt. Die Frequenz des 'gene flows' von einer Apfelsorte auf umliegende Populationen soll in Anhängigkeit von der räumlichen Entfernung mit Hilfe von molekularen Markern geschätzt werden. Unter Verwendung nicht transgener Apfelsorten werden zunächst molekulare genotypspezifische Marker entwickelt. Für die Untersuchung des vertikalen Gentransfers wurden 36 verschiedene Sortengentypen innerhalb der Anlage der Genbank Obst Dresden-Pillnitz ausgewählt. Neun dieser Sorten, die in diesem Bereich sowie in den Bereichen des Versuchsfeldes des Instituts für Obstzüchtung und der Sächsischen Landesanstalt nur einmal vorkommen, fungieren als Pollenspenderpflanzen. Die anderen 27 Sorten stehen als so genannte

Empfängerpflanzen in verschiedenen räumlichen Abständen zu den Pollenspenderpflanzen. Es handelt sich dabei hauptsächlich um die in Pillnitz gezüchteten Pi- und Re-Sorten. Für die Entwicklung genotypspezifischer Marker wurde aus Blattmaterial dieser Sorten DNA isoliert. Weiterhin wurden zwei Methoden etabliert, welche es ermöglichen, DNA aus Apfeln und verholztem Gewebe in hinreichender Menge und Qualität zu isolieren.

Abstract:

The investigations on the localisation of transgenes and transport of transgene products will be performed on different scion-rootstock-combinations of transgenic/non transgenic plant material. The plants were propagated, grafted and prepared for further experiments. Several methods were adopted for isolation of DNA from wooden tissue and for PCR-based analysis of this DNA. For the investigation on vertical gene transfer, 36 different cultivars were chosen within the experimental field of the Genebank in Pillnitz. Nine cultivars are present only once in this area and will be used as pollinizer. The other 27 cultivars are used as recipients at different distances from the pollen dispenser plants. For the development of genotype specific markers, DNA was isolated from leaves.

In Zusammenarbeit mit: IPK, Genbank Obst, Fischer; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft Dresden, Handschack.

(BAZ-4107, gefördert durch das Land Sachsen)

#### **2.4. Etablierung männlicher Sterilität und Parthenokarpie in transgenen Kulturapfelsorten zur Verhinderung des vertikalen Gentransfers auf Wild- und Kulturapfel**

##### **Establishment of male sterility and parthenocarpy in transgenic apple plants**

Flachowsky, H.; Hanke, V.

Zielsetzung/Aim:

Die Übertragung von transgenem Pollen auf nicht transgene Pflanzen und die unkontrollierte Ausbreitung von Samen stellen zwei wesentliche Risikofaktoren bei der Freisetzung transgener Pflanzen, insbesondere bei fremdbefruchteten und insektenbestäubten Arten, dar. Ziel des Projektes ist es, Pollensterilität sowie parthenokarpes Fruchtwachstum an transgenen Pflanzen zu induzieren, um eine Ausbreitung der bereits übertragenen Resistenzgene auf andere Kultur- und Wildapfelbestände unter Freilandbedingungen zu verhindern.

Das Projekt ist Teil des Verbundvorhabens „Spezifische Umweltwirkungen transgener Gehölze“, das im Rahmen des BMBF-Förderungsschwerpunktes „Sicherheitsforschung und Monitoring“ im Programm der Bundesregierung „Biotechnologie 2000“ durchgeführt wird.

A possible transfer of pollen from transgenic to non-transgenic plants and an uncontrolled spread of seeds are both

important risk factors for the release of transgenic plants to the environment. The aim of the project is to establish male sterility and parthenocarpic fruit development in transgenic apple plants to avoid the transfer of genetically engineered resistance genes to the cultured varieties and wild species of apple under orchard conditions.

The project is part of a research network on „Specific environmental impact of transgenic woody plants“, realised in the frame of the programme „Biotechnology 2000“ supported by the Federal government on risk assessment and monitoring.

Ergebnisse:

Die Transformation erfolgt *Agrobacterium tumefaciens*-vermittelt in Blattexplantate der Apfelsorte ‘Pinova’ sowie in 17 transgene Linien dieser Sorte. Die ausgewählten transgenen Linien resultieren aus vorangegangenen Transformationen und tragen unterschiedliche Resistenzgene gegen die im Apfelanbau bedeutsamen Krankheiten Mehltau (*Podosphaera leucotricha*), Feuerbrand (*Erwinia amylovora*) und Schorf (*Venturia inaequalis*). Für die Transformation wird ein am Institut etabliertes Protokoll verwendet.

Bis zum gegenwärtigen Zeitpunkt wurden für Transformationen folgende Konstrukte verwendet:

- Das chimäre Genkonstrukt *DefH9-iaaM* (Rotino et al., 1997), bestehend aus einem MADS-box-genspezifischen Promotor aus *Anthirrinum majus* und dem Gen *iaaM* aus *Pseudomonas syringae* pv. *savastanoi*, dessen Produkt in die Auxinbiosynthese eingreift, mit dem Ziel der Induktion einer parthenokarpn Fruchtentwicklung (Dr. Sommer H., Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung Köln).

- Das Konstrukt *Nin88-Nin88*-Antisense (Goetz et al., 2001), welches durch eine Blockierung der extrazellulären Invertase *Nin88* in frühen Stadien der Pollenentwicklung zu männlicher Sterilität führt (Prof. Dr. Roitsch, Th., Technische Universität Würzburg).

Von diesen Transformationen wurden *In-vitro*-Pflanzen regeneriert (Abb. 1), die zur Analyse auf Integration von Ziel- und Markergen mittels PCR anstehen.

Weitere Konstrukte, welche für künftige Transformationen vorgesehen sind, werden zur Zeit von Dr. Th. Debener an der BAZ in Ahrensburg erstellt. Dabei handelt es sich um ein Konstrukt, welches das Barnase-Gen von *Bacillus amyloliquefaciens* unter der Kontrolle des Tapetum-spezifischen Promotors *TA29* aus Tabak (*Nicotiana tabacum*) enthält. Die Induktion der männlichen Sterilität erfolgt dabei durch Zerstörung der Tapetumzellen. Das zweite Konstrukt enthält das Stilbensynthase - Gen *Vst1* von *Vitis* unter der Kontrolle des gleichen Promotors.

Abstract:

For *Agrobacterium tumefaciens* – mediated gene transfer in leaf explants the apple cultivar ‘Pinova’ and 17 transgenic lines of the cultivar are used. The transgenic lines carrying different resistance genes were established in previous experiments. To induce a parthenocarpic fruit development, the chimeric gene construct *DefH9-iaaM* contain-



ning a MADS box specific promoter and a gene influencing the auxin biosynthesis is used. To induce male sterility, different genes are tested influencing the pollen development.

In Zusammenarbeit mit: Bundesanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstgenetik u. Forstpflanzenzüchtung, Fladung; Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Köln, Sommer; TU Würzburg, Roitsch; BAZ, Institut für Zierpflanzenzüchtung Ahrensburg, Debener.



Abb. 1: Blattexplantate von Apfel mit potentiell transformierten Regeneratsprossen

Fig. 1: Putative transformed regenerated shoots on apple leaf explants

(BAZ-4105, gefördert durch das BMBF)

## 2.5. Charakterisierung der Regeneratpflanzen aus der Haploidenerzeugung beim Apfel

### Characterisation of regenerates of haploid induction in apple

Höfer, M.; Fischer, C.; Grafe, C.

Zielstellung/Aim:

Ziel ist es, die Regeneratpflanzen aus der Haploidenerzeugung im Hinblick auf den Ploidie- und Zygotiegrad, die Morphologie sowie die Resistenzeigenschaften (Schorf, Mehltau) zu untersuchen. Nach positiver Selektion, der Veredlung im Freiland und der Erfassung der Fertilität wird ein Zuchtschema erarbeitet, um durch kombinierten Einsatz von klassischen Züchtungsmethoden und Haploidenerzeugung weitere Möglichkeiten zur Erhöhung der Effizienz in der Selektion zu untersuchen.

The aim is to investigate the regenerates from haploid induction in apple regarding their ploidy level, zygosity, morphology and resistance traits (scab and mildew). After positive selection, grafting in the orchard and determination of fertility a breeding approach will be elaborated to test further possibilities for increased efficiency of selection combining classical breeding and haploid production.

Ergebnisse:

Zum gegenwärtigen Zeitpunkt befinden sich 30 homozygote Linien aus der Antheren- und Mikrosporenkultur sowie aus Versuchen der *In-situ*-Parthenogenese bei Apfel als Veredlungen in der Baumschule bzw. im Versuchsfeld. Im zurückliegenden Versuchsjahr wurden in Kooperation mit Frau Dr. Bueno, INIA in Madrid, erste Untersuchungen von Mikrosatelliten zum Nachweis der Homozygotie an regenerierten Linien durchgeführt. Zunächst konnten Polymorphismen von zwei Apfel-spezifischen SSR-Markern (01a6 und 02b1, Guilford et al. 1997) mit drei Allelen pro Loci anhand von Analysen der 6 Donorgenotypen nachgewiesen werden. Darauf aufbauende Untersuchungen von ersten Linien aus der Antherenkultur und *In-situ*-Parthenogenese zeigten, dass alle Allele der Donorsorten in den Linien auftraten, allerdings wurde nur ein Allel pro Locus in jeder Probe amplifiziert, so dass die Homozygotie sowohl für die Linien androgenen als auch parthenogenetischen Ursprungs belegt werden konnte. Auf der Grundlage dieser Untersuchungen wurde begonnen, den Homozygotie-Nachweis mittels Mikrosatelliten-Marker am Institut für Obstzüchtung zu etablieren.

Im Versuchsjahr wurden umfangreiche molekularbiologische Untersuchungen zum Vorhandensein von Markern eng gekoppelt mit dem Schorfresistenz-Gen  $V_f$  von *Malus floribunda* durchgeführt (Tartarini et al. 1999; Vinatzer et al. 2001). Insgesamt konnten von 44 untersuchten Linien der Donorsorten 'Remo' und 'Rene' bei 33 Linien Banden für die entsprechenden Marker nachgewiesen werden.

Die Erfassungen zur Fruchtqualität und Fertilität wurden an den Linien aus der *In-situ*-Parthenogenese fortgesetzt, wobei erstmals auch an zwei androgenen Linien ein Blütenansatz zu beobachtet war.

Fruchtanalysen belegen insbesondere für den Vitamin-C-Gehalt und die Konzentration an Apfelsäure starke Variationen zur Ausgangssorte. So konnte bei je einer Linie von 'Alkmene' und 'Piglos' eine Erhöhung des Vitamin-C-Gehaltes um das Zehnfache nachgewiesen werden.

Erste Apfelverkostungen wurden in Zusammenarbeit mit der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft durchgeführt. Im Rahmen dieser Untersuchungen erreichten insbesondere die zwei parthenogenetischen Linien der Donorsorte 'Piglos' in Beliebtheit/Geschmack Boniturnoten, welche denjenigen der Standardsorte 'Elstar' entsprechen bzw. übertrafen (Abb. 1).

Abstract:

At present, 30 homozygous lines from anther and microspore culture and *in-situ*-parthenogenesis in apple exist as grafting in the nursery or in the orchard.

For further molecular characterisation of the material, the investigation of apple specific microsatellites was started in co-operation with Dr. Bueno, INIA in Madrid. Initially, PCR amplification with the primer pairs (01a6 and 02b1, Guilford et al. 1997) was performed and showed three different contrasting alleles for the donor genotypes used. All alleles of the parent cultivar were also found in the progeny, but only one allele per locus was amplified in each sample. According to these analyses both the androgenic

and parthenogenic regenerated shoots are homozygous. Comprehensive molecularbiological studies were carried out to investigate the evidence of markers linked to the *Vf* gene for scab resistance from *Malus floribunda* (Tartarini et al. 1999; Vinatzer et al. 2001). Out of 44 lines of the cultivars 'Remo' and 'Rene' tested 33 demonstrated bands of the corresponding markers. The evaluation of fruit quality and fertility of the lines from *in situ* parthenogenesis was continued. First flowers were observed on two different androgenic lines. Fruit analyses gave an evidence for a strong variation especially of the concentration of ascorbic and maleic acid. Two lines demonstrated an increase of the vitamin C-content up to 10 times compared to the donor cultivars. First degustations of apples were carried out in co-operation with the Saxonian Research Institute for Agriculture. Two lines of the donor cultivar 'Piglos' investigated have got evaluation notes for taste comparable to or better as the standard cultivar 'Elstar'.



Abb. 1: Haploidenerzeugung bei Apfel – Linie aus der *In-situ*-Parthenogenese mit Fruchtansatz

Fig. 1: Haploid induction in apple – Parthenogenic line with fruit set

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Obstzüchtung Dresden-Pillnitz, Boudichevskaia, Boudichevski; INIA, Madrid, Spanien, Bueno; Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft Dresden, Handschack.

(BAZ-4124)

## 2.6. Entwicklung von DNA-Markern für Schorf- und Mehlttauresistenzgene in Apfel

### Development of DNA- markers for resistance genes to scab and mildew in apple

Boudichevskaia, A; Boudichevski, N; Fischer, C; Schuster, M.; Hanke, V.

#### Zielsetzung/Aim:

Ziel des Projektes ist die Entwicklung molekularer Marker (RAPD, AFLP) unter Nutzung der „Bulked Segregant Analysis“, welche enge Kopplung zu Mehltau- (*Podosphaera leucotricha*) und Schorffresistenzgenen (*Venturia inaequalis*) aufweisen.

The project aims at the development of closely linked markers (RAPD, AFLP) by using the „Bulked Segregant Analysis“ method in selected populations segregating for mildew and scab resistance genes. These markers will be used in marker assisted selection and gene diagnosis in the breeding process.

#### Ergebnisse:

Die Entwicklung von Sorten mit Resistenz gegenüber Schorf und Mehltau ist ein wichtiges Ziel in vielen Apfelzüchtungsprogrammen. Ein Standbein solcher Züchtungsprogramme ist die markergestützte Selektion und damit verbunden die Identifizierung verschiedener Resistenzgene mit molekularen Methoden. Innerhalb des Projektes stehen drei unterschiedliche Resistenzen zur Diskussion (*Vf* – *Malus floribunda*, *Vr* – *Malus pumila*, *VA* – Antonowka). Im Apfelschorfzüchtungsprogramm in Dresden-Pillnitz wurden PCR-Marker benutzt, um acht Populationen mit über 690 Einzelpflanzen auf *Vf*-Resistenz zu screenen. Diese Populationen sind auf folgende Ausgangskreuzungen zurückzuführen: '*Vf* x *Vr*', '*Vr* x *VA*', 'anfällig x *VA*', '*Vf* x *Vf*' und '*Vr* x *Vf*'. Die Resistenz *VA* geht auf 'Antonowka Kamiena' zurück, die polygen bedingt ist.

Eine markergestützte Selektion (MAS) wurde durchgeführt, um die Gewächshausbonitur zu verifizieren und um Genotypen zu finden, die homozygot für *Vf* sind. Die Analyse des Zuchtmaterials auf *Vf*-Resistenz erfolgte mit den in der Literatur beschriebenen Primern AL07-SCAR und AM19-SCAR (Tartarini et al., 1999). Bei der Untersuchung der Kreuzungsnachkommenschaften der Kombinationen '*Vf* x *Vr*', '*Vr* x *Vf*' konnte eine klare 1:1 Spaltung für *Vf* nachgewiesen werden.

Weiterhin wurde die 466 bp Bande des Markers AL07-SCAR, welche mit *Vf* gekoppelt ist, in der *VA*-resistenten Sorte 'Reglindis' detektiert. Als Ergebnis der Untersuchung von drei *F*<sub>1</sub>-Populationen mit 278 Sämlingen, welche die Schorffresistenz von 'Reglindis' tragen, zeigte sich eine klare 1:1 Spaltung für *Vf*.

Basierend auf den von Vinatzer et al. (2001) für Apfel veröffentlichten Sequenzen von drei eng gekoppelten Genen am *Vf*-Locus (*Vf*1, *Vf*2 und *Vf*3) wurden sequenzspezifische Primer erstellt. Das Screening von Abstammungen mit unterschiedlichen Resistenzherkünften (*Vf*, *VA*, *Vr*) zeigte, dass sämtliche Pflanzen mit *Vf*- bzw. *VA*-Resistenz alle drei *Vf*-Gene tragen. Innerhalb der Sorten mit *Vr*-Resistenz von *Malus pumila* 'Regia', 'Reka' und 'Realka'

konnte keine *Vf*-spezifische Bande nachgewiesen werden. Daraus lässt sich schlussfolgern, dass es sich hier um eine andere Resistenzquelle handelt (Abb. 1).

Für die Entwicklung molekularer Marker, welche mit der *Vr*-Resistenz gekoppelt sind, stehen 12 Populationen mit über 800 Nachkommen von Kreuzungen '*Vr* x anfällig', '*Vf* x *Vr*', '*Vr* x VA' zur Verfügung.

**Abstract:**

Resistance to scab and mildew is an important aim of many apple breeding programmes. One of the components of apple breeding is marker-assisted selection and the identification of different resistance genes against scab and mildew. In the breeding program for scab resistance in Dresden-Pillnitz, PCR-based markers were used to preselect young seedlings of 8 progenies involving about 690 seedlings for *Vf* resistance to scab. The crosses were performed according to the following scheme: '*Vf* x *Vr*', '*Vr* x VA', '*sus* x VA', '*Vf* x *Vf*' and '*Vr* x *Vf*'. Marker-assisted selection (MAS) was applied to confirm greenhouse screening and to detect genotypes which carry homozygous *Vf* scab resistance. For the detection of *Vf* scab resistance, PCR was performed with AL07-SCAR and AM19-SCAR markers (Tartarini et al., 1999). The results indicate that all progenies from crosses '*Vf* x *Vr*', '*Vr* x *Vf*' carry *Vf* and a 1:1 segregation was expected for *Vf* scab resistance. The 466 bp band of the co-dominant AL07-SCAR which is lin-

ked to the *Vf* allele on coupling was found in the VA-resistant cultivar 'Reglindis'. For scab resistance analysis, three F1 populations with 278 seedlings involving resistance to apple scab from the cultivar 'Reglindis' were tested with *Vf*-markers, showing a 1:1 segregation pattern. Based on a valuable information that apple (*Malus sp.*) three genes co-segregating with *Vf* apple scab resistance (Vinatzer et al., 2001), specific primers for each of these genes were designed (*Vf1*, *Vf2* and *Vf3*). Screening of cultivars carrying different resistance sources (*Vf*, *Vr* and VA) with PCR primers showed the presence of specific bands corresponding to each of the genes only in cultivars which carry *Vf* gene and also in the cultivar 'Reglindis', while cultivars 'Regia', 'Reka' and 'Realka' with *Vr* resistance deriving from *M. pumila* Mill. 'R 12740-7A' lacked of the bands. These results indicate that cultivars 'Regia', 'Reka' and 'Realka' carry a source of resistance different from *Vf*. In the apple breeding program for *Vr* scab resistance in Dresden-Pillnitz, 12 populations involving about 800 seedlings from the crosses '*Vr* x *sus*', '*Vf* x *Vr*', '*Vr* x VA' are available.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Zierpflanzenzüchtung Ahrensburg, Dunemann; IPK, Genbank Obst Dresden-Pillnitz, Fischer, Geibel.

(BAZ-4133)

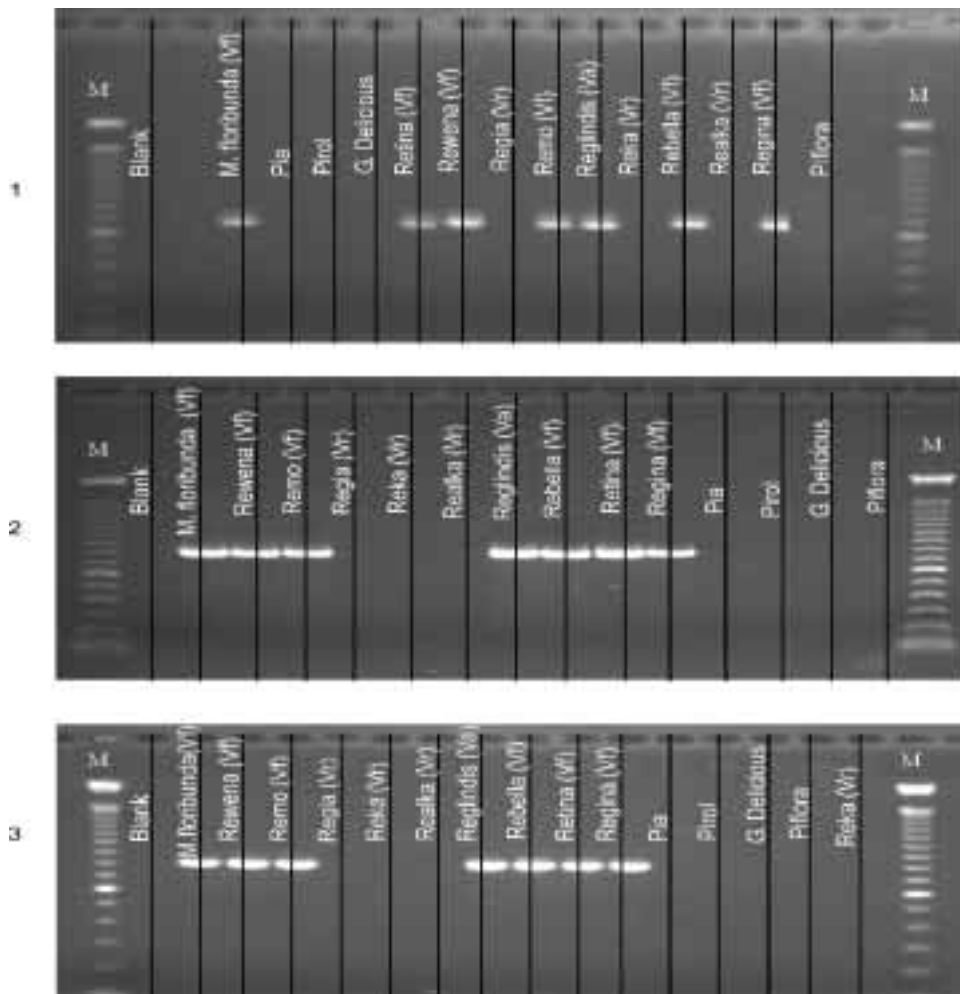


Abb. 1: Identifizierung von Genen, die mit dem *Vf*-Gen co-segregieren. Die DNA wurde mit Hilfe spezifischer Primer für *Vf1* (1-711 bp), *Vf2* (2-819 bp) und *Vf3* (3-811 bp) amplifiziert.

Fig. 1: Identification of genes co-segregating with *Vf*. DNA was amplified using primers specific to the *Vf1* (1-711 bp), *Vf2* (2-819 bp) and *Vf3* (3-811 bp).

# Institut für landwirtschaftliche Kulturen

## Institute of Agricultural Crops

### Groß Lüsewitz

Zwei der neun Institute der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) - das Institut für Züchtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen und das Institut für Streßphysiologie und Rohstoffqualität - sind nahe der Hansestadt Rostock am Standort Groß Lüsewitz (Mecklenburg-Vorpommern) eingerichtet. Der Standort Groß Lüsewitz mit seiner küstennahen Gesundlage für die Kartoffelvermehrung steht in einer langen Tradition von Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, die auf die Gründung des damaligen Institutes für Pflanzenzüchtung im Jahr 1948 unter seinem ersten Direktor Rudolf Schick, einem Schüler von Erwin Baur, zurückgeht. Mit der nach der Wiedervereinigung vorgenommenen Restrukturierung der agrarwissenschaftlichen Forschung in den neuen Bundesländern und der Gründung der BAZ wurde in Groß Lüsewitz der Grundstein für ein Zentrum der Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturpflanzen im Ressortbereich des BVEL gelegt.

Das Institut hat die Aufgabe, für ausgewählte landwirtschaftliche Kulturarten genetisch definiertes Basismaterial durch Erschließung der vorhandenen genetischen Ressourcen zu erstellen und effiziente Züchtungsmethoden zur Schaffung von Nutzpflanzen für eine ökologisch verträgliche und nachhaltige Landwirtschaft zu erarbeiten. Hierbei stehen Aspekte der gesunden Pflanze, der Produktqualität und der nachwachsenden Rohstoffe im Vordergrund. Zu diesem Zweck wird das gegenwärtig in der Pflanzenzüchtung verfügbare Spektrum klassischer, biotechnologischer und gentechnischer Verfahren eingesetzt. Die Auswahl der Kulturarten orientiert sich am langfristigen Forschungsbedarf sowie an den ökologischen und pflanzenbaulich-züchterisch relevanten Gegebenheiten.

Gegenwärtige Forschungsschwerpunkte sind:

- Erschließung und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen zur Erstellung von Basismaterial mit erhöhter Resistenz gegen pilzliche, virale und bakterielle Schaderreger sowie verbesserter Produktqualität
- Entwicklung und Einsatz molekularer Züchtungsmethoden für die markergestützte Introgression und Selektion züchterisch bedeutsamer Merkmalsgene
- Angewandte Genomforschung an ausgewählten Kulturpflanzen und Merkmalen
- Somatische Hybridisierung durch Protoplastenfusion bei Solanaceen und Brassicaceen
- Anwendung biotechnologischer Verfahren zur gezielten Veränderung von Merkmalen bei Raps und Kartoffel in Verbindung mit Freisetzungsversuchen

Schwerpunkte in der züchterischen Bearbeitung der Kartoffel durch die AG Züchtung/Basismaterial bleiben Resistenzen gegenüber *Phytophthora infestans* und *Globodera pallida* sowie Aspekte der Qualität. Breite Nutzung von Wildarten dient der Einführung von Resistenzgenen gegen beide Schaderreger in die Kulturkartoffel. Die Züchtung von Basismaterial mit guter Veredlungseignung, insbesondere für die Verwendung als Chips und Pommes Frites, unterstützt die Schaffung hochwertiger Qualitätsware bei Nutzung der Kaltlagerung unter Verzicht auf Keimhemmungsmittel. Mit dem Rückgang des Einsatzes von Keimhemmungsmitteln gewinnt auch eine geringe Neigung zur Schwarzfleckigkeit für Speise- und Veredlungskartoffeln weiter an Bedeutung. Ausreichende genetische Variabilität für die züchterische Verbesserung dieses Merkmals ist vorhanden (Abb. 1). Die züchterische Bearbeitung dient der Versorgung der Verbraucher mit ansprechender Ware. Durch langfristig angelegte Züchtungsprogramme wird eine Kombination von polygen bedingten Resistenzmerkmalen mit 30-50 weiteren wichtigen Merkmalen in guter Ausprägung erreicht.

Weitere Fortschritte wurden auch hinsichtlich der Erschließung neuartiger, bisher noch kaum genutzter genetischer Ressourcen für die Gerste durch die AG Molekulare Züchtungsmethoden erzielt.



Abb. 1: Prüfung von Kartoffeln auf Neigung zur Schwarzfleckigkeit nach mechanischer Belastung bei 5-6°C. Bewertung der drei Klone mit je 1 Knolle von links: Note 2, Note 3, Note 8 in der Skala von 1 (sehr empfindlich) bis 9 (unempfindlich).

Fig. 2: Tuber testing for susceptibility to black spot upon mechanical stress at 5-6°C. Assessment of three clones with scores 2, 3, and 8, respectively (from left to right) on a 1-to-9 scale.

vermutlich verschiedene Introgressionen mit unterschiedlich wirksamen Mehлтаuresistenzgenen realisiert sind.

Die im letzten Jahresbericht erwähnten, mit Hilfe der EST-Datenbankanalyse neu entwickelten Mikrosatellitenmarker konnten inzwischen in eine erste „funktionelle Genomkarte“ des Roggens mit insgesamt 56 Mikrosatellitenmarkern integriert werden. Diese und weitere zu integrierende Marker stehen nun als Werkzeuge für die gezielte Identifizierung wertgebender chromosomaler Abschnitte und Merkmalsgene in Roggen und Triticale zur Verfügung und können für wissenschaftliche Zwecke über die BAZ-Homepage angefordert werden.

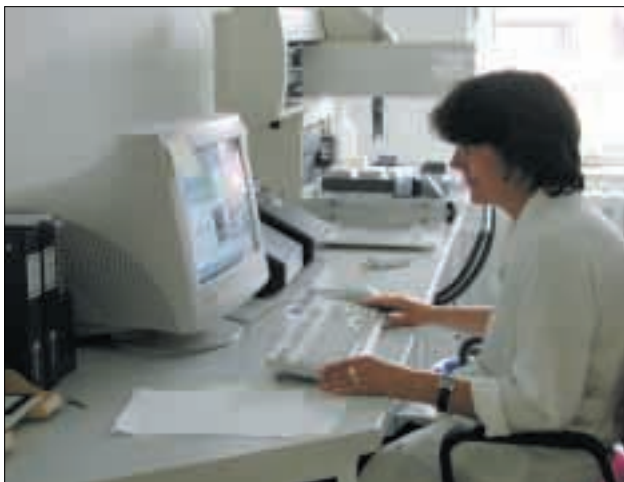


Abb. 2: Technische Assistentin Marita Pundt programmiert den Pipettierroboter für die SSR-Markeranalyse.

Fig. 2: Technical assistant Marita Pundt is programming the pipetting robot for SSR marker genotyping.

Diese Arbeiten, deren übergeordnetes Ziel die Introgression neuartiger, dominanter Resistenzgene gegen Gelbmosaikviren aus der Wildart *Hordeum bulbosum* in züchterisch relevantes Basismaterial der Kulturgerste ist, führten mittlerweile zu einer genaueren Eingrenzung der vollständigen Virusresistenz bedingenden Introgression auf dem Chromosom 6HS. Mit Hilfe molekularer Marker konnten nicht nur die Grenzen des introgressierten *H.-bulbosum*-Segments definiert werden; auch die Identifizierung von Nachkommen mit einer rekombinativ verkleinerten Introgression war möglich. Die Analyse weiterer, unabhängiger Introgressionsgenotypen ergab, dass Introgressionen auf 2HL und 2HS vorliegen, welche Resistenzen gegenüber Zwergrost und Mehltau vermitteln, und dass auf Chromosom 2HS



Abb. 3: Im Zuchtgarten isoliert Birgit Schütt Ähren von Kreuzungsnachkommen bei Gerste

Fig. 3: In the propagation field Birgit Schütt is selfing offspring from barley crosses

Of the nine research institutes at the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ) two institutes, namely the Institute of Agricultural Crops and the Institute for Stress Physiology and Quality of Raw Materials, are situated in Groß Lüsewitz near the Hanseatic town of Rostock (Mecklenburg-West Pomerania). The location of Groß Lüsewitz stands in a long tradition of plant breeding in agricultural crops which traces back to 1948 when the former Institute of Plant Breeding was founded with its first director Rudolf Schick, a disciple of the famous Erwin Baur. After the reunification of Germany and the reorganization of agricultural research in

the New Länder the location of Groß Lüsewitz with its BAZ institutes became a centre for breeding research on agricultural crops in the scope of the present Federal Ministry of Consumer Protection, Food and Agriculture.

The Institute of Agricultural Crops with its three working groups has the task to develop efficient breeding methods and to create genetically defined basic materials which can be used for the breeding of crops suited for sustainable agriculture, especially in relation to disease resistance, product quality and renewable resources. The spectra of crops considered is a function of long-term requirements of breeding research in Germany.

The institute's research is currently focussed on the following aspects:

- Deployment of genetic resources to create basic materials with resistances to fungal, viral and bacterial diseases and improved product quality
- Development and application of molecular breeding methods for marker-assisted introgression and selection of important trait genes
- Applied genome analysis on selected crops and traits
- Somatic hybridization by protoplast fusion in *Solanum* species and Brassicaceae
- Use of biotechnological approaches to modify traits in oilseed rape and potato in connection with field releases

In potato, breeding efforts continuously focus on resistances to *Phytophthora infestans* and nematode resistance as well as on quality aspects. Broad use of wild species is conducted to transfer novel resistance genes into cultivated potato. Breeding of genetic materials with good processing quality, especially in respect to chips and French fries, is aimed at the generation of high-quality products even when cold storage of tubers without germination inhibitors is applied. Decreased application of germination inhibitors also asks for low susceptibility to black spot in table and processing potatoes. Genetic variation to breed for this trait is available (Fig. 1). Long-term breeding programmes at the institute serve to combine polygenically inherited resistances with satisfactory expression of 30-50 additional traits.

Further progress was achieved in exploring the potentials of *Hordeum bulbosum* as a genetic resource for barley breeding. One of the original introgressions from *H. bulbosum* which is located on chromosome 6HS could be defined in its extension by use of molecular markers. These markers also allowed to identify recombinant offspring carrying an introduction with reduced introgression size. Analysis of further, independently generated interspecific hybrids yielded genotypes with introgressions on chromosomes 2HL and 2HS which confer leaf rust and/or mildew resistances. On chromosome 2HS, two introgressions were found which carry mildew resistance genes displaying different race specificities.

The EST-derived microsatellite markers mentioned in the last Annual Report have now been integrated in a „functional map“ of the rye genome which comprises a total of 56 SSR markers. These markers and additional ones which are currently being developed are available for non-commercial scientific purposes and can be ordered *via* the BAZ homepage.

## **1. Genetische Ressourcen/Basismaterial für nachhaltige Landwirtschaft Genetic Resources/Genetic Materials for Sustainable Agriculture**

### **1.1. Entwicklung von Basismaterial mit *Phytophthora*-Resistenz (Kraut- und Braunfäule) auf breiter genetischer Basis (*Solanum*-Arten) Breeding of basic material with resistance to**

*Phytophthora infestans* (foliage and tubers) using a wide range of *Solanum* species  
Darsow, U.

Zielsetzung/Aim:

Das langfristige Programm zum Auffinden neuer Resistenzquellen sowie zur Einführung der Resistenzgene in das Genom von *S. tuberosum* (= tbr) einschließlich der Vorlaufzüchtung bis zur BC4 berücksichtigt alle wichtigen

weiteren Zuchtmerkmale in Abhängigkeit von der Verwertungsrichtung. Mehrjährige Resistenzprüfungen am Kraut und an den Knollen erfolgen nach angepassten Prüfungsmethoden.

The aims of a long-term programme are (i) discovery of new resources for late blight resistance, (ii) introgression of resistance genes into the *S. tuberosum* genome, and (iii) breeding to BC4 with consideration of all important traits of potato in the breeding concept. Cross parents are chosen for starch, processing or table potatoes. Resistance tests on foliage and tubers are carried out over several years by use of different methods.

#### Ergebnisse:

Sowohl bei den Klonen, die das dritte bis fünfte Jahr im Feldanbau untersucht werden (Leistungsprüfung, B-, C-, D-Klone) als auch im zweiten Jahr des Feldanbaus (A-Klone) war eine weitere beabsichtigte Verschiebung in Richtung früherer Reifezeit zu beobachten. Jedoch verbinden sich damit auch neue Züchtungsprobleme. Frühreife Klone zeigen generell geringere Blühintensität. Bei den *Phytophthora*-resistenten A-Klonen des Jahres 2001 erwiesen sich 9.4 % als frühreif, 55.6 % als mittelfrüh und 35.0 % als mittelspät. Von den frühen Klonen blühten 80 % nicht und 17.8 % schwach. Unter 265 mittelfrühen Zuchtstämmen blühten 27.6 % nicht und 49.4 % schwach. Damit verringert sich die ohnehin geringe Ausbeute von *Phytophthora*-Resistenzvererbern für die weitere Zuchtarbeit zusätzlich um etwa 70 %. Zur Aufrechterhaltung des bisherigen Zuchtfortschritts wäre wenigstens eine Verdopplung der Sämlingsanzucht und des Zuchtgartens erforderlich, die aber aus Kapazitätsgründen unterbleiben muss.

Neben der Erweiterung der genetischen Basis für *Phytophthora*-Resistenz des Basismaterials durch Erschließung neuer Resistenzquellen aus Wildarten wurde versucht, die Krautfäulerresistenz von Sorten wie 'Karnico', 'Kardent', 'Danva', 'Komsomolez', 'Lvovjanka', 'Panda', 'Bzura', 'Matilda' zu nutzen. Selbst in Kombination mit BAZ-eigenen kraut- und braunfäulerresistenten Partnern schlägt die Anfälligkeit der Knollen in den Nachkommenschaften durch, so dass nur geringe Ausbeute erzielt wurde.

Im Winter 2000/2001 wurde das Material erstmals auf seine Neigung zur Blaufleckigkeit als weiteres Qualitätsmerkmal untersucht. Die Ergebnisse zeigen, dass die Quellen für *Phytophthora*-Resistenz dieses Merkmal nicht günstig beeinflussen und dass eine Verbesserung durch gezielte Elternauswahl in der Verwertungsrichtung Speise- und Veredlungskartoffeln notwendig ist.

Von 112 Klonen, die im Test ganzer, erntefrischer Knollen auf Braunfäulerresistenz untersucht wurden, erhielten 66 % Noten von 7.5 – 9.0 und 21 % Noten zwischen 6.3 und 7.4. Vergleichssorten wie 'Agria' erhielten Note 2.4, 'Adretta' 3.5 und 'Panda' 4.0.



Abb. 1: Feldprüfung auf Krautfäulerresistenz: Mittelfröhe, horizontal-resistente BAZ-Zuchtklone (Bildmitte) zeigen unter extremem Infektionsdruck mit Inokulation und Beregnung eine um drei Wochen verlängerte, volle Assimilationsleistung ohne Fungizidbehandlung.

Fig. 1: Field assessment for late blight resistance of second-early potato clones: Compared to susceptible clones resistant BAZ potato clones (centre of the photograph) display an assimilation phase which is prolonged by three weeks without the application of fungicides under conditions of very high infection pressure generated by inoculation and irrigation.

Sechs *Phytophthora*-resistente BAZ-Kreuzungseltern wurden im Jahr 2001 den Züchtern zur Züchtung von Sorten für einen nachhaltigen Kartoffelanbau angeboten, darunter drei mittelfröhe: BAZ-GL-91.6753.03, BAZ-GL-93.7092.06, BAZ-GL-94.7082.15, BAZ-GL-90.6684.10, BAZ-GL-93.7000.03, BAZ-GL-94.7231.14. Insgesamt hat dieses Angebot eine etwas verbesserte Passfähigkeit in Richtung Speisekartoffeln. Jedoch kann Glattschaligkeit bisher nicht angeboten werden.

#### Abstract:

There was continuing progress in combining late blight resistance of foliage and tubers with earliness. The latter trait, however, was associated with poor flowering. Among the clones of the second field generation up to 98 % of clones displayed poor or complete lack of flowering in the early maturing group, compared with 31 % in the middle-late group. Varieties such as 'Karnico', 'Kardent', 'Danva', 'Komsomolez', 'Lvovjanka', 'Panda', 'Bzura', 'Matilda' were included as genetic resources for late blight resistance. Due to their susceptibility for tuber blight, however, use of these varieties did not yield reasonable amounts of selectable offspring even when crossed with resistant BAZ parents. We started to test the susceptibility to black spot of the tuber tissue. Nearly 66 % of tested clones had a good to very good level of tuber blight resistance. Six late blight resistant clones were handed over to German variety breeders in 2001.

In Zusammenarbeit mit: IPK Gatersleben, Genbank Groß Lüsewitz, Schüler, K.; Univ. Tübingen, Schilde-Rentschler, L.; BBA Braunschweig, Schöber-Butin, B.; Niepold, F.; Stachewicz, H.; BAZ Aschersleben, Kleemann, M. (BAZ-3114)

## 1.2. Erstellung von Basismaterial mit hoher Nematoden- und Virusresistenz sowie Produktqualität in Form von 24-chromosomigen Kartoffeln unter Nutzung der somatischen Hybridisierung Breeding of diploid potato basic material with high level of resistance to nematodes and viruses and product quality by use of somatic hybridization

Darsow, U.; Sonntag, K.; Thieme, R.

### Zielsetzung/Aim:

Gegenüber der bisherigen, komplexen Bearbeitung vieler Merkmale der Kartoffel auf dihaploider und tetraploider Stufe erfolgt eine weitergehende Orientierung auf schwierige polygene Merkmale wie Resistenz gegen *Globodera pallida* und deren Verbindung mit Qualitätseigenschaften.

Potato prebreeding at the dihaploid and tetraploid level will be focussed on troublesome, polygenically determined traits like resistance to *Globodera pallida* and their combination with quality characters.

### Ergebnisse:

Im Jahr 2001 wurden erneut vorwiegend dihaploide Klone mit Resistenz- und Qualitätseigenschaften für die Nutzung zur somatischen Hybridisierung in vitro etabliert. Die im Vorjahresprogramm erfolgreich bearbeiteten 15 Fusionskombinationen lieferten 340 tetraploide Regeneratpflanzen. Die Identifizierung von Hybriden in diesem Material über Mikrosatelliten-Marker steht noch aus. Gegenwärtig werden im Rahmen eines Fusionsprogrammes weitere Hybriden zwischen Eltern mit guter *Phytophthora*- oder *Globodera-pallida*-Resistenz erzeugt. Von 88 geplanten Kombinationen mit überwiegend nichtblühenden, *Phytophthora*-resistenten Dihapliden zeigten 56 jedoch unzureichende somatische Kombinationsfähigkeit.

Im Jahr 2001 wurden 95 frühe bis mittelfrühe und 56 mittelspäte dihaploide Klone weiter auf spezielle Verwertungseignung untersucht. Sowohl die Ausprägung spezifischer Produktqualität als auch die Reduzierung der Inzuchteffekte durch Erweiterung der genetischen Basis mit der Folge höherer Wüchsigkeit und größerer Knollen sowie verbesserter Fertilität sind vorrangige Zuchtaufgaben im kultivierten Teil der Dihapliden.

Die Leistungsprüfung 2001 enthielt 57 frühe bis mittelfrühe Klone sowie einen mittelspäten, intraspezifischen Klon aus Protoplastenfusion, die weiter auf Eignung für Pommes frites, Chips oder Speisekartoffeln untersucht und gegebenenfalls der Sortenzüchtung als Kreuzungseltern angeboten werden.



Abb. 1: Primäre mittelfrühe Dihaploide mit sehr hoher horizontaler *Phytophthora*-Resistenz in der Feldprüfung. Benachbarte Dihaploide sind durch Krautfäule seit Wochen tot.

Fig. 1: Primary second early dihaploid potato clones with high horizontal late blight resistance in field assessment, surrounded by susceptible, blighted dihaploids.

Insgesamt 29 Klone der Wildarten *Solanum sancta rosae*, *S. sparsipilum*, *S. spegazzinii*, *S. venturii* und *S. vernei* wurden nach zwei- bis dreijähriger Prüfung auf Resistenz gegen *Globodera pallida* (Pathotypen 2 und 3) aus der Genbank der IPK-Außenstelle Nord, Groß Lüsewitz, in das Kreuzungsprogramm der BAZ aufgenommen. In 18 diploiden Kreuzungen wurde zum Teil Resistenz mit Kulturmerkmalen kombiniert oder resistant x resistant gekreuzt. Im Berichtszeitraum wurden zwei virusfreie dihaploide Klone als Vererber für Pommes-Frites-Eignung als Basismaterial abgegeben: BAZ-GL-96.045.01 und BAZ-GL-96.013.05. Darüber hinaus wurden ein mittelfrüher tetraploider Speisestamm, BAZ-GL-94.292.03, und der Zuchtstamm BAZ-GL-88.9548.8 mit sehr hoher relativer Virusresistenz, einem Stärkegehalt von 19,9 % und Speiseeignung ebenfalls als Kreuzungspartner angeboten.

### Abstract:

New accessions of five wild *Solanum* species were selected for resistance to *Globodera pallida* (pathotypes 2 and 3) and used in a crossing programme with dihaploid *S. tuberosum*. One hundred and fifty-one dihaploid clones were assessed for quality traits. Of 88 potential protoplast fusion combinations which aimed at combining late blight resistance and quality traits 52 were not successful due to insufficient somatic combining ability. Fifty-eight intraspecific somatic hybrids were assessed for French fries, chips or table quality. Two dihaploid clones and two tetraploid clones were handed over to variety breeders.

In Zusammenarbeit mit: BAZ Aschersleben, Kleemann, M.; BBA Braunschweig/Kleinmachnow, Niepold, F., Stachewicz, H.; IPK Gatersleben, Genbank Groß Lüsewitz, Schüler, K., LPSA Rostock, Kruse, J. (BAZ-3130)



### 1.3. Genetische Optimierung der Kartoffel als dominierender Stärkelieferant der Bundesrepublik Deutschland durch Züchtung, Zell- und Molekularbiologie

**Teilprojekt Groß Lüsewitz: Kombination von relativer Kraut- und Braunfäuleresistenz mit verbessertem Stärkegehalt**

**Genetic optimization of the potato by breeding, cell and molecular biology as a main donor of starch in the Federal Republic of Germany**

**Project Part: Combination of relative late blight resistance (*Phytophthora infestans*) of foliage and tubers with increased levels of starch content**

Darsow, U.

#### Zielsetzung/Aim:

Vorhanden sind späte Stärkekartoffelsorten mit guter Krautfäuleresistenz. Das Ziel der Sortenzüchtung besteht in der Verbindung von Kraut- und Braunfäuleresistenz mit mittelfrüher Reifezeit und hohem Stärkegehalt. Der Beitrag der BAZ in diesem Gemeinschaftsprojekt bereitet das Erreichen dieser Zielstellung vor und besteht in der Bereitstellung von zwei mittelfrühen Klonen mit 17 % Stärke und Kraut- und Braunfäuleresistenz mit Note 6.5 im Jahr 2003 sowie von zwei weiteren mittelfrühen bis mittelspäten Klonen mit 19 % Stärke und *Phytophthora*-Resistenz 7. Aus der Aussaat des Jahres 2001 sind weitere Kreuzungspartner für die Entwicklung geeigneter Kartoffelsorten zur Verbesserung des Einsatzes nachwachsender Rohstoffe bis 2006 auszulesen.

The German potato variety list includes late starch potato varieties with good foliage blight resistance. An aim of the future is directed towards combining earliness, foliage and tuber blight resistance with a high starch content, which will be prepared by the project part of BAZ. The objective of the BAZ project part is to develop two potential crossing parents for variety breeding until the year 2003, which are second-early, have a starch content of 17% and blight resistance of 6.5 of foliage and tubers. Two additional clones will have to be second early to middle late with 19 % starch and blight resistance 7. Additional clones are to be selected from 30 seedlings families of 2001 and will be handed over in 2006 for breeding potatoes suited as renewable resources.

#### Ergebnisse:

Trotz verzögerten Projektbeginns wurden im Jahre 2000 dreißig Kreuzungskombinationen mit je 395–920 Samen erstellt und 2001 ausgesät. Die Sämlingsauslese auf Krautfäuleresistenz erfolgte an diesem Material im Juni. Die erste Prüfung auf Braunfäuleresistenz wird für Januar 2002 vorbereitet. Gleichzeitig wurden ausgewählte Kombinationen aus den Aussaatjahren 1997 (C-Klone) und 1998 (B-Klone) in dieses Projekt einbezogen. Unter 80 A-Klonen des Erntejahres 2000 wiesen 5 einen Stärkegehalt 18 % und gute *Phytophthora*-Resistenz auf; bei den B- und C-Klonen zeigten drei die gewünschte Kombination. Diese Bewertung gilt als vorläufig und berücksichtigt Mängel bei anderen der ca. 35 wichtigen Merkmale noch

nicht ausreichend. Dies zeigt, dass eine Verbreiterung des Materials in der Verwertungsrichtung Stärke beim Basismaterial durch dieses Projekt nötig ist, um Zuchtfortschritt in der Stärkekartoffelzüchtung zur Verbesserung des Einsatzes nachwachsender Rohstoffe zu unterstützen.

#### Abstract:

One part of the project is focussed on 30 cross combinations of the year 2000, sown in 2001 to select inheritors for the combination of tuber and foliage blight resistance with good starch content and second early maturity up to 2006. Preliminary clonal selection of fixed cross combinations of the years 1997 and 1998 up to now yielded 8 clones with the desired combination, however accompanied by inferior expression in a number of other traits. This demonstrates that there is a need for broadening the genetic basis of starch potatoes in our late blight resistant prebreeding material.

Zusammenarbeit mit: BBA Braunschweig/Kleinmachnow Schöber-Butin, B.; Niepold, F.; Stachewicz, H.; GFP und Kartoffelzuchtbetriebe; IPK Gatersleben, Genbank Groß Lüsewitz, Schüler, K.

(BAZ-3143, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR))

### 1.4. Prüfung und Nutzung nicht adaptierter Herkünfte für die züchterische Bearbeitung wirtschaftlich bedeutender Merkmale bei Roggen

**Evaluation and use of non-adapted accessions for breeding on economically important traits in rye**  
Roux, S. R.

#### Zielsetzung/Aim:

Bisher für die Roggenzüchtung wenig erschlossenes Genbankmaterial wird hinsichtlich wirtschaftlich bedeutender Merkmale geprüft. Hierbei sind zusätzlich zu agronomischen Merkmalen Resistenzen gegen Braunrost, Mehltau, *Rhynchosporium*-Blattflecken und Schwarzrost von vorrangigem Interesse. Neben der Überführung wertvoller Merkmale aus selektierten Akzessionen in züchterisches Basismaterial steht die Vererbungsanalyse dieser Merkmale im Vordergrund.

Accessions rarely employed in rye breeding to date will be tested in respect to economically important traits. In addition to agronomic traits, resistances to leaf rust, powdery mildew, scald and stem rust are of high interest. Besides the transfer of valuable traits from selected accessions into basic breeding material, the genetic analysis of these traits is the major goal.

#### Ergebnisse:

Im Jahr 2001 wurden zur Selektion weiterer potenzieller Resistenzquellen gegen Braunrost (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*), *Rhynchosporium*-Blattflecken (*Rhynchosporium secalis*) und Schwarzrost (*Puccinia graminis*) 62 Genbankherkünfte in einer Mikroprüfung (1.5 m<sup>2</sup>, Dünnsaat)

auf ihren Befall unter natürlichem Infektionsdruck untersucht. Agronomische Merkmale (Standfestigkeit, Wuchshöhe, TKG usw.) wurden in einer zweiten Prüfparzelle in normaler Saatstärke erfasst.

Wie in den vergangenen Jahren traten auch im Berichtsjahr *Rhynchosporium*-Blattflecken in hoher Intensität auf. Die geprüften Genbankakzessionen zeigten durchgängig einen sehr hohen Befall. Der Einsatz einer in einem früheren Prüfjahr selektierten, nicht befallenen Einzelpflanze aus einer Genbankherkunft als Resistenzdonor führte inzwischen zur Entwicklung mehrerer spaltender F2-Generationen. Die Feldprüfung dieser F2-Familien im Jahr 2001 mit künstlicher Inokulation von *Rhynchosporium secalis* führte zu ersten Hinweisen über die genetische Kontrolle einer möglichen Resistenz. Weitere, umfangreichere Prüfungen dieses Materials werden folgen.

Das starke Auftreten von Schwarzrost im Berichtsjahr zeigte sich an einem hohen Befall der Standardsorte 'Motto'. Insgesamt 2 der geprüften Herkünfte wiesen einen nur schwachen bis mittleren Schwarzrostbefall auf und sollen zur Erschließung möglicher Resistenzen weiter bearbeitet werden. Erstmals wurde 2001 bei potenziellen Resistenzquellen aus früheren Evaluierungen ein In-Situ-Blattsegmenttest mit Schwarzrost durchgeführt. Resistente Einzelpflanzen wurden zur Entwicklung von spaltenden Generationen in Kreuzungen mit einer anfälligen Inzuchtlinie eingesetzt. Erste Ergebnisse über die Vererbung etwaiger Resistenzen werden für das Jahr 2002 erwartet.

Wie im Jahr 2000 trat Braunrost auch 2001 stark auf. Die als wenig anfällig eingestufte Standardsorte 'Motto' zeigte 2001 einen starken Braunrostbefall. Im Evaluierungsanbau konnte eine Genbankherkunft mit schwachem bis mittlerem Befall selektiert werden.

Aufgrund der Bedeutung von Braunrost bildete die weitere Bearbeitung potenzieller Braunrost-Resistenzquellen aus entsprechenden Evaluierungsprüfungen der Vorjahre auch im Berichtsjahr den Schwerpunkt der Arbeiten. Genbankakzessionen ( $n=18$ ), die in Evaluierungen der vergangenen Jahre mittlere Braunrost-Befallsgrade aufwiesen, wurden in 2001 nochmals angebaut und einzelpflanzenweise ( $n=50$ ) bonitiert. Dabei konnten Pflanzen ohne bzw. mit geringem Befall in einer Frequenz von 0-80 % ermittelt werden. Sechs dieser Populationen sowie resistente Vollgeschwisterfamilien aus weiteren 3 Genbankherkünften wurden mittlerweile in In-Situ-Blattsegmenttests geprüft und werden zum Aufbau von spaltenden Generationen für Arbeiten zur genetischen Charakterisierung in Kreuzungen mit der hochanfälligen Inzuchtlinie L301-N eingesetzt.

Bereits entwickelte spaltende F2-Populationen aus weiteren fünf in den vergangenen Jahren selektierten Resistenzquellen wurden im Berichtsjahr im Feld nach künstlicher Braunrostinokulation geprüft. Dabei wiesen die ermittelten Spaltungsverhältnisse auf monogen-dominante (1 Population), digen-dominante (3 Populationen) sowie tri-gen-dominante (1 Population) genetische Kontrolle der Resistenzen hin.

Für weitere drei Resistenzquellen konnte durch die Analyse spaltender F2-Populationen im In-Situ-Blattsegmenttest

jeweils die Existenz eines dominant wirkenden Majorgens nachgewiesen werden. Rückkreuzungen dieses Materials zeigten in In-Situ-Blattsegmenttests im Keimpflanzenstadium eine Übereinstimmung von 86%, 96% bzw. 100% mit Feldprüfungen (Adultpflanzen) nach künstlicher Inokulation. Dies unterstreicht die Wirksamkeit der selektierten Resistenzen unabhängig vom Entwicklungsstadium der Pflanzen.

Die letztgenannten drei F2-Populationen sowie die innerhalb der Feldprüfung für ein Majorgen spaltende F2 werden zur chromosomalen Lokalisation und molekularen Markierung der Resistenzgene direkt als Kartierungspopulationen eingesetzt.

Spaltende F3-Populationen für das bereits kartierte Braunrostresistenzgen *Lr12* wurden ebenfalls im In-Situ-Blattsegmenttest im Keimpflanzenstadium und als Adultpflanzen im Freiland nach künstlicher Inokulation geprüft. Hierbei stimmten die Ergebnisse von 72 Einzelpflanzen mit Ausnahme von einer Pflanze überein. Dies zeigt, dass es sich bei *Lr12* auch um ein vom Entwicklungsstadium der Pflanze unabhängig wirksames Resistenzgen handelt. Zur Bildung isogener Linien wurde die Einlagerung der bereits kartierten Resistenzgene (*Lr8*, *Lr9*, *Lr10*, *Lr11* und *Lr12*) sowie der kürzlich identifizierten Resistenzgene in L301-N fortgesetzt und BC4- bzw. BC2-Generationen erstellt. Die Pyramidisierung von *Lr*-Genen wurde durch die Erstellung verschiedener Kombinationen der kartierten Resistenzgene weitergeführt. Daraus resultierende F1-Nachkommen zeigten im In-Situ-Blattsegmenttest die erwarteten Spaltungsverhältnisse. Vereinzelt war hierbei eine phänotypische Differenzierung von Trägern verschiedener *Lr*-Gene aufgrund ihrer charakteristischen Resistenzreaktion möglich.

Neben molekulargenetischen Ansätzen (s. BAZ-3140) sollen Resistenzanalysen bereits erstellter Alleliekreuzungen sowie der Einsatz einer repräsentativen Stichprobe von Einzelpustelisolaten zur weiteren Differenzierung der bearbeiteten *Lr*-Gene beitragen.

#### Abstract:

The objective of these studies is (1) the evaluation of rye accessions which have been rarely employed in rye breeding to date, (2) the characterisation of valuable traits from selected accessions and (3) their synchronous transfer into basic breeding material.

A number of 62 accessions from different genebank collections were tested in 2001 for resistances to leaf rust, stem rust, and scald under natural infection pressure. Two accessions, showing little stem rust symptoms and one population displaying little to medium leaf rust infestation were selected and represent potential sources of resistance. Concerning scald, all accessions revealed high susceptibility. Segregating generations developed from five populations with leaf rust resistance and a susceptible inbred line were tested in the field after artificial inoculation. The results indicate that these resistances might be controlled by one or only a few genes. Detached-leaf tests of segregating generations of additional sources of leaf rust resistance led to the identification of further three dominant leaf rust resi-

stance genes. The effectiveness of *Lr12*, which was already mapped, in the seedling stage as well as in the adult plant stage was verified by the high conformity of the results of detached-leaf tests with field tests in 2001.

Concerning the previously mapped *Lr*-genes (*Lr8*, *Lr9*, *Lr10*, *Lr11*, and *Lr12*) and further *Lr* genes identified in 2001, the development of nearly-isogenic lines on the basis of L301-N and the pyramiding of different *Lr* genes was continued.

In Zusammenarbeit mit: VIR (St. Petersburg), Solodukhina; Universität St. Petersburg; Voylovkov; BAZ, Inst. f. landwirtschaftl. Kulturen, Groß Lüsewitz, Ruge, (BAZ-3140). (BAZ-3122)

### **1.5. Untersuchungen zur Nutzung und züchterischen Verbesserung von perennierendem Roggen**

#### **Investigations on the use and breeding improvement of perennial rye**

Roux, S. R.

Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe eines rekurrenten Selektionsprogrammes soll die Perennierungsfähigkeit des bearbeiteten Materials verbessert werden.

The character 'perennial habit' shall be improved by the means of recurrent selection.

Ergebnisse:

Im Jahr 2001 wurde der 3. Zyklus eines rekurrenten Selektionsprogramms zur Verbesserung der Perennierungsfähigkeit mit zwei Subpopulationen, die im 2. Zyklus durch Selektion an den Standorten Groß Lüsewitz und Oberer Lindenhof (Schwäbische Alb; Kooperation mit der Universität Hohenheim) entstanden waren, abgeschlossen. Das bearbeitete Material wies dabei am Standort Groß Lüsewitz im Mittel über die beiden in Zyklus 2 selektierten Subpopulationen eine Perennierungsfähigkeit von 41.4 % auf. Die Ergebnisse der beiden an verschiedenen Prüfstandorten selektierten Subpopulationen divergierten dabei stark. Während 53.0 % des in Groß Lüsewitz selektierten Materials perennierten, erwiesen sich nur 29.6 % der in Süddeutschland selektierten Subpopulation als perennierungsfähig. Anhand von agronomischen Merkmalen und Qualitätsparametern (Wuchshöhe, Standfestigkeit, Allgemeiner Feldeindruck, TKG und Fallzahl) wurden im Frühjahr 2001 von den neu ausgetriebenen 296 Einzelpflanzen (= 41.4 % des ursprünglichen Populationsumfangs) 70 Einzelpflanzen zur Weiterbearbeitung selektiert. Aufgrund der im Vergleich zu Zyklus 2 geringeren Perennierungsfähigkeit konnten diese Merkmale in 2001 weniger stark bei der Selektion berücksichtigt werden. Zum Start eines 4. Zyklus erfolgte zur Blüte 2001 die räumlich pollenisolierte Durchkreuzung dieser selektierten Fraktion. Entsprechend der Vorgehensweise in den Zyklen 1-3 wurden im November des Berichtsjahres die aus Selektion und pollenisolierter Durchkreuzung an den beiden Standorten entstandenen

Subpopulationen als getrennte Blöcke für den Prüfanbau 2002 ausgepflanzt. Die Subpopulationen setzten sich dabei aus 336 (Selektion und Durchkreuzung Groß Lüsewitz) bzw. 340 Einzelpflanzen (Selektion und Durchkreuzung Oberer Lindenhof) mit jeweils 2 Klonteilen zusammen.

Abstract:

The 3rd cycle of a recurrent selection programme was completed in 2001. In this 3rd cycle the two subpopulations which had been selected at divergent locations in the 2nd cycle displayed an average percentage of 'perennial habit' of 41.4 %. Perennial plants were selected in respect to important agronomic traits (height, lodging tendency, thousand-kernel weight, falling number etc.) and cross-pollinated in an isolation plot to start the 4th cycle of the recurrent selection programme.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hohenheim, Stuttgart, Geiger; Landessaatzuchtanstalt, Stuttgart, Miedaner. (BAZ-3129)

### **1.6. Erstellung von Basismaterial bei Hafer mit Resistenz gegen Echten Mehltau und Gerstengelverzweigungsvirus**

#### **Development of oat germplasm with resistance to powdery mildew and barley yellow dwarf virus**

Herrmann, M.

Zielsetzung/Aim:

Zur Erschließung neuer Resistenzquellen werden erstens noch nicht untersuchte Genbankakzessionen geprüft und zweitens gefundene Resistenzen für Mehltaresistenz und Toleranz gegen Barley Yellow Dwarf Virus (BYDV) durch geeignete Kreuzungsprogramme auf leistungsfähige Saathafersorten übertragen. Parallel dazu werden die Vererbungsmodi der Resistenzen aufgeklärt.

To develop germplasm with new resistances to powdery mildew and barley yellow dwarf virus genebank accessions are being screened and known resistances will be introgressed to *Avena sativa* cultivars by appropriate crossing programmes. In addition, resistances will be analyzed genetically.

Ergebnisse:

Beim Beobachtungsanbau von 235 bisher nicht untersuchten *A. sativa*-Akzessionen der Genbank des IPK Gatersleben wurden die Merkmale Rispenschieben, Bestockung, Mehltaresistenz, Wuchshöhe, Lager, Kornfarbe, Tausendkorngewicht und Spelzengehalt erfasst. In jedem dieser Merkmale wurde eine starke Variation gefunden. Das Datum Rispenschieben variierte zwischen dem 28. Mai und 04. Juli. Die mitgeprüften Vergleichsstandardsorten 'Neklan' und 'Freddy' wurden von einigen Herkünften in der Bestockung und im Tausendkorngewicht übertroffen. Lediglich 20 Herkünfte lagen mit ihrer Wuchshöhe auf dem Niveau der Standards und die übrigen 91 Prozent deutlich über dem Standardmittel. Eine Akzession (AVE

321) erwies sich als vollständig mehlttauresistent und wird in den kommenden Monaten weiter bearbeitet, um die Resistenz in aktuelles Zuchtmaterial einzulagern und die Vererbung der Resistenz aufzuklären.

Zur Übertragung der Mehlttauresistenz aus der *A.-strigosa*-Herkunft AVE 128 auf Saathafer wurden die im Vorjahr erzeugten F1-Bastarde kolchiziniert und mehrfach verklont. Eine Überprüfung des Ploidiegrades mit Hilfe der Durchflusszytometrie wies auf einen haploiden Status der Bastardpflanzen hin. Um die damit einhergehende Sterilität zu überwinden und eine erste Rückkreuzung mit *A. sativa* zu ermöglichen, wurde eine maximale Anzahl Blüten mit Pollen aktueller Sorten bestäubt und alle übrigen Rispen geselbstet. Eine durch Kastration kontrollierte Rückkreuzung mit *A. sativa* ergab keinen Samenansatz. Die Kornansätze ohne Kastration waren zwar extrem gering; dennoch konnten von 551 Rispen 68 Karyopsen geerntet werden (Tab.1). Für die Rückkreuzung mit *A. sativa* steht somit ein ausreichendes Bastardmaterial zur Verfügung.

Zur agronomischen Bewertung fortgeschrittenen Zuchtmaterials (F6-Nachkommenschaften) mit Mehlttauresistenzen aus *A. macrostachya* CAV5264, *A. occidentalis* CAV3889 und *A. pilosa* CAV0128 wurde eine dreierartige Leistungsprüfung durchgeführt. Erfasst wurden die Merkmale Rispenschieben, Wuchshöhe, Standfestigkeit, Homo-

genität, Mehlttaubefall, Strohbreife, Kornertrag, Bestandesdichte, Kornzahl pro Rispe und Tausendkorngewicht. Einige Zuchtstämme sind den Ergebnissen nach sowohl mehlttauresistent als auch ertragreich bei leichten Mängeln in der Strohbreife und Wuchshöhe. Ausgewählte Linien mit Mehlttauresistenz aus dieser Prüfung wurden 2001 mit neuen Sorten gekreuzt, um einerseits agronomisch verbesserte Nachkommen zu erzeugen und andererseits die Vererbung der Resistenzen aufzuklären.

Abstract:

A screening of 235 *Avena sativa* accessions from the IPK genebank for resistance to powdery mildew, plant height and other agronomical features demonstrated high variability for the characters investigated. One accession was completely resistant to powdery mildew and was chosen for further investigations.

Hybrids of powdery-mildew resistant *A. strigosa* accession AVE128 with *A. sativa* genotypes were selfed and/or backcrossed with *A. sativa*. High sterility of the haploid F1 plants was visible but 68 karyopses from 551 panicles were obtained.

In Zusammenarbeit mit: Nordsaat Saatzeitgesellschaft GmbH, Beuch S.; Saatzeit Bauer, Stephan, U. (BAZ-3118)

Tab. 1: Kornansatz von drei mehrfach verklonten F1-Nachkommen der *A. strigosa* AVE128(4x) x *A. sativa*

Table 1: Seed set of cloned hybrids between *A. strigosa* AVE128(4x) x *A. sativa* after pollination with *A. sativa* or selfing

F1-Pflanze	Anzahl Klonpflanzen	Anzahl Rispen mit Bestäubung	Anzahl Rispen isolierte Abblüte	Kornzahl nach Bestäubung mit <i>A.-sativa</i> -Pollen	Kornansatz nach Selbstung
1201/1	25	71	152	23	32
1201/2	34	66	127	6	5
1201/3	18	35	100	1	1

### 1.7. Schaffung von Basismaterial bei Wintertriticale mit hoher Standfestigkeit, Krankheitsresistenz und Kornqualität

#### Development of basic material in winter triticale with high lodging resistance, disease resistance and grain quality

Herrmann, M.

Zielsetzung/Aim:

Zur Entwicklung von Triticalelinien mit hoher Standfestigkeit, Krankheitsresistenz und Auswuchsfestigkeit werden Nachkommen aus der Kreuzung primärer Triticale mit leistungsstarken sekundären Triticale züchterisch bearbeitet und vorhandenes Zuchtmaterial bezüglich der relevanten Merkmale untersucht. Ergänzend zur Nutzung primärer Triticale werden die Triticale-Sortimente der Genbanken des IPK und der BAZ hinsichtlich relevanter Merkmale evaluiert sowie Resistenzträger gegen Fusarium, Septoria (Blatt und Ähre), Braunrost und Gelbrost erschlossen.

To develop triticale lines resistant to lodging, preharvest sprouting and diseases primary triticales are combined with high-yielding genotypes. Furthermore, accessions of the IPK genebank and BAZ genebank will be evaluated for important agronomical characters and resistances to scab and other pathogens.

Ergebnisse:

Um methodische Hinweise für die Entwicklung der primären Weizen-Roggen-Bastarde zu fertilen Triticalestämmen zu erhalten, wurden drei Kreuzungsvarianten aufgebaut. Dazu wurden die F1-Pflanzen aus der Kreuzung zwischen primären Triticale und den Triticalesorten 'Vision' oder 'Lasko' verklont und jeder Klon mit 'Trimaran' und einer fertilen F1 von ('Kimon' x 'Hacada') x 'Lasko' gekreuzt und geselbstet. Nach zwei Generationen Single Seed Descent hat sich die Fertilität bei den drei Varianten auf ein gleiches, aber deutlich geringeres Niveau als bei der Standardsorte 'Trimaran' eingestellt (Tab. 1). Augenfällig sind auch die insgesamt spätere Blüte und der

längere Halm der drei Kreuzungsvarianten im Vergleich zu 'Trimaran'. Ob weitere Rückkreuzungen mit etablierten Triticalesorten notwendig sein werden, kann erst anhand der Variation zwischen den Einzelpflanzen in den nächsten Generationen und den damit verbundenen Selektionschancen eingeschätzt werden.

Eine weitere Gruppe von Nachkommenschaften der einfachen Kreuzung zwischen primären und sekundären Triticale wurde bis zur F4 über Einzelpflanzenselektion auf Fertilität und Blatt- bzw. Ährengesundheit selektiert. Im Mittelpunkt steht hier die Frage, in welcher Stärke sich Merkmale aus den Weizen bzw. Roggeneltern in den sekundären Triticale wiederfinden lassen. Im vergangenen Jahr wurden dazu erstmalig F4-Einzelpflanzennachkommen im Zuchtgarten zusammen mit den Weizen- bzw. Roggeneltern angebaut und hinsichtlich Blattgesundheit, Wuchshöhe, Reife, Fusariumresistenz, Auswuchsfestigkeit und Kornbonitur geprüft. Aus den Ergebnissen geht hervor, dass einfach vererbte Merkmale wie die dominante Kurzstrohigkeit aus einer Roggenpopulation gut auf Triticale übertragbar sind. Quantitativ vererbte Merkmale wie die Aus-

wuchsfestigkeit werden dagegen stark vom eingekreuzten Triticalegenotyp geprägt, der statistisch einen Anteil von 50 % am Genom des sekundären Triticale besitzt. Im hier ausgewerteten Versuch war die Triticalesorte 'Ego' das Prüfglied mit der höchsten Auswuchsfestigkeit, gefolgt von Nachkommenschaften mit dieser Sorte im Pedigree. Die Möglichkeiten, agronomisch wertvolles Basismaterial aus diesen Einfachkreuzungen zwischen primären Triticale und Triticalesorte selektieren zu können, scheinen beim gegenwärtigen Ergebnisstand gering zu sein, weshalb eine weitere Rekombination vorgesehen ist.

Im Rahmen des Evaluierungsprogramms der Herkünfte des IPK Gatersleben und der BAZ-Genbank sind bisher 880 von 1400 Herkünften mehrortig geprüft worden, wobei in jedem der untersuchten Merkmale eine signifikante Variation festgestellt wurde. Besonders hoch ist die Variation des Genbanksortimentes in den Merkmalen Wuchshöhe, Datum Ährenschieben, Rostresistenz, Ährenseptoria, Tausendkorngewicht und Kornfüllung. Bezüglich Fallzahl und Fusariumresistenz (Ähre) wurden bisher nur wenige züchterisch wertvolle Akzessionen gefunden.

Tab. 1: Kornzahl pro Ähre\* von unterschiedlichen Kreuzungsnachkommen mit primären Triticale nach zwei Generationen Single Seed Descent

Table 1: Seed set per ear of different combinations with primary triticale after two generations of single seed descent

Abstammung Mütter	'Trimaran'	Kreuzung mit KIHALA**	Selbstung
Weizen x Roggen x Triticale	F3	F3	F4
'Aristos' x 'Motto' x 'Vision'	10.8	9.3	9.7
'Bovictus' x 'Hacada' x 'Vision'	9.9	7.9	10.2
'Kimon' x 'Motto' x 'Vision'	6.9	8.5	6.4
'Lindos' x 'Motto' x 'Vision'	7.3	4.5	5.8
'Pegassos' x 'Hacada' x 'Vision'	8.5	9.4	11.3
'Piko' x 'Motto' x 'Lasko'	9.6	11.1	8.0
WW2509 x 'Motto' x 'Vision'	8.7	13.1	15.7
<b>Mittelwerte</b> (LSD = 2,6)	9.0	9.2	11.0
'Trimaran' (Standard)			24.0

\* Mittelwert von 5 bis 38 Ähren\*\* fertile F1 von ('Kimon' x 'Hacada') x 'Lasko'

#### Abstract:

To develop basic genetic materials with resistances to pre-harvest sprouting, scab and lodging, the selection programme of secondary triticale populations was continued. Different types of secondary triticale were developed to F4 generation. Significant lower kernel numbers per plant were detected in comparison to 'Trimaran'. Further backcrosses with novel triticale cultivars are considered to be necessary for progeny from crossings between primary triticale and triticale cultivars.

In the joint programme to evaluate triticale accessions of the genebanks of the IPK Gatersleben and BAZ 880 accessions out of 1400 were examined mainly for heading date, plant height, resistances against leaf rust and yellow rust, scab, falling number and kernel filling. Significant variability was found in all investigated traits. Only few accessions revealed higher falling numbers and a higher scab resistance than the best standard cultivars and could be

integrated in actual breeding programmes of triticale.

In Zusammenarbeit mit: Landessaatzuchtanstalt Stuttgart-Hohenheim, Oettler, G.; SAKA GmbH, Wahle, G.; Nordsaat Saatzucht GmbH, Schachschneider, R.; Lochow-Petkus-GmbH, Schinkel, B. (BAZ-3119)

#### 1.8. EUCARPIA Triticale-Selektionsexperiment EUCARPIA Triticale Selection Experiment Herrmann, M.

##### Zielsetzung/Aim:

Ziel des von 2002 bis 2010 geplanten Experiments ist die Untersuchung des Einflusses unterschiedlicher Umweltbedingungen auf die Entwicklung von Triticalepopulationen bei negativer Massenselektion.

The experiment investigates the influence of natural environmental conditions on the development of triticale populations after several generations in combination with negative mass selection.

Ergebnisse:

Das EUCARPIA Triticale Yield Nursery (ETYN) wurde 2001 zum letztenmal angebaut. Ziel dieses Versuchs war ein Austausch von Zuchtmaterial, welches zugleich einer mehrstufigen Leistungsprüfung unterzogen wurde. Im vergangenen Jahrzehnt hat sich der Austausch von Sorten- und Zuchtmaterial über nationale Grenzen hinweg zwar vereinfacht, wurde aber zunehmend vom Wettbewerb beeinflusst, was zu einem Rückgang der Beteiligung der Zuchtfirmen am ETYN geführt hat. Um das bestehende Netzwerk des ETYN zu erhalten und weiter nutzen zu können, wurde unter Federführung des Instituts für landwirtschaftliche Kulturen, BAZ, ein internationales Selektionsexperiment begonnen, bei welchem der Einfluss unterschiedlicher Umweltbedingungen auf die Entwicklung von Populationen diverser Kreuzungsnachkommen untersucht werden soll. Ein erster Satz von 18 F<sub>2</sub>-Familien von Kreuzungen zwischen Triticalelinien aus dem ETYN wurde dazu von den 12 Teilnehmern aus Frankreich, Polen, Portugal, Rumänien, Schweiz, Niederlande und Deutschland im Herbst 2001 ausgesät.

Abstract:

The EUCARPIA Triticale Yield Nursery (ETYN) was finished in 2001. A new experiment was agreed to investigate the influence of different environmental conditions on the development of triticale populations after several generations in combination with negative mass selection. A first set of 18 F<sub>2</sub> populations from crossings between lines from the ETYN was seeded at 12 locations in 7 countries.

In Zusammenarbeit mit: Florimond Desprez, Amélioration des Plantes, Capelle-en-Pévèle, Frankreich, Lonnet, P.; INRA, Station d'Amélioration des Plantes, Clermont-Ferrand-Cedex, Frankreich, Bouguennec, A.; Landessaat-zuchtanstalt, Stuttgart-Hohenheim, Deutschland, Oettler, G.; Lochow-Petkus GmbH, Deutschland, Schinkel, B.; Danko Hodowla Roslin Choryn, Polen, Brykczynska, L.; Institute of Plant Breeding and Seed Production, Lublin, Polen, Kociuba, W.; Plant Breeding Danko, Warka, Polen, Wolski, T.; Estacao Nacional de Melhoramento de Plantas, Elvas Codex, Portugal, Benvindo, M.; Research Institute for Cereal and Industrial Crops, Fundulea, Rumänien, Ittu, G.; Station Fédérale de Recherches en Production Végétale de Changins (RAC) Nyon, Schweiz, Fossati, D.; W. Weibull B.V., Emmeloord, Niederlande, Suijs, L.W. (BAZ-3147)

## **1.9. Quantitativ-genetische Untersuchungen zur Kornqualität an Triticalehybriden und spaltenden Populationen**

### **Investigation of quantitative genetical parameters for kernel quality of triticale hybrids and segregating populations**

Herrmann, M.

Zielsetzung/Aim:

Im Mittelpunkt dieses Forschungsvorhabens steht die Frage nach dem Umfang der Heterosis für Fallzahl, Tausendkorngewicht, Proteingehalt und andere Merkmale. Ergänzend zur Heterosis werden die g.c.a.- und s.c.a.-Effekte sowie weitere quantitativ-genetische Parameter an spaltenden Populationen geschätzt.

The aim of this experiment is to estimate the heterosis and quantitative genetical parameters for falling number and other important characters in winter triticale hybrids and segregating populations.

Ergebnisse:

Für dieses Experiment wird ein Satz Triticalehybriden aus der diallelen Kreuzung von acht Triticalelinien mit unterschiedlicher Fallzahl an vier Orten geprüft. Die über manuelle Kreuzung gewonnenen Hybriden werden je Ort in einer Doppelreihe mit zwei Wiederholungen ausgepflanzt und an zwei Ernteterminen beerntet. Im ersten Versuchsjahr zeigte sich eine überwiegend positive relative Heterosis für Wuchshöhe, Tausendkorngewicht, Auswuchs nach Provokation und eine überwiegend negative Heterosis für Fallzahl.

Abstract:

A set of eight winter triticale genotypes with different falling numbers was crossed in a diallelic scheme. Heterosis for important agronomic features will be assessed at four locations from F<sub>1</sub> without reciprocals. In the first year negative hybrid effects were found for falling number and positive effects for thousand-kernel weight, preharvest sprouting after provocation and plant height.

In Zusammenarbeit mit: Landessaatzuchtanstalt Stuttgart-Hohenheim, Oettler, G.; SAKA GmbH, Wahle, G.; Lochow-Petkus-GmbH, Schinkel, B. (BAZ-3148)

**1.10. Untersuchungen zur Erweiterung der genetischen Basis bei Winterraps und Erzeugung von Basismaterial für den Food- und Non-Food-Bereich**  
**Investigations on the improvement of the genetic basis in winter oilseed rape and production of basic material for food and non-food utilisation**  
 Rudloff, E.

**Zielsetzung/Aim:**

Die Verwendung von Winterraps für den Food- oder Non-Food-Bereich stellt unterschiedliche Anforderungen an die Beschaffenheit der Inhaltstoffe des Rapskorns. Ziel der Arbeiten ist es, die Variabilität der Fettsäurezusammensetzung und anderer wichtiger Qualitätsparameter in der Familie der Brassicaceae zu erfassen und Linien mit starker und stabiler Merkmalsausprägung zu selektieren. Diese sollen als Ausgangsmaterial für die Schaffung von züchterischem Basismaterial genutzt werden.

Utilisation of winter oilseed rape for food and non-food purposes, respectively, sets different requirements on the seed quality. The objective of the investigations is to study the variability of seed oil composition and other important characters in the Brassicaceae as well as to produce lines with strong and stable expression of these traits, which shall be used for the development of basic material for the breeding of varieties.

**Ergebnisse:**

Im Jahr 1999 waren sommer- und winterannuelle Art- und Gattungshybriden aus dem Institut für gartenbauliche Kulturen (IGK) übernommen worden, die aus den Forschungsprojekten BAZ-1305 und BAZ-1306 stammten, um daran Untersuchungen zu ihrer Eignung für die Züchtung von *Brassica*-Ölpflanzen durchzuführen. Das Material wird im folgenden vier Materialgruppen zugeordnet:

1. Arthybriden aus Rübsen (*Brassica rapa*) und Chinakohl (*B. pekinensis*) bzw. Weißem Senf (*Sinapis alba*) und Wildsenf (*Sinapis spec.*)
2. Synthetische Rapse aus *B. rapa* bzw. *B. pekinensis* und verschiedenen Gemüsekohlformen (*B. oleracea*)
3. Digenomische Raphanobrassica-Hybriden aus Radies (*Raphanus sativus* var. *sativus*) bzw. Ölrettich (*R. sativus* var. *oleiformis*) auf der einen Seite und *B. rapa*, *B. pekinensis* bzw. *B. oleracea* auf der anderen.
4. Eine vierte Gruppe umfasst trigenomische Raphanobrassica-Hybriden unterschiedlicher Genomkonstitution, die teilweise aneuploid sind.

Aus der Bearbeitung am IGK war der Entwicklungstyp der einzelnen Hybriden bekannt, so dass eine Zuordnung zum sommer- oder winterannuellen Typ möglich war. In mehreren Fällen ergaben gleiche Artkombinationen bei den synthetischen Rapsen sowohl winter- als auch sommerannuelle Typen (z.B. China- x Wirsingkohl, China- x Rotkohl). Dies ist bei den Raphanobrassica-RRCC-Hybriden nicht der Fall. Hier sind die *B.-oleracea*-Eltern unterschiedliche Varietäten (Blumenkohl und Kohlrabi bei den Sommerannuellen, Grünkohl, Wirsing, Futterkohl und Brokkoli bei den Winterannuellen).

Die Aussaat der winterannuellen Typen (BQ1–BQ35) erfolgte Ende August 1999, die der sommerannuellen (BQ36–BQ69) Ende März 2000. In Anlehnung an Ölrap wurde eine Saatstärke von 80 Korn/m<sup>2</sup> und eine Reihenweite von 30 cm gewählt. Die Aussaat wurde mit einer Parzellendrillmaschine durchgeführt, die Parzellenbreite betrug 1.5 m, die Parzellenlänge 2 m. Tabelle 1 gibt eine Übersicht über das geprüfte Material.

Tab. 1: Zusammenstellung der geprüften Hybriden 1999/2000  
 Table 1: Hybrids involved in the trial of 1999/2000

Bezeichnung	Eltern	Genom/Generation	Anzahl der Hybriden	
			winterannuell	sommerannuell
Hybriden	<i>B. rapa</i> x <i>B. pekinensis</i>	AAAA / F <sub>2</sub>	1	-
	<i>S. alba</i> x <i>S. spec.</i>	S <sub>a</sub> S <sub>a</sub> S <sub>x</sub> S <sub>x</sub> / F <sub>3</sub>	-	3
	<i>S. alba</i> x <i>R. sativus</i>	RRSS / F <sub>4</sub>	-	1
synthetischer Raps	<i>B. rapa</i> / <i>B. pekinensis</i> x <i>B. oleracea</i>	AACC / F <sub>3</sub> -F <sub>8</sub>	12	8
digenomische Raphanobrassica	<i>R. sativus</i> x <i>B. rapa</i> bzw. <i>B. pekinensis</i>	RRAA / F <sub>7</sub> -F <sub>8</sub>	-	12
	<i>R. sativus</i> x <i>B. oleracea</i>	RRCC / F <sub>8</sub> -F <sub>c</sub>	18	8
trigenomische Raphanobrassica	<i>B. pekinensis</i> , <i>B. oleracea</i> , <i>R. sativus</i>	RRAACC / F <sub>3</sub> -F <sub>5</sub>	4	1
			(aneuploid)	
		insges.	35	33

Die Winterformen hatten einen guten Aufgang, so dass sich eine gute und gleichmäßige Bestandsdichte bilden konnte. Auswinterungsschäden traten kaum auf. Allerdings wurde im zeitigen Frühjahr teilweise beträchtlicher Wildverbiss durch Hasen und Rehe festgestellt. Dadurch

war die Entwicklung im Frühjahr zum Teil sehr heterogen, so dass der Blühbeginn, der zwischen dem 11. April und dem 5. Mai lag, in vielen Fällen sehr uneinheitlich war. Am frühesten blühte die Chinakohl-Rübsen-Hybride. Die Sommerformen zeigten ebenfalls einen guten Aufgang.

Die Bestandesentwicklung verlief hier gleichmäßig; der Blühbeginn lag zwischen dem 15. Mai und dem 29. Juni. Bei allen Hybriden ließen Blattform und -farbe in den meisten Fällen die Eltern gut erkennen. Das betrifft vor allem die Gemüsekohl-Eltern Wirsing-, Grün- und Rotkohl, die sowohl in den Hybriden mit Chinakohl als auch mit *Raphanus* dominierten, aber auch den Chinakohl in den Raphanobrassica-Hybriden. Eine große Variabilität war ebenfalls in der Blütenfarbe zu erkennen, die bei den synthetischen Rapsen von Fahlgelb bis stark Dottergelb und bei den Raphanobrassicen von Weiß über verschiedene Violett-Abstufungen bis zu Gelb reichte (Abb. 1).

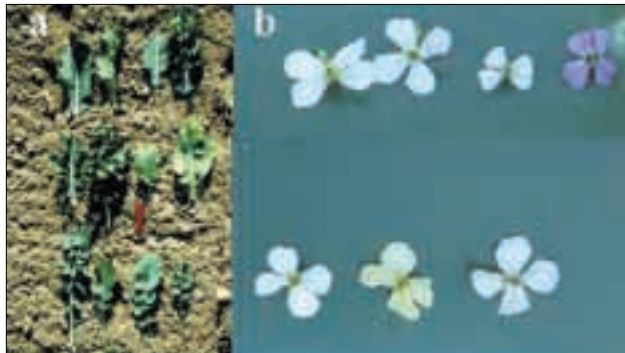


Abb. 1: Blätter und Blüten von oben nach unten: a) AACC-, RRCC-, RAC-Hybriden; b) RRCC-, RAC-Hybriden

Fig. 1: Leaves and flowers. a) upper row: RRCC hybrids, lower row: RAC hybrids

Zur Vermehrung wurden von jeder Hybride an 15 Pflanzen Isolierungen mit Crispac-Beuteln durchgeführt. Dazu wurden, soweit vorhanden, gut entwickelte Blütenstände verwendet, die viele Knospen aufwiesen. Die Knospenanzahl wurde nicht ermittelt, so dass genaue Angaben über die Fertilität nicht möglich sind. Einen Hinweis auf die Fertilität könnte jedoch die aus der Isolierung jeder Pflanze geerntete Samenmenge geben. Überraschend ist der allgemein geringe Selbstungsansatz, denn es handelt sich in den meisten Fällen um Material in fortgeschrittenen Generationen (Tab. 1). Von den insgesamt 999 isolierten Einzelpflanzen hatten 26.8 % keinen Ansatz, bei 58.3 % wurde weniger als 1 g/Pflanze und bei 14.9 % der Pflanzen mehr als 1 g/Pflanze geerntet. Ein Einfluss der bei *B. oleracea* und bei *B. rapa*, zu dessen Formenkreis auch *B. pekinensis* gehört, verbreiteten sporophytischen Selbstinkompatibilität auf den Selbstungsansatz kann nicht ausgeschlossen werden. Zu dieser Frage sollen entsprechende Untersuchungen an ausgewählten Hybriden durchgeführt werden, die in 2002 im Versuchsgarten stehen. Auffällig ist der bessere Ansatz der synthetischen Winterrapse, der alle anderen Hybriden deutlich übertrifft (Abb. 2). Der Grund für die Differenzen zu den synthetischen Sommerrapsen ist aus dieser Erhebung nicht abzuleiten.

Die Abreife der Hybriden verlief sowohl bei den winterannuellen als auch bei den sommerannuellen Formen teilweise sehr ungleichmäßig bzw. verzögert. Die Schoten einiger synthetischer Rapse, besonders aber der Raphanobrassica-

Hybriden waren sehr fest. Dadurch wurde die Aufarbeitung erschwert und die chemische Analyse konnte erst im ersten Halbjahr 2001 beendet werden. Die Aussaat der ausgewählten Winterformen erfolgte Ende August 2001, die Sommerformen werden im Frühjahr 2002 angebaut.

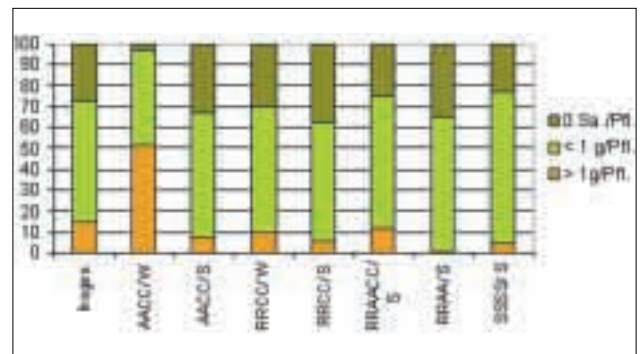


Abb. 2: Selbstungsansatz (isolierte Abblüte) an Winter- (W) bzw. Sommerformen (S) von Art- und Gattungshybriden im Freiland (Ernte 2000)

Fig. 2: Seed setting of winter (W) and spring type (S) hybrids in isolation bags in the field 2000

Die Fettsäureanalyse gestaltete sich in vielen Fällen schwierig, da die Körner sehr hart waren und das übliche Verfahren zur Homogenisierung der 10-Korn-Mischproben nicht durchführbar war. Deshalb wurden in diesen Fällen von jeder Pflanze 5 Korn einzeln analysiert.

Die Variabilität in den einzelnen Fettsäuren ist erwartungsgemäß groß. In Abbildung 3 sind die mittleren Gehalte wichtiger Fettsäuren für die unterschiedlichen Hybridtypen (Genome und Entwicklungstypen) dargestellt. Den höchsten Erucasäuregehalt weisen die Hybriden zwischen Rübsen und Chinakohl (AAAA) sowie zwischen Weißem Senf und Wildsenf (SSSS) auf.

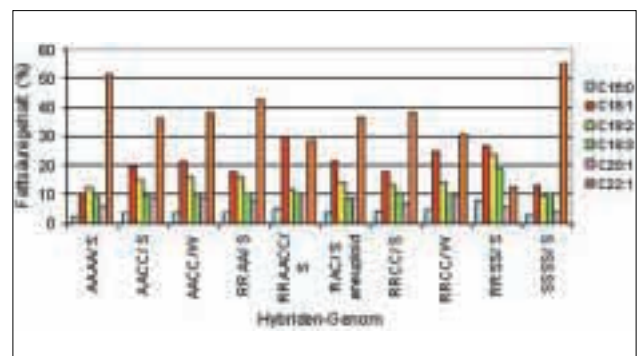


Abb. 3: Gehalt der verschiedenen Hybriden an wichtigen Fettsäuren (/ W: winterannuell, / S: sommerannuell)

Fig. 3: Fatty acid content in different hybrids (/ W: winter type; / S: spring type)

Die Variabilität zwischen den Einzelpflanzen einer Linie ist in der Regel wesentlich größer. Um das in dem Material vorhandene Potenzial für die züchterische Veränderung der Fettsäurezusammensetzung zu illustrieren, sind in Tabelle 2 einige Analysenmittelwerte aus 5 bzw. 10 Einzelkornanalysen je Pflanze dargestellt.



Tab. 2: Einzelpflanzengehalte wichtiger Fettsäuren  
Table 2: Single-plant contents of important fatty acids

Fettsäure	Gehalt (%)	Hybride / Genom
Palmitinsäure C16:0	bis 8.2	BQ69 / RRSS
	bis 7.2	BQ20 / RRCC
	bis 6.6	BQ21 / RRCC
Stearinsäure C18:0	bis 7.0	BQ48 / RRCC
Ölsäure C18:1	bis 67.0	BQ12 / AACC
	bis 60.5	BQ01 / AACC
Linolsäure C18:2	bis 33.6	BQ12 / AACC
	bis 26.1	BQ69 / RRSS
Linolensäure C18:3	bis 21.4	BQ69 / RRSS
	bis 18.2	BQ47 / RRCC
	bis 18.2	BQ21 / RRCC
	bis 16.3	BQ53 / RRAA
	unter 2.8	BQ64 / RRAA
Eicosensäure C20:1	unter 4.0	BQ10 / AACC
	bis 14.8	BQ05 / AACC
	bis 13.9	BQ09 / AACC
Erucasäure C22:1	bis 13.5	BQ11 / AACC
	bis 56.9	BQ66 / S <sub>a</sub> S <sub>a</sub> S <sub>x</sub> S <sub>x</sub>
	bis 56.7	BQ68 / S <sub>a</sub> S <sub>a</sub> S <sub>x</sub> S <sub>x</sub>
	bis 56.7	BQ48 / RRCC
	bis 55.3	BQ17 / AAAA
	bis 54.8	BQ37 / AACC
	0.0	BQ01, BQ12 / AACC
	11.9	BQ11 / AACC
	11.3	BQ41 / AACC

Für die Linolensäure und die Erucasäure sind auch die Minimalwerte angegeben. Bei den Hybriden BQ12 und BQ41 ist zu beachten, dass der Elter mit dem A-Genom der erucasäurefreie Sommerrübsen cv. 'Candle' ist, so dass das Auftreten erucasäurefreier Nachkommen nicht unerwartet ist - im Gegensatz zu BQ01 und BQ11, deren A-Genom von erucasäurehaltigem Chinakohl stammt. Es ist davon auszugehen, dass zwischen den Einzelkörnern einer Nachkommenschaft eine z.T. deutlich größere Variabilität in der Fettsäurezusammensetzung gegeben ist, so dass mit einer Halbkornselektion auf höhere bzw. niedrigere Werte selektiert werden kann. Es traten z.B. Einzelpflanzen mit einem mittleren Erucasäuregehalt (20-30 %) auf, in deren Nachkommenschaften mit erucasäurefreien Individuen zu rechnen ist. Interessant erscheinen in diesem Zusammenhang RRCC-Raphanobrassica-Hybriden, die Einzelwerte von unter 10 % bis 20 % Erucasäure zeigen; denn es kann davon ausgegangen werden, dass sich weder unter den RR- noch unter den CC-Eltern erucasäurearme oder -freie Formen befinden.

#### Abstract:

Both interspecific hybrids (*Brassica oleracea* x *B. rapa*, *B. pekinensis*; *B. rapa* x *B. pekinensis*; *Sinapis alba* x *S. spec.*) and intergeneric hybrids (*B. oleracea* x *Raphanus sativus*, *B. rapa* and *B. pekinensis* x *R. sativus*; *B. oleracea* x *B. pekinensis* x *R. sativus*) were grown in the field in 1999/2000 and analyzed in their fatty-acids contents in 2000/2001. The hybrids were studied regarding their suitability in the breeding of oilseed Brassicas, mainly oilseed

rape. They displayed a broad range in growth type, leaf and flower shape, colour and size. The seed setting after selfing was in the most cases very low, perhaps due to the action of the sporophytic self-incompatibility, which is characteristic of some of the parental varieties. The main fatty acids displayed large variability, too. There were single plants with up to 8.2 % palmitic acid, 67.0 % oleic acid, 33.6 % linolic acid, 21.4 % linolenic acid, 14.8 % eicosenic acid, or 56.9 % erucic acid, respectively. Plants displaying zero or low erucic acid, and low linolenic acid, respectively, were also observed. Thus, the examined hybrids provide good chances for changing the fatty acid composition by breeding for both food and non-food purposes.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität, Jürgens, H.-U. (BAZ-3109)

#### 1.11. Erschließung genetischer Variabilität zur Verbesserung der Resistenz gegen *Puccinia coronata* bei *Lolium* sp.

**Investigation of genetic variability for improving resistance to *Puccinia coronata* in *Lolium* species**  
Lellbach, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Erhöhung der genetischen Variabilität und die Verfügbarkeit von Resistenzgenen sind Anforderungen, die im Sinne einer nachhaltigen Landwirtschaft mit Nachdruck zu stellen sind. Im Vordergrund steht dabei die Erschließung genetischer Ressourcen in *Lolium perenne*, *L. multiflorum* und Gräserbastarden aus Kreuzungen zwischen *Festuca*- und *Lolium*-Arten. Voraussetzung für die Nutzung dieser Ressourcen ist die Evaluierung zahlreicher Akzessionen der Genbank. Diese Ergebnisse können in Beziehung gesetzt werden zur geografischen Herkunft und zu anderen wichtigen Merkmalen der Gräserzüchtung.

The most challenging demands in forage grass breeding are the increase of genetic variability and the availability of resistance genes to crown rust (*P. coronata*). To find resistances to crown rust in *Lolium* sp., it is necessary to evaluate carefully many accessions and to analyze genetic variability.

#### Ergebnisse:

Im Rahmen der Erschließung genetischer Ressourcen von Sammlungsmaterial wurden 451 Ökotypen rumänischen Ursprungs, die entsprechend ihrer geografischen Herkunft in 85 Subgruppen zusammengefasst wurden, auf Kronenrostresistenz untersucht. Mit Hilfe des Blattsegmenttests erfolgte unter Laborbedingungen die Charakterisierung resistenter Subgruppen. Dreiundzwanzig der untersuchten 85 Gruppen, insgesamt ein Anteil von 27 %, konnten als resistent eingestuft werden. Es zeigte sich, dass diese Subgruppen geografisch vorrangig den Ebenen Satu Mare und Crisana und dem Hügelland Cimpia und Tirnava zuzuord-

nen sind. Hoch anfällige Herkünfte sind vorwiegend in den Gebieten der Subkarpaten Transilvanien und Moldovei lokalisiert.

Ein Vergleich mit anderen Evaluierungsdaten, die aus einer zweiortigen Parzellenprüfung im Freiland in Zusammenarbeit mit der IPK-Genbank Außenstelle Malchow ermittelt wurden (Sekundärevaluierung), zeigt, dass die resistenten Subgruppen auch Ökotypen mit anderen wichtigen züchterischen Merkmalen einschließen (Tabelle 1). Ermittelt wurde u.a. der Befall durch *Drechslera siccans* auf den Blättern und die Grünmasseproduktion sowie der Gehalt an Endophyten (*Neotyphodium lolii*) in Samenproben. Der Befall durch *Drechslera siccans* ist im Vergleich zu den Sortenmitteln gleich oder geringfügig höher. In der Grünmasseleistung fallen die Subgruppen gegenüber den Sorten um 2-17% ab. Der Endophytgehalt der Subgruppen

variiert von 0-70% und entspricht dem der in- und ausländischen Sorten. Die gesammelten Ökotypen stellen somit eine geeignete Basis für die Selektion wertvollen Materials für die Sortenzüchtung dar.

Abstract:

In the course of the experiment 85 different accessions of a collection from Rumania were tested to crown rust, of which 27% proved to be resistant. Within the resistant strains other characteristics like attack by *Drechslera siccans*, content of endophytes and green mass yield were tested. The results showed that the collected ecotypes form a suitable basis for ryegrass breeding.

In Zusammenarbeit mit: Willner, E., Genbank IPK Gatersleben (BAZ-3214)

Tab. 1: Endophytgehalt, *Drechslera-siccans*-Befall und Grünmasseertrag der gegen Kronenrost resistenten Subgruppen  
Table 1: Endophyte incidence, infection by *Drechslera siccans* and green mass yield of crown-rust resistant accession subgroups from Rumania.

Subgruppe	Endophytinzidenz in den Samen [%]	Befall mit <i>Drechslera siccans</i> (1-9)	Grünmasseertrag [% Sortenmittel]*
6	57	4,0	86
14	42	5,2	93
15	6	4,9	91
16	38	4,1	93
17	50	3,8	91
37	17	5,5	93
39	39	4,2	98
43	26	3,8	93
44	36	4,2	94
81	-	5,7	83
84	-	5,1	94

\* gemittelte Sorten: 'Bardonna', 'Gladio', 'Respect'

### 1.12. Erarbeitung von Selektionsmethoden und -modellen für Kronenrostresistenz bei *Lolium*-Arten Development of models and methods for selection of crown rust resistance in *Lolium* species

Lellbach, H.

Zielsetzung/Aim:

Auf der Grundlage eines geeigneten In-Situ-Resistenztests sind die Fragen der Vererbung des Merkmals Kronenrostresistenz zu klären. Die Identifizierung der Resistenzgene *Cr1* und *Cr2* (s. Jahresbericht 1999) ist durch Erstellung der F3 und anderer definierter Nachkommenschaften weiterzuführen. Diese sollen es erlauben, Resistenzgene unter Verwendung molekularer Marker im *Lolium*-Genom zu kartieren. Außerdem ist die Rassenspezifität dieser Resistenzgene gegenüber einer vorhandenen Einzelpustelisolat-Kollektion in Verbindung mit der Erstellung eines Testsortimentes zu überprüfen. Es gilt weiterhin, die Beziehung zwischen der Resistenz im Blattsegmenttest und dem Freilandbefall zu analysieren.

The inheritance of crown rust resistance shall be clarified based on a suitable *in situ* test for resistance. Genetic ana-

lysis using F3 generation and other defined progenies will be continued to characterize genes for resistance and to develop molecular markers for mapping purposes and marker-assisted selection. Race-specificity of resistance genes shall be characterized by use of a set of single-pustule isolates of crown rust and the relationship between resistance in the detached-leaf test and in the field shall be analyzed.

Ergebnisse:

In Fortsetzung der genetischen Analyse zur weiteren Identifizierung der Resistenzgene *Cr1* und *Cr2* in *L. perenne* wurden Nachkommenschaften erstellt, deren resistente Individuen nur an einem Genort das dominante Allel *Cr1* oder *Cr2* tragen. Diese Populationen wurden durch Selbstung resistenter BC<sub>1</sub>-Pflanzen erzeugt. Die daraus entstandenen Nachkommenschaften spalteten im Merkmal Kronenrostresistenz resistant : anfällig wie erwartet sowohl 15:1 als auch 3:1 (Tabelle 1). Da die resistenten Genotypen aus den 3:1 spaltenden Populationen nur ein dominantes Allel besitzen können, bilden sie die Grundlage für die Entwicklung molekularer Marker, die zur Identifizierung und Kartierung der einzelnen Resistenzgene von großer

Bedeutung sind. Im Rahmen dieser Untersuchungen konnte ein RGL-Marker (resistance gene-like sequence) in Rückkreuzungspopulationen (BC<sub>1</sub>) identifiziert werden, der mit dem Resistenzgen *Cr1* in 3.0 cM Distanz gekoppelt ist. Gegenwärtig erfolgt die Kartierung der beiden *Cr*-Gene durch SSR-Marker, um die beiden Resistenzgene chromosomal zuordnen zu können.

Tab. 1: Beobachtete Häufigkeiten von resistenten und anfälligen Genotypen in BC<sub>1</sub> und BC<sub>1</sub>S<sub>1</sub>

Table 1: Segregation of resistant and susceptible genotypes in BC<sub>1</sub> and BC<sub>1</sub>S<sub>1</sub>

BC <sub>1</sub>	S <sub>1</sub>	Aufspaltungen			$\chi^2$ 3:1	$\chi^2$ 15:1
		n	res	anf		
<b>A</b>		<b>77</b>	<b>64</b>	<b>13</b>	<b>2,71</b>	
	<b>1</b>	39	32	7	1,04	
	<b>2</b>	41	32	9	0,20	
	<b>3</b>	16	15	1		0,00
<b>B</b>		<b>74</b>	<b>58</b>	<b>16</b>	<b>0,45</b>	
	<b>1</b>	40	29	11	0,13	
<b>C</b>		<b>76</b>	<b>59</b>	<b>17</b>	<b>0,28</b>	
	<b>1</b>	48	40	8	1,77	
	<b>2</b>	96	78	18	2,00	
	<b>3</b>	96	70	26	0,23	
	<b>4</b>	24	22	2		0,18

Zur Überprüfung der Wirksamkeit der analysierten Resistenzgene *Cr1* und *Cr2* unter natürlichen Infektionsbedingungen wurden drei F<sub>2</sub>-Populationen in den Jahren 2000 und 2001 im Freiland getestet. Hier zeigte sich, dass sporulierende Pusteln auch auf Blättern der mit Hilfe des Blattsegmenttestes ermittelten resistenten Genotypen zu beobachten waren. Daraus ergibt sich die Schlussfolgerung, dass die analysierten Resistenzgene *Cr1* und *Cr2* keinen ausreichenden Schutz gegenüber dem Kronenrost im Freiland bedingen. Es wird deshalb versucht, weitere Resistenzgene zu analysieren und mit Hilfe molekularer Marker zu identifizieren. Eine dauerhafte Resistenz gegenüber dem Kronenrost wird durch die Kombination verschiedener Resistenzgene, die in *Lolium* ssp. und anderen Arten vorhanden sind, erwartet.

#### Abstract:

Monogenically segregating families were produced by selfing double-heterozygous BC<sub>1</sub> plants followed by resistance tests to *P. coronata*. Resistance of genotypes derived from 3:1 segregating populations is controlled by only one of two dominant genes. These populations are the basis to develop molecular markers for resistance genes *Cr1* and *Cr2*, respectively. To date, an RGL marker (resistance gene-like sequence) has been identified which is linked to *Cr1* with 3.0 cM distance.

To score the effectiveness of resistance genes *Cr1* and *Cr2* F<sub>2</sub> plants were tested in the field under natural infection

conditions. The results reveal that the *Cr1* and *Cr2* do not completely prevent rust infestation on the leaves. A more complete resistance is sought by combining several resistance genes derived from *Lolium* ssp. and other grass species.

In Zusammenarbeit mit: Roderick, H., Inst. of Grassland and Environmental Research, Aberystwyth, UK (BAZ-3205)

### 1.13. Erzeugung und Charakterisierung neuer interspezifischer Hybriden zwischen *Hordeum vulgare* und *H. bulbosum* zur Übertragung wertvoller Merkmale

#### Generation and characterization of novel interspecific hybrids between *Hordeum vulgare* and *H. bulbosum* for the transfer of valuable traits

Scholz, M.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Wildart *Hordeum bulbosum* wird bislang in der züchterischen Bearbeitung der Gerste kaum genutzt, obwohl sie eine Reihe wertvoller Merkmale, insbesondere Krankheits- und Schädlingsresistenzen, aufweist, die sie zu einer wertvollen, potenziellen genetischen Ressource für die Sicherung einer nachhaltigen Resistenzzüchtung bei der Gerste machen. Kreuzungsbarrieren zwischen *H. vulgare* und *H. bulbosum* erschweren allerdings die Nutzung der Wildart in der Gerstenzüchtung. Um die Erschließung dieser potenziellen genetischen Ressource zu forcieren, wurde ein Hybridisierungsprogramm zur Erzeugung neuer interspezifischer Hybriden zwischen *H. vulgare* und *H. bulbosum* begonnen. Die Hybriden sollen als Ausgangsmaterial für die stabile Introgression von Merkmalsgenen in die Kulturgerste dienen.

The wild barley species, *Hordeum bulbosum*, has scarcely been used in breeding although it is a carrier of a number of valuable traits, especially disease resistances which render this wild species a potential genetic resource for sustainable resistance breeding in barley. Deployment of *H. bulbosum* for breeding purposes is, however, hampered by crossing barriers between this wild species and cultivated barley. To expedite use of this potential genetic resource a hybridization programme was started. Interspecific hybrids shall serve as a basis for the stable introgression of trait genes from *H. bulbosum* into *H. vulgare*.

#### Ergebnisse:

Im Jahr 2001 wurde ein Kreuzungsprogramm zwischen vier diploiden (2n=14=VV) und tetraploiden (2n=28=VVVV) *H.-vulgare*-Genotypen einerseits und dreizehn tetraploiden *H.-bulbosum*-Akzessionen (2n=4x=28=BBBB) unterschiedlicher Herkunft (Karnobat, Bulgarien; Bulgarien; S.V.P. Wageningen, Niederlande; Botanischer Garten Montevideo, Uruguay) andererseits begonnen. Elf der benutzten *H.-bulbosum*-Eltern weisen eine Vierfachresistenz gegenüber Gelbmosaikviren,

Mehltau, Zwergrost und Typhula auf; ein Genotyp besitzt eine zusätzliche Resistenz gegenüber Gelbverzweigungsvirus. Ein weiterer Wildelter zeichnet sich durch Dreifachresistenz aus. Es wurden reziproke Kreuzungen durchgeführt. Zum Nachweis des Hybridcharakters erfolgten Chromosomen-, Isoenzym- sowie molekulare Markeranalysen.

Durch Embryo Rescue wurden 517 Pflanzen erhalten. Ausbeute an Nachkommen und Vitalität der Pflanzen waren abhängig sowohl vom jeweiligen Saat- als auch vom Pollenelter. Die Kreuzung VVxBBBB und der reziproke Ansatz BBBBxVV lieferten etwa gleich viele Pflanzen (4.3% bzw. 6.7% der bestäubten Blüten). Während aus der Kombination VVVVxBBBB keine Pflanzen hervorgingen, führte die reziproke Kreuzung zu 6.9 % Pflanzen. Die Pflanzen aus dem gesamten Kreuzungsprogramm waren überwiegend triploid ( $3n=3x=21$ ). Zusätzlich traten tetraploide ( $2n=4x=28$ ), aber auch aneuploide Pflanzen mit 19, 22, 23 bzw. 25 Chromosomen auf. Einhundertsechzig Pflanzen konnten mit Hilfe ihrer Isoenzymmuster als interspezifische Hybriden identifiziert werden. Neben Isoenzym- wurden auch SSR-Marker eingesetzt. Erste Ergebnisse mit SSR-Markern, die auf den  $(C)_{12}(TC)_9$ - bzw.  $(GT)_7$ -Mikrosatelliten basieren, welche in den für Alaninaminotransferase bzw. Methyljasmonat-induzierbare Lipoxigenase-2 kodierenden *HvALAAT*- und *HvU56406*-cDNAs enthalten sind, zeigen, dass diese SSR-Marker zur Identifizierung von *H. vulgare*x*H. bulbosum*-Hybriden gut geeignet sind (Abb. 1). Bei bisher elf F<sub>1</sub>-Hybriden wurden zwischen zwei und vier *H. bulbosum*-Chromosomen mit Hilfe von Markern identifiziert.

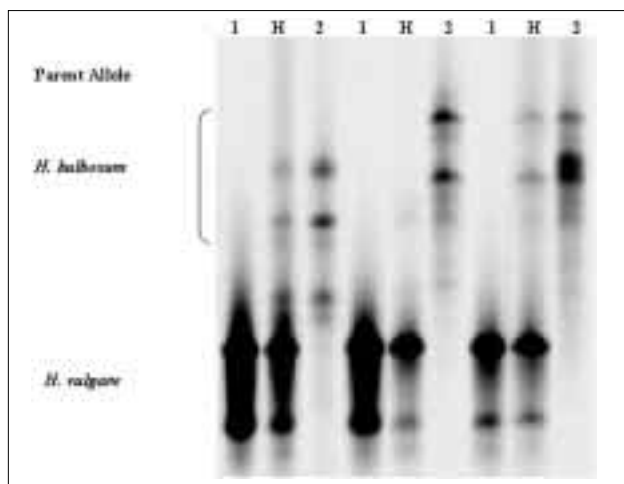


Abb. 1: Identifizierung interspezifischer Hybriden (H) zwischen *Hordeum vulgare* (1) und *H. bulbosum* (2) mit Hilfe des Mikrosatelliten aus *HvU56406*.

Fig. 1: Identification of interspecific hybrids (H) between *H. vulgare* (1) and *H. bulbosum* (2) by use of a cDNA-derived SSR marker from *HvU56406*.

#### Abstract:

In 2001, the hybridization programme involved four diploid and tetraploid *H. vulgare* parents and thirteen tetraploid accessions of *H. bulbosum* in reciprocal combinations. Eleven of the latter displayed multiple resistance toward

yellow mosaic virus, mildew, leaf rust and typhula. A total of 517 plants were achieved *via* embryo rescue, with the efficacy ranging between zero and 6.9 % of pollinated florets giving rise to viable plants. The majority of plants proved to be triploid, the remainder was either tetraploid or aneuploid. One hundred and sixty plants were identified as being interspecific hybrids by means of isozyme analysis. In addition to isozymes, microsatellite markers proved to be useful in identifying hybrid offspring (Fig. 1).

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen, Hackauf, B. und Ruge, B. (BAZ-3149)

## 2. Molekulare Züchtungsmethoden Molecular Breeding Methods

### 2.1. Entwicklung molekularer Marker für die Roggenzüchtung/Entwicklung und Kartierung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen

#### Development of molecular markers for rye breeding/Development and mapping of microsatellite markers in rye

Hackauf, B.; Wehling, P.

#### Zielsetzung/Aim:

Für die effektive markergestützte Selektion bei Roggen soll die bislang unzureichende Zahl verfügbarer Mikrosatellitenmarker wesentlich erhöht werden. Hierzu werden im Rahmen eines Kooperationsprojektes mit einem internationalen Züchterkonsortium sowie eines weiteren, im Genomforschungsprogramm GABI eingebetteten Forschungsprojektes neuere Strategien der SSR-Markerentwicklung angewandt.

To support marker-assisted selection in rye the number of microsatellite markers available for the rye genome has to be considerably increased. Novel strategies shall be applied to this end.

#### Ergebnisse:

Der Schwerpunkt der Arbeiten lag im Berichtszeitraum auf der chromosomalen Lokalisation der bislang 157 neuen *Secale-cereale*-Mikrosatellitenmarker (SCM), unter denen einhundert (64%) einen Längenpolymorphismus mit durchschnittlich 3 Allelen je Locus zwischen 15 ausgewählten Genotypen zeigten. In einer BC<sub>1</sub>-Kartierungspopulation konnten unter 121 untersuchten SCM 52 polymorphe Loci (43%) beobachtet werden. Durch Kopplungsanalyse war es möglich, 41 dieser aus Roggen-ESTs entwickelten SCM-Marker in einer AFLP-Kopplungskarte zu integrieren. Der Einsatz genomischer Roggen-SSRs als Ankermarker erlaubte auch die chromosomale Zuordnung der zuvor anonymen sieben Kopplungsgruppen der AFLP-Karte. Die neu entwickelten SCM-Marker zeigen sich relativ gleichmäßig über das Roggen-genom verteilt.

Insgesamt konnten 56 aus ESTs abgeleitete bzw. genomische SSRs in die AFLP-Karte integriert werden. Die

Gesamtlänge des mit Markern abgedeckten Bereichs konnte durch die Einbeziehung der SSR-Marker um 120 cM auf nunmehr 685 cM erweitert werden. Da EST-SSRs exprimierte Gene repräsentieren, erlaubt ihre Anwendung die Erstellung einer „funktionellen Genkarte“ im Roggen (Abb. 1). Etwa die Hälfte der neuen und zum Teil kartierten SCM-Marker, welche auf ESTs aus Antheren, Al<sup>3+</sup>-gestressten wie ungestressten Wurzeln sowie kältgestressten Blättern beruhen, konnte über datenbankgestützte

Annotation mit Proteinen bekannter oder unbekannter Funktion assoziiert werden.

Die erhaltenen Ergebnisse lassen den Schluß zu, dass die Roggen-ESTs aus verschiedenen Geweben eine effektive Ressource für die Entwicklung von Mikrosatellitenmarkern darstellen. Die SSR-Primersequenzen sowie weitere Informationen können über für wissenschaftliche, nicht-kommerzielle Zwecke angefordert werden.

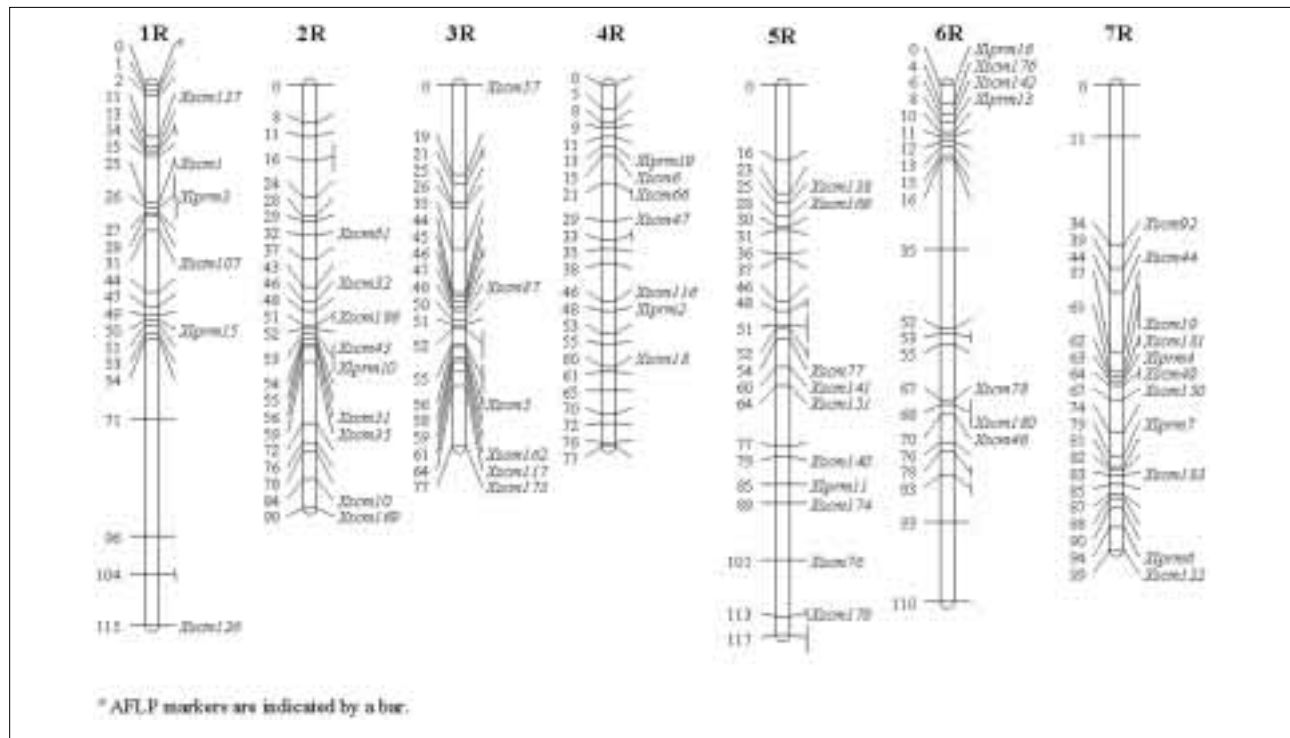


Abb. 1: Eine funktionelle Genkarte des Roggens.  
Fig. 1: A functional map of rye.

**Abstract:**

Research in 2001 was focussed on the chromosomal localization of the novel 157 *Secale cereale* microsatellites (SCM) which had been derived from ESTs expressed in anthers, cold-stressed seedlings, or Al<sup>3+</sup>-stressed and unstressed roots of rye, respectively.

Linkage analysis in relation to SSR anchor markers allowed to arrange 41 polymorphic EST-derived SCM markers into a total of seven linkage groups which correspond to the seven rye chromosomes. Genomic distribution of EST-derived SCM markers appears to be uniform. Inclusion of the 56 EST-derived as well as genomic rye SSR markers to a basic AFLP map resulted in a linkage map comprising 685 cM. Since EST-derived SSR markers represent expressed genes they allow to establish a „functional map“ in rye. As a conclusion, recently published ESTs from different rye tissues proved to be a valuable resource for SSR marker development in rye. SSR primer sequences and further information may be ordered for non-commercial scientific purposes via [www.bafz.de](http://www.bafz.de).

In Zusammenarbeit mit: Geiger (Universität Hohenheim), Miedaner (Landessaatzuchtanstalt Hohenheim), Tuveesson

(Svalöf Weibull), Wilde (Lochow-Petkus GmbH), Wortmann (Hybro GmbH), Nissilä (Boreal Plant Breeding) (BAZ-3136, BAZ-3146)

**2.2. Die Übertragung von Resistenzen gegen den Gelbmosaikviruskomplex aus *Hordeum bulbosum* in die Kulturgerste und ihre Charakterisierung mit molekularen Markern**

**Introgression of resistances to BaMMV, BaYMV and BaYMV-2 from *Hordeum bulbosum* into *H. vulgare* and their characterization with molecular markers**

Ruge, B.; Linz, A.

**Zielsetzung/Aim:**

Die bisher in der Gerstenzüchtung kaum genutzte Resistenzquelle *H. bulbosum* soll genetisch erschlossen werden, um neue Resistenzgene in die Kulturgerste zu übertragen. Nach der Identifizierung rekombinanter, diploider Nachkommen mit Virusresistenz erfolgt die Entwicklung von Kartierungspopulationen, die eine genetische und molekulare Charakterisierung der Resistenzen erlauben.

The studies aim at the introgression of novel resistance genes against the barley yellow mosaic virus complex from *H. bulbosum* into cultivated barley. Resistances will be analyzed genetically and mapped by molecular markers.

Ergebnisse:

Mit Hilfe interspezifischer Kreuzungen zwischen *H. vulgare* und *H. bulbosum* ist es gelungen, eine neue, dominant vererbte Gelbmosaikvirusresistenz (BaMMV, BaYMV-1, BaYMV-2) für die Gerstenzüchtung zur Verfügung zu stellen. Die Lokalisation der resistenztragenden *H.-bulbosum*-Introgression auf dem kurzen Arm von Chromosom 6H erfolgte durch In-Situ-Hybridisierungen (GISH, durch R. Pickering). Die Grundlage für die nähere Charakterisierung der 6HS-Virusresistenz bildet die F5-Kartierungsfamilie 4006 mit einem Umfang von 236 Individuen, die eine monohybride, dominant-rezessive Aufspaltung für die Virusresistenz aufweist. F6-Nachkommenschaftstests zur Verifizierung des Resistenzgenotyps wurden an 153 resistenten und 10 anfälligen F5-Genotypen durchgeführt. Dieser Test ermöglicht die Auflösung der dominant-rezessiven Aufspaltung von 153:55 in eine 37:116:55-Aufspaltung von homozygot-resistenten, heterozygot-resistenten bzw. anfälligen Genotypen. Für die molekulare Charakterisierung des Resistenzgens kann nunmehr das Kodominanz-Modell angewandt und somit eine größere Information für die Berechnung der Rekombinationswerte genutzt werden.

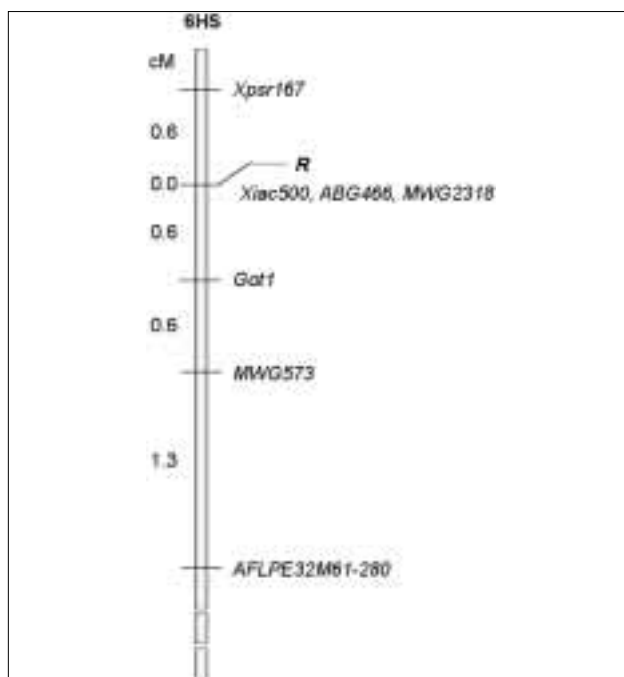


Abb.1: Kartierung eines Virusresistenzgens auf Chromosom 6HS der Gerste

Fig.1: Mapping of a virus resistance gene on chromosome 6HS of barley

Nach kodominanter Auswertung der Resistenzdaten und der Daten für die Gersten-Ankermarker *Xpsr167*, *ABG466*, *MWG2318* und *MWG573* ergeben sich folgende genetische Distanzen (Abb. 1). Distal vom Resistenzlocus

*R* kartiert die genomische Weizensonde *Xpsr167* mit einem genetischen Abstand von 0.6 cM. Der Rekombinationswert ergibt sich aus zwei Individuen dieser Familie, die reziprok rekombinant zur Resistenz sind. Proximal vom Resistenzgen kartiert der Isoenzymmarker *Got1* (0.6 cM). Wiederum mit einer genetischen Distanz von 0.6 cM zum Isoenzymmarker kartiert der RFLP-Marker *MWG573*. Der letztgenannte Rekombinationswert ist durch das Auftreten zweier reziproker Doppelcrossover-Individuen bedingt. Die Rekombinationsorte dieses Doppelcrossovers liegen zum Einen distal und zum Anderen proximal vom Resistenzlocus und erlauben somit eine rekombinative Reduzierung der ursprünglichen Introgressionsgröße.

Abstract:

Interspecific crosses between *H. bulbosum* and *H. vulgare* were used for the transfer of novel resistance genes against the barley yellow mosaic virus complex into cultivated barley. For a further characterization of the virus resistance the F5 mapping family 4006 ( $n = 236$ ) was used because it displayed a monogenic segregation pattern. Progeny tests for the verification of the F5 resistance genotypes were performed and allowed linkage analysis using codominant segregation data. The mapping data demonstrated that only a few recombination events took place around the resistance locus (Fig. 1). This phenomenon could be explained by a linkage drag which is conditioned by the introgression of an alien genome segment.

In Zusammenarbeit mit: Crop & Food Research, Neuseeland, Pickering, R.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie u. Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G.; BAZ, Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik, Aschersleben, Kastirr, U. (BAZ-3115)

### 2.3. Die Übertragung von Resistenzen gegen Zwergerste und Mehltau aus *H. bulbosum* in die Kulturgerste und die Identifikation von Introgressionen durch molekulare Marker

#### Introgression of resistances to leaf rust and powdery mildew and their identification with molecular markers

Ruge, B.; Linz, A.

Zielsetzung/Aim:

Die Übertragung von neuen Resistenzgenen in die Kulturgerste wird durch interspezifische Kreuzungen zwischen *H. vulgare* und *H. bulbosum* erzielt. Spaltende Nachkommenschaften geben Information über die Anzahl involvierter Resistenzloci und ermöglichen die Charakterisierung der Resistenzgene mit molekularen Markern.

The transfer of resistances in cultivated barley is accomplished by interspecific crosses between *H. vulgare* and *H. bulbosum*. Genetic and molecular studies will be performed in segregating populations.

## Ergebnisse:

Die Analyse spaltender Kartierungspopulationen für Zwergrost- und Mehltaresistenz weist auf das Vorhandensein mehrerer dominanter Resistenzgene hin, die durch Introgression homoeologer Genomabschnitte aus *H. bulbosum* in die Kulturgerste übertragen wurden. Bevorzugte Rekombinationsorte bilden dabei die telomeren Bereiche des Chromosoms 2H.

### Chromosom 2HL

Auf Chromosom 2HL konnten Resistenzgene kartiert werden, die aus unterschiedlichen *H.-bulbosum*-Herkünften stammen. In einer F<sub>2</sub>-Kartierungsfamilie (bereitetgestellt von U. Walther, BAZ-Aschersleben) wurde eine monohybride, dominant-rezessive Aufspaltung für Zwergrostresistenz nachgewiesen. Das Resistenzgen kartiert mit einer genetischen Distanz von 4 cM zu einem STS-Marker, der durch Konvertierung des 2HL-RFLP-Ankermarkers MWG866 entwickelt wurde. Eine zweite Familie (F<sub>4</sub>) zeigt eine monohybride, dominant-rezessive Aufspaltung für Zwergrost- und Mehltaresistenz und wurde über den Ankermarker MWG949 dem Chromosom 2HL zugeordnet. Für den STS-Marker konnte in dieser Population kein Polymorphismus nachgewiesen werden. Eine weitere, von R. Pickering entwickelte F<sub>3</sub>-Kartierungsfamilie mit einer 2HL-Introgression zeigt zusätzlich zu der von ihm beschriebenen Resistenz gegenüber Zwergrost eine Resistenz gegenüber unterschiedlich virulenten Mehltausisolaten.

### Chromosom 2HS

In der F<sub>4</sub>-Kartierungsfamilie 3026 wurde ein dominantes Gen nachgewiesen, das gleichzeitig Resistenz gegenüber Zwergrost und Mehltau vermittelt (s. Jahresbericht 2000). Die Resistenztests in dieser Familie wurden durch die Verwendung verschiedener Zwergrost- und Mehltausolate erweitert. Für alle Isolate wurden jeweils dieselben Individuen als resistent identifiziert. Es konnte weiterhin gezeigt werden, dass im Vergleich zur Kartierungsfamilie 3027, die ein dominantes Resistenzgen ausschließlich gegen Mehltau trägt, die Resistenzen nicht gegenüber denselben Mehltausisolaten auftreten. Somit liegt ein erster Hinweis vor, dass unterschiedliche, dominante Resistenzgene gegen Mehltau in den Bereich des kurzen Arms von Chromosom 2HS übertragen wurden. Der auf 2HS lokalisierte RFLP-Marker MWG878 wurde in einen CAPS-Marker konvertiert. In der Kopplungsanalyse der Familie 3026 ( $n=66$ ) wurden drei Genotypen identifiziert, die Rekombination zwischen dem RFLP-Locus und dem CAPS-Marker aufweisen. Daraus ergibt sich ein Rekombinationswert von 3.6 cM (Abb.1) zwischen den beiden Loci.

Ein Screening von jeweils vier zwergrostresistenten und vier anfälligen Genotypen weiterer Kartierungsfamilien ergab einen Hinweis auf die Lokalisation weiterer dominanter Resistenzgene aus *H. bulbosum* auf den Chromosomen 2H und 5H.

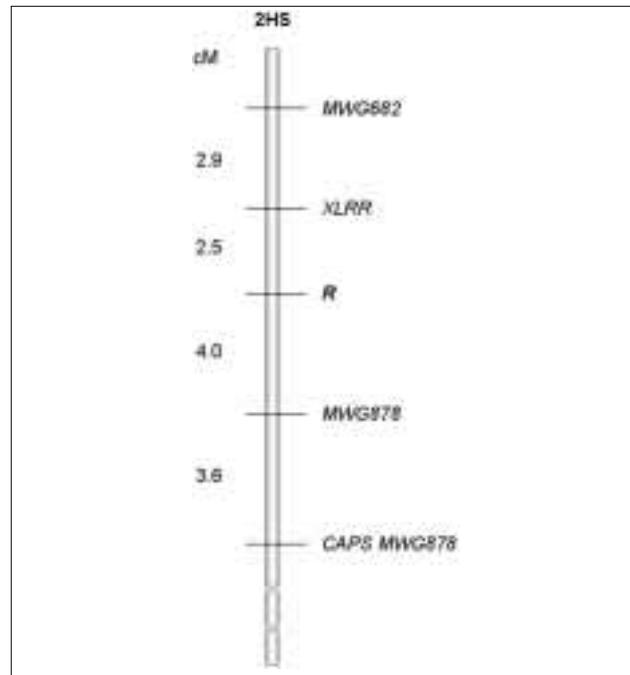


Abb. 1: Kartierung eines dominanten *H.-bulbosum*-Resistenzgens in der Kartierungsfamilie 3026

Fig. 1: Mapping of a dominantly inherited resistance gene in the mapping population 3026

### Abstract:

Besides resistance against the soil-borne viruses, resistances to leaf rust and powdery mildew are also of importance for plant breeding. Analysis of different mapping populations with molecular markers revealed the existence of one gene for powdery mildew resistance on chromosome 2HS. In addition, a gene which confers resistance to both leaf rust and powdery mildew was detected on 2HS. Resistance tests with different powdery mildew strains demonstrate that the two 2HS resistance genes are distinct concerning their resistance reaction. *H. bulbosum* introgressions on chromosome 2HL confer resistances against powdery mildew as well as leaf rust and they will be also analysed with different isolates of the pathogens.

In Zusammenarbeit mit: Crop & Food Research, Neuseeland, Pickering, R.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G., Walther, U.; BBA, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Klein Machnow, Flath, K.  
(BAZ-3134)

**2.4. Optimierung und Anwendung von Züchtungsmethoden für die Einführung neuer Resistenzgene gegen Gelbmosaikviren in die Kulturgerste**  
**Development of breeding methods for the introgression of novel resistance genes toward the yellow mosaic virus complex**

Ruge, B.; Linz, A.; Wehling, P.

**Zielsetzung/Aim:**

Ziel des Projekts ist die Entwicklung effizienter molekularer Marker zur Identifizierung neuer Virusresistenzgene aus *H. bulbosum*, sowie deren Einsatz in markergestützten Rückkreuzungsprogrammen.

The project aims at the development of efficient marker systems for the identification of novel virus resistance genes from *H. bulbosum*.

**Ergebnisse:**

Der genetischen Analyse und chromosomalen Lokalisation neuer Resistenzgene folgt die Entwicklung informativer Marker, die in Rückkreuzungsprogrammen nach Möglichkeit diagnostisch für das eingeführte Resistenzgen sein und somit die Selektion auf das Merkmal Resistenz effizient gestalten sollen. Eine Möglichkeit besteht in der Amplifikation derjenigen kodierenden Bereiche des pflanzlichen Genoms, die spezifisch für resistente Genotypen sind. Unter Einsatz einer geeigneten Primerkombination konnte aus cDNA virusresistenter Genotypen ein differenziell exprimiertes Amplifikat identifiziert werden, welches im anfälligen Genotypenbulk nicht amplifiziert wurde (Abb. 1a). Nach Klonierung des Fragments und Southern-Analyse in der Kartierungsfamilie 4006 (s. BAZ-3115) konnte unter 189 Individuen einer Kartierungspopulation keine Rekombination zwischen dem dif-

ferenziell exprimierten Fragment und dem auf dem kurzen Arm von Chromosom 6H lokalisierten Resistenzgen nachgewiesen werden (Abb. 1b). Der hierdurch identifizierte Resistenzmarker erhielt die Bezeichnung *Xiac500* (iac= Institute of Agricultural Crops).

Auf Grund der Kosegregation von *Xiac500* mit der Virusresistenz wurde das 250 bp große cDNA-AFLP-Fragment sequenziert. Die von der Sequenz abgeleiteten PCR-Primer erlauben eine PCR-gestützte Erfassung von *Xiac500* als kodominanten STS-Marker (Abb. 1c). Dieser diagnostische Marker wird z.Z. in Rückkreuzungsprogrammen eingesetzt, die eine Einlagerung der Virusresistenz aus *H. bulbosum* in aktuelles Wintergersten-Zuchtmaterial zum Ziel haben.

**Abstract:**

One of the novel virus resistance genes introduced from *H. bulbosum* was mapped on chromosome 6HS using barley anchor markers as well as *in situ* hybridisations (GISH, by R. Pickering). For marker-assisted backcross programmes closely linked markers are required. The anchor markers, however, are not well-suited for large-scale selection programmes. By using the cDNA-AFLP technique a differentially expressed transcript (250 bp) was amplified only in the bulks of resistant genotypes (Fig. 1a). Genomic Southern hybridisation in an F5 mapping population revealed cosegregation of the fragment and the resistance (Fig. 1b). The resulting RFLP marker was designated *Xiac500* and was converted into a PCR-based STS marker with codominant inheritance (Fig. 1c).

In Zusammenarbeit mit: Saatzeitgesellschaft Streng's Erben GmbH&Co. KG, Greif, P.; BAZ, Inst. f. Epidemiologie u. Resistenz, Aschersleben, Proeseler, G.; IGS Biotech GmbH, Westphal, L. (BAZ-3139)

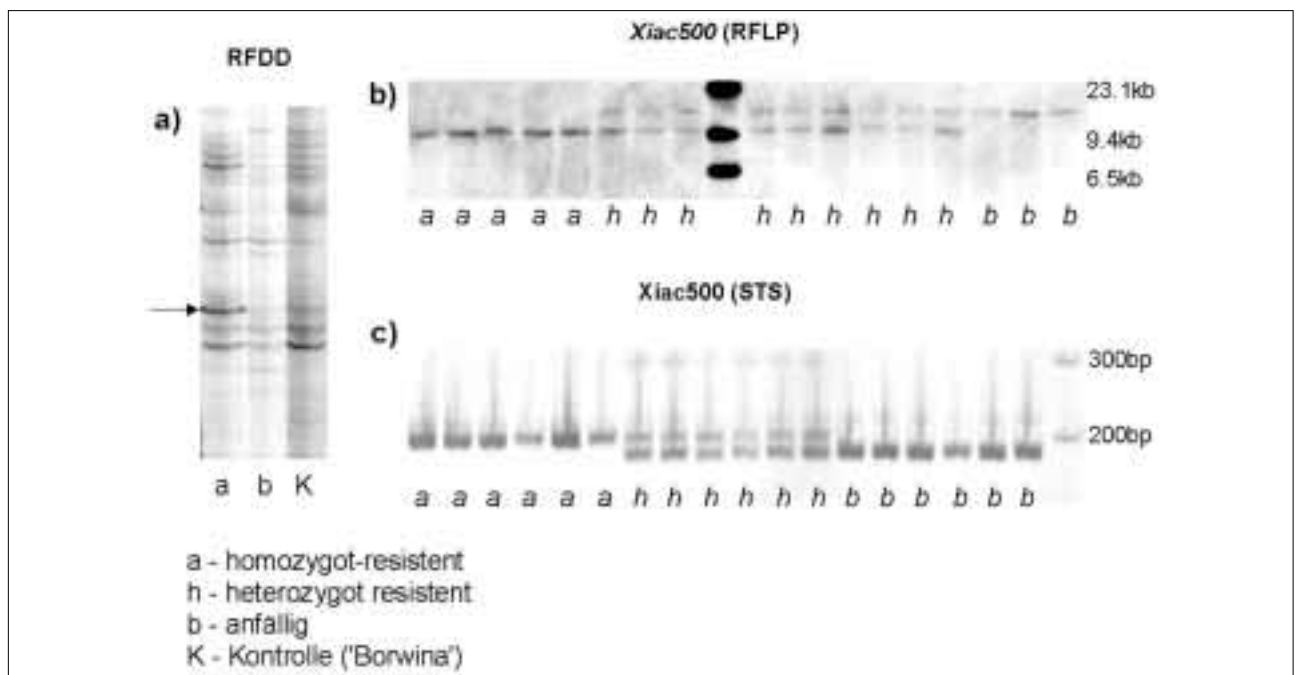


Abb. 1: a) Restriktionsfragment-Differential-Display (RFDD), b) RFLP *Xiac500*, c) STS-Marker *Xiac500*  
 Fig. 1: a) Restriction Fragment Differential Display (RFDD), b) RFLP *Xiac500*, c) STS marker *Xiac500*



### 3. Biotechnologie Biotechnology

#### 3.1. Erzeugung von homozygotem Ausgangsmaterial zur Selektion von Kreuzungseltern für die Qualitätszüchtung bei Winterraps

##### Production of homozygous basic material for selection of crossing partners for breeding of winter rapeseed with high quality

Sonntag, K.; Rudloff, E.

##### Zielsetzung/Aim:

Die Arbeiten in diesem Projekt verfolgen das Ziel, für die Züchtung wertvolles Basismaterial bei Winterraps unter Nutzung der Haploidentechnik und durch Selektion im Freiland zu entwickeln.

The aim of this project is to develop basic materials of winter rapeseed for the breeding with high quality by use of haploid techniques and selection in the field.

##### Ergebnisse:

Weitere Prüfungen zur Auslösung der Mutagenese durch UV-Bestrahlung von Mikrosporen erfolgten an sechs myristinsäurereichen transgenen Linien der Sorte 'Drakkar'. Ziel der künstlichen Mutagenese ist es, Mutanten mit veränderter Fettsäurezusammensetzung zu erzeugen. Von besonderer Bedeutung für die industrielle Nutzung des Öls der genannten Transgenen ist die Erhöhung des Myristinsäuregehaltes (C14:0) zu Lasten des Palmitinsäuregehaltes (C16:0). Auf der Basis der im Vorjahr erzielten Ergebnisse wurde die UV-Bestrahlung mit einer Dosis von 0.005, 0.02 und 0.03 J/cm<sup>2</sup> an frisch isolierten Mikrosporen durchgeführt. Für vier der getesteten Linien konnte bei einer Dosis von 0.005 J/cm<sup>2</sup> eine Embryo- und Sproßinduktion nachgewiesen werden. Höhere Bestrahlungsdosen führten zu keiner Regeneratbildung. Es wurden nur Teilungen in frühen Entwicklungsstadien beobachtet.

Generell kann aus den bisherigen Experimenten geschlossen werden, dass eine Regeneration aus Mikrosporen bei Raps nur mit einer UV-Behandlung von 0.005 J/cm<sup>2</sup> realisiert werden kann.

Von den ins Gewächshaus überführten Pflanzen waren 32 % spontan aufgedoppelt; die verbleibenden Pflanzen wurden mit Hilfe der Kolchizin-Tauchmethode diploidisiert. Die Fettsäureanalyse an diesem Material ist noch nicht abgeschlossen.

Von den im Jahr 2000 einzelpflanzenweise geprüften Linien wurden drei Pflanzen ausgewählt, die sich durch einen hohen Summengehalt von C14:0+C16:0 bei engem Verhältnis von C14:0/C16:0 auszeichneten. In 2001 wurden Selbstungsnachkommenschaften dieser Pflanzen im Feld geprüft. Der an den Eltern gemessene Myristinsäuregehalt wurde von den Nachkommen in keinem Fall erreicht, und im Palmitinsäuregehalt erreichten 5, 1 bzw. 3 Pflanzen das Elternniveau. Der Quotient C14:0/C16:0 schwankte in allen drei Nachkommenschaften beträchtlich (Tabelle 1). Bemerkenswert ist, dass in der Nachkommenschaft TDH MUT 5/4 für 13 von 19 Pflanzen der Quotient gleich oder größer ist als bei der Elternpflanze. Sichere Hinweise darauf, dass die genannten Veränderungen auf Mutationen zurückgehen, liegen nicht vor. Die Selektion wird fortgeführt.

##### Abstract:

Microspore culture was continued for mutagenesis of transgenic oilseed rape by ultraviolet light. Regeneration of plants was obtained only with an UV irradiation dose of 0.005 J/cm<sup>2</sup>. The fatty acid composition of different genotypes of doubled haploid lines developed by this treatment displayed small changes but there is no clear evidence of their mutagenic nature.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität, Jürgens, H.-U. (BAZ-3127)

Tab.1: Gehalt (%) von Myristin- und Palmitinsäure und deren Quotient in ausgewählten Elternpflanzen und deren Nachkommen

Table 1: Contents (%) of myristic acid and palmitic acid and their ratio in selected plants and their offspring

Versuchs-Nr.	Elternpflanze 2000			Nachkommen 2001			
	C14:0	C16:0	C14:0/C16:0	Anz. Pfl.	C14:0	C16:0	C14:0/C16:0 von-bis
TDH MUT 4/4	19.1	20.4	0.93	20	14.9	19.2	0.50-0.95
TDH MUT 5/4	19.1	21.1	0.90	19	17.0	19.0	0.69-0.96
TDH MUT 6/3	19.6	21.0	0.93	17	15.9	19.4	0.59-0.99

#### 3.2. Somatische Hybridisierung ausgewählter Brassicaceae zur Bereitstellung von wertvollem Basismaterial mit verbesserten Eigenschaften

##### Somatic hybridization of selected Brassicaceae for development of new basic material with improved traits

Sonntag, K.; Groeneveld, I.; Rudloff, E.; Gramenz, J.; Wang, Y.

##### Zielsetzung/Aim:

Die Aufgabe besteht in der Entwicklung von wertvollem Basismaterial bei *Brassica* mit verbesserten Eigenschaften für die Erzeugung industriell nutzbarer Öle. Dabei steht insbesondere die Erhöhung des Erucasäuregehaltes im Vordergrund. Die Merkmalskombination erfolgt durch die somatische Zellhybridisierung von *Brassica napus* mit Protoplasten verschiedener Brassicaceae.

The development of basic material of *Brassica* with

improved traits for the production of industrial oils as renewable resources will be continued. The main objective in this project is the creation of materials with increased erucic acid. The combination of the traits will be done by somatic cell hybridization of *Brassica napus* with protoplasts from various Brassicaceae.

#### Ergebnisse:

Die Einbeziehung weiterer Fusionspartner wie *Brassica carinata*, *Lesquerella lindheimeri*, *Erucastrum gallicum* und *Moricandia arvensis* sowie *M. longirostris* führte nach Elektrofusion und PEG-vermittelter Protoplastenfusion zu einer stark variierenden Sproßregeneration (0-60 %) und insgesamt zu nur sehr wenigen Hybridpflanzen.

Zur Selektion erucasäurereicher Formen aus den vorhandenen Hybriden von *B. napus* mit *Sinapis alba*, *B. juncea* und *Raphanus sativus* wurde weiteres Pflanzenmaterial erstmals im Freiland sowohl über Selbstungen als auch über Rückkreuzungen erzeugt. Von einigen Kombinationen liegen umfangreiche Nachkommen bereits in der 4. Generation vor. Bei verschiedenen Pflanzen trat sehr deutlich der intermediäre Charakter bei morphologischen Merkmalen hervor (Abb. 1).



Abb. 1: Unterschiedlich geformte Blätter bei den Nachkommen somatischer Hybriden. Blätter von *B. napus* cv. 'Lisandra' (A) und jeweils drei Blätter von zwei F<sub>3</sub>-Nachkommen einer somatischen Hybride der Kombination *B. napus* cv. 'Lisandra' (+) *B. juncea* Linie CR 96/86 (B, C).

Fig. 1: Different leaf shapes in the progeny of somatic hybrids. Leaves of *B. napus* cv. 'Lisandra' (A) and three leaves of two F<sub>3</sub> plants, respectively, of a somatic hybrid from the combination *B. napus* cv. 'Lisandra' (+) *B. juncea* CR 96/86 (B, C).

Aufschluss über den Fettsäuregehalt der Hybriden und deren Nachkommen wurde durch gaschromatografische Untersuchungen an 10-Korn-Mischproben und Halbkörnern erreicht. Die Nachkommen der Hybriden aus *B. napus* (+) *B. juncea* bestätigten den im Vorjahr (Sonntag et al., 2000) beobachteten Einfluß des *B. juncea*-Typs auf den Erucasäuregehalt (Abb. 2). Rückkreuzung mit erucasäurereichem *B. napus* ergab Nachkommen mit bis zu 62.7 % Erucasäure.

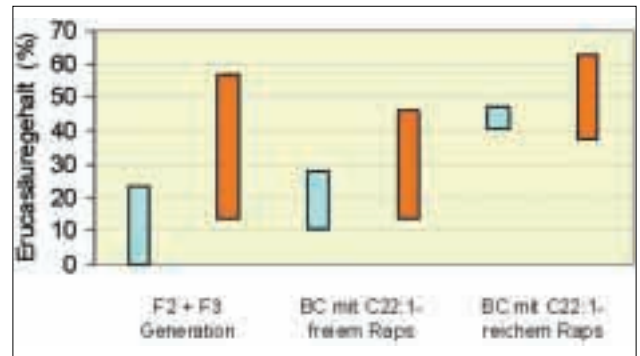


Abb. 2: Somatische Hybriden aus *B. napus* (+) *B. juncea*: Spannweite des Erucasäuregehaltes in Abhängigkeit vom *B. juncea*-Typ (E-Typ (blau): europäischer Typ, mittlerer Erucasäuregehalt; A-Typ (rot): asiatischer Typ, hoher Erucasäuregehalt) und vom Rückkreuzungselter

Fig. 2: Somatic hybrids from *B. napus* (+) *B. juncea*: range of the erucic acid content in relation to the *B. juncea* type (E-type (blue): European type, moderate erucic acid content; A-type (red): Asian type, high erucic acid content) and the erucic acid content of the backcross parent

Die Fusion von *B. napus* mit *S. alba* ergab Hybriden, die sich in der Antherenbeschaffenheit unterscheiden. Während die Kombination des erucasäurefreien Rapselsters cv. 'Lisandra' (A5) mit dem erucasäurereichen *Sinapis*-Elter cv. 'Mustang' (I4) männlich-steril ist und durch Rückkreuzung mit *B. napus* vermehrt wurde, gibt die Kombination mit der Linie 11506 (A6) (+) cv. 'Litember' (I6, erucasäurereich (+) erucasäurereich) männlich-fertile Hybriden, die Selbstungsansatz zeigen. Die männlich-sterile Hybride wurde sowohl mit einem erucasäurefreien als auch mit zwei erucasäurereichen Rapslinien rückgekreuzt. Während der Erucasäuregehalt im ersten Fall bei 16.5 % liegt, ist er im zweiten Fall mit 44.3 % bzw. 41.6 % deutlich höher. Die Spannweite ist erwartungsgemäß hoch (10.6 %-28.0 % bzw. 22.1 %-59.1 %). Der mittlere Erucasäuregehalt der Hybriden aus den beiden erucasäurereichen Eltern A6 und I6 liegt in der F<sub>2</sub> und in der BC<sub>1</sub> mit 60.1 % bis 61.2 % deutlich höher und die Spannweite ist erwartungsgemäß gering (54.7 % bzw. 58.2-63.3 %). Damit wird der Erucasäuregehalt des Rapselsters (etwa 52 %) deutlich übertroffen.

Ebenfalls männlich-steril waren Hybriden aus *B. napus* (+) *R. sativus*. An drei F<sub>2</sub>-Körnern wurde eine Verschiebung im Verhältnis von einfach zu mehrfach ungesättigten Fettsäuren (Sonntag et al., 2000) beobachtet. Die daraus entwickelten Pflanzen waren jedoch stark männlich-steril und konnten nur über eine Rückkreuzung mit Raps erhalten werden. Eine Verschiebung im Verhältnis der Fettsäuren konnte nicht nachgewiesen werden. Vermutlich hat die Kreuzung mit Raps dazu geführt, dass das Fettsäurespektrum der Hybride sich in Richtung Raps verschoben hat und das Verhältnis der einfach zu den mehrfach ungesättigten Fettsäuren rapstypisch bei 2.6:1 liegt.

Aus der asymmetrischen Hybridisierung von *B. napus* und *Crambe abyssinica* gingen 20 durch AFLP-Analyse verifi-

zierte Hybriden hervor, die im Gewächshaus durch Selbstung bzw. in einigen Fällen zusätzlich durch Kreuzung mit dem entsprechenden Rapselter weitergeführt wurden. Von den insgesamt analysierten 26 Nachkommenschaften erreichen bzw. übertreffen 14 den besseren Rapselter (52.8 % Erucasäure). Die Krambe-Eltern (57.2 % Erucasäure) werden von 2 Hybriden übertroffen (58.0 % bzw. 57.8 % Erucasäure).

Aus allen Hybriden sind mit Hilfe der Halbkornanalyse erucasäurereiche Individuen selektiert worden.

#### Abstract:

The fatty acid composition in the offspring ( $F_2$ ,  $F_3$ ,  $BC_1$ ) of different hybrids of *B. napus* with *B. juncea*, *Sinapis alba*, *Raphanus sativus* and *Crambe abyssinica* was examined to select lines displaying high levels of erucic acid (C22:1). Fatty-acid analyses were conducted by gas chromatography with the half-seed technique. For all species combinations we were able to select individuals displaying very high levels of erucic acid. The maximum C22:1 value found in hybrids with *B. juncea* was 62.7 %, in hybrids with *S. alba* 63.3 % and in hybrids with *C. abyssinica* 57.8 %.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Hackauf, B.; BAZ, Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität, Groß Lüsewitz, Jürgens, H.-U.; BAZ, Institut für Qualitätsanalytik, Schütze, W.; BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, Schrader, O.

(BAZ-3132, gefördert durch FNR-96NR115F)

### 3.3. Erzeugung von Kartoffelgenotypen mit kombinierter Virus- und *Phytophthora*-Resistenz unter Einsatz biotechnologischer Verfahren

#### Production of potato genotypes with combined resistances to virus and *Phytophthora* by use of biotechnological methods

Thieme, R.

#### Zielsetzung/Aim:

Durch Einführung von Resistenzgenen aus überwiegend nicht kreuzbaren Wildkartoffelformen in das Genom der Kulturkartoffel sollen mit Hilfe der somatischen Hybridisierung wertvolle Krankheitsresistenzen mit agronomischen Eigenschaften kombiniert werden. Das Ziel besteht darin, Genotypen mit kombinierten Resistenzen, wie Virus-, *Phytophthora*-, *Erwinia*-Resistenz u.a. unter Nutzung konventioneller sowie biotechnologischer Methoden zu erzeugen und die Resistenzvererbung aufzuklären.

The goal of this project is to create genotypes with combined resistances by using conventional and biotechnological methods as well as to study the inheritance of resistances.

#### Ergebnisse:

Durch Elektrofusion von Protoplasten verschiedener Wildkartoffelarten (*S. etuberosum*, *S. tarnii*, *S. berthaultii*, *S.*

*cardiophyllum*, *S. bulbocastanum* u.a.) mit relevanten Zuchtklonen und aktuellen Kartoffelsorten wurden somatische Hybriden erzeugt, aus denen durch Kreuzungen mit Kultursorten Nachkommenschaften hervorgingen. Zur Selektion der Hybriden und zur Charakterisierung von Nachkommen wurden molekulare Marker eingesetzt (Abb. 1). Die mit Mikrosatellitenprimern erzeugten DNA-Profile konnten darüber hinaus auch für die Identitätsüberprüfung von langzeitgelagerten Kartoffelsorten aus unterschiedlichen Genbanken erfolgreich angewandt werden. Untersuchungen zur Merkmalstestung von somatischen Hybriden und deren Nachkommen, insbesondere im Hinblick auf Virus- und *Phytophthora*-Resistenz, wurden kontinuierlich fortgeführt. Die Krautfäuleresistenzprüfung wurde anhand des Einzelblatt-Tests und im Infektionsfeld in Groß Lüsewitz vorgenommen. Bei 150 interspezifischen somatischen Hybriden aus sechs Fusionskombinationen wurden durchschnittlich 30% der Hybriden mit Boniturnoten 7-9 analog dem resistenten Wildelter nach dem Einzelblatt-Test ermittelt. Die im Vorjahr beobachtete Krautfäuleresistenz der Hybriden in Kombinationen mit *S. berthaultii* hat sich im Infektionsfeld nicht bestätigt.

Zur PVY-Resistenztestung kamen die mechanische Virusinokulation an In-Vitro- und Gewächshauspflanzen sowie Pflanzungsexperimente zum Einsatz. Aus diesen Untersuchungen konnten sowohl somatische Hybriden als auch einige Rückkreuzungsnachkommen mit hoher Virusresistenz selektiert werden (Tab. 1).

Pflanzen der Wildart *S. etuberosum* wurden im Gewächshaus angezogen und geselbstet. Über Embryo- und Samenkultur erfolgte die In-Vitro-Anzucht von 155 F1-Nachkommen aus fünf Beeren, welche einer Testung auf PVY-Befall nach künstlicher Infektion unterzogen werden, um Rückschlüsse auf die Resistenzmechanismus ziehen und molekulare Marker einsetzen zu können.

#### Abstract:

Somatic hybrids were produced by protoplast electrofusion between wild potato species (*S. etuberosum*, *S. tarnii*, *S. berthaultii*, *S. cardiophyllum*, *S. bulbocastanum*) and relevant potato breeding clones or cultivars. Backcross progeny clones were obtained by crossing with cultivars. Molecular markers were used to characterise the genotypes (Fig. 1).

In order to assess the *Phytophthora* and virus resistance of the material tests have been carried out continuously by using the single-leaf test, by mechanical virus inoculation and grafting experiments, respectively. Several somatic hybrids as well as a number of progeny clones were found to have a high resistance to PVY (Table 1).

None of the hybrids from combinations with *S. berthaultii* which appeared to be resistant to late blight on leaves in the year 2000 showed resistance under field conditions. Of 100 novel interspecific somatic hybrids from six fusion combinations 14-50 % displayed late blight resistance scores of 7-9 similar to the resistant wild parent.

After selfing of *S. etuberosum* 155 seedlings of the F1 progeny were cultivated in order to analyse the genetic basis of the PVY resistance and to use molecular markers.

Tab.1: PVY-Übertragung (% infizierter Pflanzen) bei Hybriden aus der Fusion *S. etuberosum* (+) *S. tuberosum* (SH) und bei Rückkreuzungsnachkommen (BC<sub>1</sub>) nach mechanischer Virusinokulation unter In-Vitro-, Gewächshaus-, Feld- und Pfropfungsbedingungen (n = 10-40 Pflanzen)

Table 1: PVY transmission (% of infected plants) in hybrids from *S. etuberosum* (+) *S. tuberosum* (SH) and BC<sub>1</sub> progenies (BC<sub>1</sub>) after mechanical inoculation under in vitro, greenhouse, field and grafting conditions (n= 10-40 plants)

Genotyp (Herkunft)	Genom	PVY Übertragung (%)			
		In vitro	Gewächshaus	Feld	Pfropfung
<i>Solanum etuberosum</i>	EE	0	0	0	0
<i>S. tuberosum</i> T67	AA	97	87	50	100
SH 10/1/4/1	AAEE	7	0	-	17
SH 5/1/6/1	AAEE	33	10	-	-
SH 31/1/2/1	AAEE	40	10	0	0
SH 10/1/1/1	AAEE	0	0	2	0
SH 29/2/1/1	AAEE	0	0	0	0
SH 26/2/3/1	AAEE	0	3	0	11
SH 8/1/2/1	AAEEEEE	0	0	-	0
SH 27/2/14/1	AAEEEEE	0	0	-	0
SH 6/1/2/1	AAEEEEE	0	0	-	0
SH 27/2/12/1	AAAEE	70	24	33	-
BC <sub>1</sub> 64/2 (27/2/14/1)	AAAEE	17	63	-	-
BC <sub>1</sub> 64/3 (27/2/14/1)	AAAEE	23	90	-	-
BC <sub>1</sub> 64/4 (27/2/14/1)	AAAEE	43	73	-	-
BC <sub>1</sub> 64/5 (27/2/14/1)	AAAEE	23	40	-	-
BC <sub>1</sub> 64/6 (27/2/14/1)	AAAEE	0	0	-	0
BC <sub>1</sub> 64/7 (27/2/14/1)	AAAEE	30	47	-	-
BC <sub>1</sub> 64/9 (27/2/14/1)	AAAEE	13	47	-	-
BC <sub>1</sub> 61/1 (6/1/2/1)	AAAEE	0	0	0	0

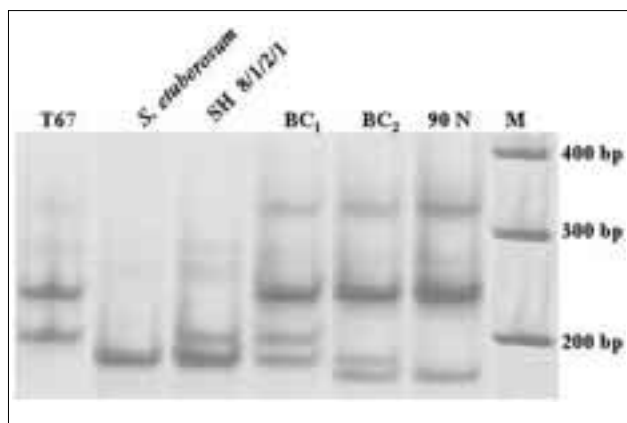


Abb. 1: Analyse der somatischen Hybride 8/1/2/1 aus der Kombination *S. etuberosum* (+) *S. tuberosum* (T67) und deren durch Kreuzung mit einem Kartoffelstamm (90N) erzeugten Nachkommen (BC<sub>1</sub>, BC<sub>2</sub>) mit dem *def4*-assoziierten (AT)<sub>n</sub>-Mikrosatellitenmarker.

Fig. 1: Analysis of the somatic hybrid 8/1/2/1 from the combination *S. etuberosum* (+) *S. tuberosum* (T67) and progenies (BC<sub>1</sub>, BC<sub>2</sub>) which were produced by crossing with breeding clone (90N). Fragment analysis of the *def4*-associated (AT)<sub>n</sub> SSR marker is demonstrated.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Darsow, U.; BBA, Inst. f. Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland; Heimbach, U.; BTL Bio-Test Labor Sagerheide, Thieme, T.; Vavilov-Institut, St. Petersburg, Rußland, Gavrilenko, T.; Antonova, O. (BAZ-3128)

# Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität

## Institute for Stress Physiology and Quality of Raw Materials

Groß Lüsewitz

Das Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität hat die Aufgabe, Züchtungsmethoden zu entwickeln, die es gestatten, die Toleranz gegen abiotischen Stress, darunter auch anthropogene Stressfaktoren, die Nährstoffeffizienz und die biologische Rohstoffqualität landwirtschaftlich genutzter Kulturpflanzen zu erfassen.

Die Arbeiten konzentrieren sich auf Stärkepflanzen (Getreide, Kartoffeln, Leguminosen) und Ölsaaten (Raps).

Aus den vorhandenen genetischen Ressourcen sollen in ausgewählten Entwicklungsstadien der Pflanzen unter verschiedenen Umweltbedingungen Formen mit Verbesserungen in den erwähnten Eigenschaften sowohl für konventionellen als auch ökologischen Landbau selektiert werden. Das Institut liefert die wissenschaftliche Basis für politische und administrative Entscheidungen des Ministeriums (BMVEL) und fördert die Landwirtschaftspolitik in Bezug auf ökologischen Landbau und nachhaltige Landwirtschaft auf dem Gebiet der Stresstoleranz und Qualität landwirtschaftlicher Nutzpflanzen.

### **Abiotische Stresstoleranz**

Abiotischer Stress ist die Wirkung von einzelnen oder kombinierten Umweltfaktoren (Frost, Kälte, Hitze, Trockenheit u. a.) auf den Metabolismus der Pflanze, die eine ungewöhnliche Belastung für den Organismus darstellt.

Toleranz gegenüber abiotischem Stress bedeutet, dass Pflanzen in der Lage sind, die Stresssituation unter weitgehender Beibehaltung ihrer Leistungsfähigkeit zu ertragen.

### **Biologische Rohstoffqualität**

Die Qualität umfasst die Zusammensetzung, Eigenschaften und Struktur von biologischen Materialien unter dem Aspekt der industriellen Verwertung und der Nahrungs- und Futterproduktion. Bedeutende Kriterien für Forschungsarbeiten auf diesem Gebiet sind die Erhöhung des Gehaltes funktionseller Inhaltsstoffe und die effektivere Gewinnung reiner Inhaltsstoffe.

### **Hauptaufgaben des Instituts**

- Charakterisierung und Minderung der Wirkung abiotischer Stressfaktoren auf Qualität und Ertrag landwirtschaftlicher Nutzpflanzen mit dem Ziel einer wirtschaftlichen und gleichzeitig umweltschonenden Landwirtschaft
  - auch im Hinblick auf Klimaveränderungen - unter Berücksichtigung der Nährstoffeffizienz und der Akkumulation exogener und endogener antinutritiver Substanzen
- Minderung von pre-harvest- und post-harvest-Auswuchs-Schäden bei Getreide
  - über die Aktivität der Amylasen, der proteinogenen Enzyminhibitoren sowie den enzymatischen Abbau der Kornpolymeren unter Berücksichtigung des Pilzbefalls und der Mykotoxinbildung in den Ähren
- Isolierung und Charakterisierung von Inhaltsstoffen landwirtschaftlicher Nutzpflanzen als Grundlage einer Selektion auf spezifische Qualitätsparameter mit dem Ziel der Förderung einer wettbewerbsfähigen und multifunktionalen Landwirtschaft
  - unter besonderer Berücksichtigung präventiv, heilend und antinutritiv wirkender Substanzen für die Produktion von hochwertigen Nahrungs- und Futtermitteln sowie der Spezifik nachwachsender Rohstoffe
- Proteomanalyse zur Untersuchung von veränderten Stoffwechselabläufen transgener Pflanzen und deren Auswirkung auf Resistenz, Qualität und Ertrag auch im Hinblick auf die Sicherheit der Gentechnik

## **Schwerpunkte der methodischen Arbeiten**

- Identifizierung von neuen physiologischen Selektionskriterien für die Umweltstabilität von Ertrag und Qualität
- Analyse der genetischen Determinierung der abiotischen Stresstoleranzen
- Entwicklung biochemischer und molekularer Marker zur Selektion auf abiotische Stresstoleranz
- Optimierung der Analytik von Stressmarkern mit klassischen, automatisierten Methoden
- Verbesserung der abiotischen Stresstoleranz auf der Grundlage von Zell- und Gewebekulturen
- Untersuchungen zum Einfluss von Trockenstress auf die Nährstoffaufnahme und -effizienz
- Entwicklung von klassischen, biochemischen und biotechnologischen Methoden zur Analyse von Stärken, Lipiden und Zellwänden
- Isolierung und Charakterisierung von Stärken heimischer Nutzpflanzen
- Entwicklung und Adaption zerstörungsfreier Schnellmethoden zur Analyse von Inhaltsstoffen, Farbe, Struktur und Image
- Untersuchung der Variation der Amylase-Aktivitäten in Getreide in Hinblick auf Auswuchsresistenz und der Malzeigenschaften
- Entwicklung und Anwendung biotechnologischer Methoden zur Veränderung von Zellwandstrukturen
- Verbesserung von Resistenzeigenschaften pflanzlicher Gewebe mit Hilfe molekularer Techniken
- Erschließung neuer Resistenzquellen auf der Grundlage von Proteomanalysen

The Institute for Stress Physiology and Quality of Raw Material elaborates breeding methods to evaluate tolerance to abiotic stress factors including anthropogenetic stress factors, nutrient efficiency, and quality of biological raw materials in agricultural plants. The main crops investigated are starch plants (cereals, potatoes, legumes), and oil seeds (rape). In these crops, the evaluation of genetic resources and the development of indicator assortments and basic material play an important role. Plant types with improvements in features mentioned above are selected as base for breeding of varieties for conventional as well as ecological agriculture. The institute produces the scientific basis to aid political and administrative decisions by the BMVEL and promotes the agricultural policy for ecologically compatible farming and sustainable agriculture in the fields of abiotic stress tolerance and quality of agricultural plants.

### **Abiotic stress tolerance**

Abiotic stress is defined as effect of single or combined environmental factors (frost, chilling, heat, drought and others) on the metabolism of plants which leads to an unusual strain on the organism. Tolerance to abiotic stress means the ability of plants to endure the stress situation without marked drop in performance and productivity.

### **Quality of biological raw materials**

The quality investigation encloses the composition, properties, and structure of biological raw materials with regard to industrial processing and food and feed production. Important criteria for research are the increase of the content of functional components and the isolation of pure compounds with a higher effectiveness.

### **Main task of the Institute**

- Characterization and reduction of effects of abiotic stress factors on quality and yield of agricultural plants under the aspect of an economic and environmentally aware agriculture also in view of climate changes - considering the nutrient efficiency and accumulation of exogenous and endogenous antinutritive substances
- Reduction of pre-harvest and post-harvest sprouting damages of cereals by means of activity of amylases, and of proteinaceous inhibitors as well enzymatic degradation of grain polymers

- Isolation and characterization of contents of agricultural plants in order to select specific quality parameters with the aim to support a competitive and multifunctional agriculture in special view of substances having a preventive, health-promoting and antinutritive effect, to produce high-quality food, feed as well as renewable resources
- Proteome analyses to investigate different metabolic processes of transgenic plants and their effects on resistance, quality and yield with respect to the safety of genetic engineering

### Main fields of methodical investigation

- Identification of new physiological selection criteria for the environmental stability of yield and quality
- Analysis of genetic determination of abiotic stress tolerances
- Development of biochemical and molecular markers for the selection for stress tolerance
- Completion of analytical systems for the determination of classical stress markers with automated methods
- Improvement of abiotic stress tolerance by means of cell and tissue cultures
- Investigations into the influence of drought on nutrient acquisition and efficiency
- Development of classical, biochemical and biotechnological methods for analysis of starches, lipids, and cell walls
- Starch isolation and characterization of native arable crops
- Development and adaptation of nondestructive methods for plant to analyse contents, colour, structure, and image of seeds and tubers
- Investigation of amylase activities in cereals with regard to sprouting resistance and malting properties
- Development of biotechnological methods in order to alter cell wall structures
- Enhancement of the resistance properties of plant tissue by means of molecular techniques
- Discovery of new sources of resistance based on proteom analyses

## 1. Stressphysiologie / Biologische Rohstoffqualität Stress Physiology / Quality of Raw Materials

### 1.1. Frostresistenz und Winterhärte *in vitro* selektierter Wintergerstenlinien Frost resistance and winter hardiness of winter barley lines selected *in vitro* Balko, C.

#### Zielsetzung/Aim:

*In vitro* selektierte, hydroxyprolinresistente Linien der Wintergerstensorte 'Igri' mit erhöhter Frostresistenz im Leitfähigkeitstest sollten hinsichtlich der tatsächlichen Verbesserung der Winterhärte getestet werden. Dazu waren 2jährige Feldversuche an mehreren europäischen Standorten sowie Gefäßversuche unter kontrollierten Frostbedingungen vorgesehen. Durch Kreuzungen von selektierten Linien, die in ihrer Frostresistenz divergieren sowie einer toleranten Linie mit Sorten des Koch'schen Indikatorsortiments sollte die Erblichkeit der selektierten Merkmalsausprägung bestätigt werden.

*In vitro* selected, hydroxyproline-resistant winter barley lines of 'Igri', which show increased frost resistance in a conductivity test should be assessed regarding their actual improvement of winterhardiness. Field tests over 2 years on different European locations as well as pot trials under controlled frost conditions were planned. By crosses between selected lines differing in their frost resistance as well as a tolerant line with cultivars of Koch's test assortment heritability of selected traits should be confirmed.

#### Ergebnisse:

Feldversuche - einschließlich der zusätzlichen zum ursprünglich geplanten Umfang durchgeführten Versuche in Prenzlau, Lisky und an zwei Standorten in der Ukraine - führten auf Grund der ungewöhnlich milden Winter im Versuchszeitraum an allen Prüfstandorten noch nicht zu eindeutigen Ergebnissen bezüglich der verbesserten Winterhärte der Hydroxyprolin-selektierten Linien.

Die verbesserte Frostresistenz Hydroxyprolin-selektierter Linien konnte vor allem in Gefäßversuchen bestätigt werden. Die durchgeführten Gefäßversuche unter kontrollierten Bedingungen zeigten besser als die Feldversuche einen Überlebensvorteil der selektierten Linien 73c/86 und 142

gegenüber 'Igri', während die 73c/83 sich als eher sensitiv bestätigte. Bei einem weiteren Frosttest nach der Provokationsmethode im Freiland wirkten sich – analog zum Feldversuch – die milden Winter negativ auf die Differenzierung der Sorten und Linien aus. Während bei den beiden extremen Sorten des Indikatorsortiments in der Tendenz noch die erwarteten Unterschiede zu erkennen waren, ist es bei 'Igri' und den Linien vor allem die sensitive 73c/83, die auch eine schlechtere Überwinterung als die anderen Sorten/Linien aufwies.

Rückkreuzungen selektierter Linien bestätigen die Erbllichkeit des selektierten Merkmals. Transgression in der Nachkommenschaft der Kreuzung einer bereits frostresistenten Sorte mit einer selektierten frostresistenten Linie deutet auf eine mögliche Erweiterung der genetischen Basis der Frostresistenz hin.

Weiterhin wurde in den Feldversuchen deutlich, dass neben Unterschieden in der Frostresistenz auch in weiteren Merkmalen Abweichungen der Linien von 'Igri' wie auch untereinander auftraten. Solche Unterschiede, die mit hoher Wahrscheinlichkeit auf pleiotrope Genwirkungen zurückzuführen sind, konnten in der phänologischen Entwicklung, in der Wuchshöhe, im Ertrag sowie in ertragsbestimmenden Komponenten, beginnend mit der Anzahl ährentragender Halme, beobachtet werden.

Die getesteten Linien sowie Material aus den Kreuzungen können den Züchtungsunternehmen zur weiteren Bearbeitung zur Verfügung gestellt werden.

#### Abstract:

Field trials – including additional field trials in Prenzlau, Poland and in two locations in the Ukraine – did not result in a clear differentiation of hydroxyproline-selected lines regarding winter hardiness because of unusually mild winters in all locations during the project.

Thus, improved frost resistance of selected lines was confirmed most of all in the pot trials under controlled freezing conditions, where lines 73c/86 and 142 showed an advantage in surviving compared to 'Igri', whereas line 73c/83 was confirmed to be more sensitive to frost stress. Backcrossing of selected lines confirmed heritability of the selected trait. Transgression in the progeny of a crossing between a frostresistant cultivar and a selected frostresistant linepoint to a possible extension of genetic basis of frost resistance. In field trials, pleiotropic gene effects were observed regarding phenological development, growth height, yield and yield components.

In Zusammenarbeit mit: Universität Hamburg, Dörffling, K., Tantau, H.; Nordsaat Saatuchtgesellschaft mbH, Gudow-Segrähn, Laubach, E.; Research Institute of Crop Production, Prag, Tschechische Republik, Prasil, J.; Research Institute for Cereal and Industrial Crops, Fundulea, Rumänien, Pecu, E.; National Centre for PGR of Ukraine, Charkov, Ukraine, Ryabchoun, V.

(BAZ-3337; gefördert durch AiF - G 80b/98 AiF (11614 B/2))

## 1.2. Untersuchungen zur Chlorophyllfluoreszenz als indirektes Selektionskriterium für die Selektion auf Trockentoleranz bei Kartoffeln und Ackerbohnen.

### Investigations into chlorophyll fluorescence as indirect selection criterion for drought tolerance in potatoes and faba beans

Balko, C.

#### Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe der Chlorophyllfluoreszenz, die ein indirektes Maß für die Effektivität des Elektronentransportes im Photosyntheseapparat darstellt, ist es möglich, unter anderem Auswirkungen abiotischer Stressfaktoren auf die Pflanze komplex zu erfassen. Anhand von hinsichtlich ihrer Trockentoleranz definierten Idiotypen sollen Parameter der Chlorophyllfluoreszenz unter verschiedenen Einflussfaktoren erfasst und in Korrelation zum Ertrag unter Stress bzw. zur Ertragsstabilität gesetzt werden.

By means of chlorophyll fluorescence which is an indirect measure of efficiency of photosynthetic electron transport it is possible to assess the influence of abiotic stress factors. Basing on ideotypes characterized regarding their drought tolerance parameters of chlorophyll fluorescence will be determined with respect to different factors of influence and correlated to yield and yield stability under drought stress.

#### Ergebnisse:

Im Vergleich von Kartoffel und Ackerbohne zeigte sich ein unterschiedliches Verhalten der Blätter der jeweiligen Altersstufe in ihrer Reaktion auf Trockenstressbedingungen (Welke). Von den untersuchten Parametern der Chlorophyllfluoreszenz wies auf der Basis der jeweiligen Indikatorsortimente nur der effektive Quantenertrag  $F/F_m'$  bei beiden Kulturarten Unterschiede zwischen den Idiotypen in der Reaktion auf den Stressfaktor wie auch eine Korrelation dieser Reaktion zur Ertragsstabilität auf (Kartoffeln  $r = -0,807^*$ , Ackerbohnen  $r = 0,889^*$ ).

Bei Kartoffeln ergab sich darüber hinaus auf Grund der engen Korrelation zum Wasserverlust des Blattes ein Ansatz, Reaktionstypen (geringerer Wasserverlust, größere Änderungen in  $F/F_m'$  und umgekehrt) hinsichtlich der Reaktion auf Trockenstress zu differenzieren. Auch die photochemische Fluoreszenzlöschung  $q_p$  war tendenziell mit dem Trockensensitivitätsindex korreliert, bringt aber auf Grund der sehr engen Korrelation zu  $F/F_m'$  nur wenig zusätzlichen Informationsgewinn.

Bei Ackerbohnen zeigten auch die Dunkelfluoreszenz  $F_0$  sowie die nichtphotochemische Fluoreszenzlöschung  $q_n$  eine signifikante Korrelation zur Ertragsstabilität.

Die unterschiedlichen Vorzeichen der oben angeführten Korrelationskoeffizienten und der enge Zusammenhang zum Wasserverlust bei Kartoffeln - der bei Ackerbohnen nicht gefunden wurde - deuten darauf hin, dass der von uns in Feld- und Gefäßversuchen ermittelten Ertragsstabilität bei Kartoffeln und Ackerbohnen unterschiedliche Mechanismen zu Grunde liegen können.

Das dürfte auf Grund der unterschiedlichen Reaktion in einzelnen Parametern der Chlorophyllfluoreszenz auch für



die Regulierung des Photosyntheseapparates unter Trockenstress zutreffen.

Ein Messprotokoll zur Bestimmung der relevanten Chlorophyllfluoreszenzparameter unter simuliertem Trockenstress wurde erarbeitet.

Abstract:

Comparing potato and faba bean, leaves of the same age responded differently to drought stress (wilting). With regard to parameters of chlorophyll fluorescence investigated, only the effective quantum yield  $F/F_m'$  showed differences between ideotypes in response to the stress factor as well as a correlation of this response to yield stability in both crops.

In addition, in potatoes it was possible to differentiate reaction types (lower water loss, greater changes in  $F/F_m'$  and vice versa) regarding wilting response. Photochemical quenching  $q_p$  was also correlated to yield stability, but brought little additional gain of information because of its strong correlation to  $F/F_m'$ .

In faba beans, dark fluorescence  $F_0$  as well as nonphotochemical quenching  $q_n$  showed a significant correlation to yield stability.

Different directions of correlations mentioned above and the strong relation between water loss and yield stability in potato, which was not found in faba bean, indicate different mechanisms of yield stability as found in pot and field trials. Because of different response in parameters of chlorophyll fluorescence this could be also true for regulation of photosynthesis apparatus under drought stress in both crops.

In Zusammenarbeit mit: Universität Göttingen, Link, W. (BAZ-3330)

### **1.3. Untersuchung der Keimruhe und des Auswuchsverhaltens von Getreide mit und ohne Wasserstress (Provokation)**

#### **Investigation of seed dormancy and sprouting behaviour of cereals with and without water stress (provocation)**

Seddig, S.; Flamme, W.

Zielsetzung/Aim:

Keimruhe und Auswuchs in Getreide sind komplexe Mechanismen, deren Ablauf entscheidend durch die Spezies, den Idiotyp und die Umweltbedingungen bestimmt wird. In Roggen-, Gersten-, Triticale- und Weizensortimenten sollen die den Stärkeabbau katalysierenden Enzyme während der Kornreifung und -keimung erfaßt und ihre Änderungen unter Provokationsbedingungen analysiert werden. Mögliche Selektionskriterien werden auf ihre Korrelation zur Qualitätsstabilität geprüft.

Grain dormancy and pre-harvest sprouting in cereals are complex mechanisms which are determined decisively by the species, the ideotyp and the prevailing environmental conditions. In assortments of rye, barley, triticale and wheat the activity of the starch degrading enzymes and their changes under provocation conditions during corn ripening and

germination will be evaluated. Possible correlations of the selection criteria to the stability of quality will be proved.

Ergebnisse:

Wichtige Qualitätsmerkmale in Getreide sind die Aktivitäten der stärkeabbauenden Enzyme, die weitgehend die Eignung für unterschiedliche Verwendungszwecke, wie Mahlen, Backen, Mälzen und Brauen bestimmen. Sie sind Schlüsselenzyme während der Kornreifung und -keimung. In Arbeitssortimenten verschiedener Getreidearten wurden die Aktivitäten der  $\alpha$ - und  $\beta$ -Amylasen und der Limit-Dextrinase in unreifen, reifen und keimenden Karyopsen bestimmt. Dazu wurden neue Bestimmungsmethoden, die eine spezifische Einzelbestimmung dieser Enzyme erlauben, etabliert.

Während die Ceralpha-Methode durch die Verwendung von endgruppenblockiertem p-Nitrophenylmaltoheptaosid als Substrat die  $\alpha$ -Amylase erfasst, ist es mit der Betamyl-Methode durch die Verwendung von p-Nitrophenylmalto-pentaosid als Substrat möglich, die  $\beta$ -Amylase zu bestimmen. Der alternative Zusatz von Cystein erlaubt darüber hinaus die Differenzierung zwischen der gesamten und der löslichen  $\beta$ -Amylase. Die Bestimmung der Limit-Dextrinasekonzentration ist mit Hilfe der Limit Dextrizym-Methode möglich, bei der Azurin-Crosslinked-Pullulan als Substrat Verwendung findet. Für die Bestimmung der Enzymaktivitäten in unreifen Körnern wurden Proben ausgewählter Sorten und Stämme aus dem Feldbestand verwendet. Keimlinge unterschiedlichen Alters wurden durch Keimung von reifen Körnern in Feuchtekkammern bei 20 °C im Inkubator erhalten. Während die  $\alpha$ -Amylaseaktivität in den frühen Stadien der Kornfüllung relativ hoch ist und im Verlauf der Kornreifung abnimmt, steigt die  $\beta$ -Amylaseaktivität kontinuierlich an und erreicht zur Ernte ihren höchsten Wert. Die Aktivität der Limit-Dextrinase ist dagegen im untersuchten Zeitraum (20.-80. Tag nach der Anthese) konstant. In gesunden, auswuchsfreien, reifen Körnern können zur Ernte nur  $\beta$ -Amylase und Limit-Dextrinase nachgewiesen werden. Während der Keimung bildet sich  $\alpha$ -Amylase, deren Aktivität in den ersten Tagen drastisch steigt und in 4-5 Tage alten Keimlingen ihr Maximum erreicht. Die Limit-Dextrinase zeigt einen der  $\alpha$ -Amylaseaktivität identischen Verlauf. Die  $\beta$ -Amylaseaktivität bleibt relativ konstant (mit Ausnahme der Gerste) und nimmt erst in 4-5 Tage alten Keimlingen leicht ab.

Die Untersuchungen werden fortgeführt, um zu prüfen, ob der Verlauf der Enzymaktivitäten während der Kornreifung bzw. -keimung als Selektionskriterium für enzymatisch determinierte Qualitätsparameter dienen kann.

Abstract:

Important quality characteristics in cereals are the activities of starch degrading enzymes determining the suitability for various purposes like milling, baking, malting and brewing. These are the key enzymes during grain ripening and germination.

In assortments of different cereals the activities of  $\alpha$ - and  $\beta$ -amylase and of limit-dextrinase in ripening, ripe and germinating grains were determined.

For that new methods allowing the specific, separate determination of the enzymes were established. Whereas the Ceralpha method employs as substrate a non-reducing-end blocked p-nitrophenyl maltoheptaoside for the assay of  $\alpha$ -amylase, the Betamyl method uses p-nitrophenyl malto-pentaoside for the measurement of  $\beta$ -amylase. In addition the alternating use of cystein allows the differentiation between 'total' and 'soluble'  $\beta$ -amylase. The Limit-Dextrizyme method facilitates the determination of limit-dextrinase with an azurine-crosslinked-pullulan. For the analyses of enzymes in ripening grains, samples of selected cultivars and lines from field trials were used. Seedlings of different age were obtained by germination of the ripe grains in humid seed boxes in an incubator at 20 °C. In the early stages of grain filling the  $\alpha$ -amylase activity is relatively high and decreases during the course of maturation. The  $\beta$ -amylase activity increases during grain filling and reaches the maximum at full ripeness. The activity of limit-dextrinase doesn't show changes. In ripe nonsprouted and healthy grains only  $\beta$ -amylase and limit-dextrinase can be detected.

During the germination  $\alpha$ -amylase activity appears, increases drastically and reaches maximum values in seedlings which are 4-5 days old. The course of the limit-dextrinase activity is similar to that of  $\alpha$ -amylase. The  $\beta$ -amylase activity alters only to a slight extent (with the exception of barley) during the first days of the germination and decreases only in seedlings which are older than 4-5 days. The investigations will be continued. Changes in enzyme activities during grain ripening and germination should be examined with regard to their suitability as marker for enzymatically determined quality characteristics.

(BAZ-3340)

#### **1.4. Charakterisierung der Stärkezusammensetzung (Amylose, Amylopektin) heimischer landwirtschaftlicher Nutzpflanzen mittels HPLC**

##### **Characterization of starch composition (amylose, amylopectin) of indigenous agricultural plants by means of HPLC**

Jürgens, H.-U.

Zielsetzung/ Aim:

Stärke wird in Form semi-kristalliner Körnchen in Pflanzen gefunden, die aus den Polysacchariden Amylopektin und Amylose bestehen. Sie dient im großen Umfang als Rohstoff für die Nahrungs-, Textil- und die Papierindustrie. Das Ziel dieses Projektes ist es, die Feinstruktur der Stärke und ihrer Bestandteile zu analysieren, um eine ver-

besserte Grundlage für das Verständnis des Struktur-Funktion-Verhältnisses zu erhalten. Als Untersuchungsmaterial werden Stärken von industriellem Interesse aus Gersten, Weizen, Roggen, Kartoffel und der Erbsen verwendet. Ebenso werden genetisch veränderte Stärken, entweder mit erhöhtem oder verringertem Amylose-Gehalt (waxy- und amylo-Formen) untersucht.

Starch is found in plants in semi-crystalline granules composed of the polysaccharides amylopectin and amylose. It is used as a raw material in a wide range in food, textile, and paper industries. The aim of this project is to reveal the fine structure of the starch and their components, to obtain an improved basis for the understanding of the structure-function relationship. Starches of industrial interest from barley, wheat, oat, rye, potato, and peas are used as research material. Genetically modified starches with either increased or decreased amylose content (waxy- and amylose-types) are also investigated.

Ergebnisse:

Für die Auftrennung von isolierten Gersten-, Roggen- und Kartoffelstärken in ihre Bestandteile Amylose und Amylopektin wurde ein Gelpermeationschromatografisches System (GPC) mit einem Refraktometer und Wasser als Eluenten eingesetzt. Hierfür wurden drei HPLC-Säulen vom Typ Suprema mit unterschiedlichen Ausschlussgrenzen (Fa. Polymer Standards Service) verwendet. Wichtige Voraussetzung für die Erzielung reproduzierbarer und aussagekräftiger Chromatogramme und damit der Trennung von Amylopektin und Amylose ist das vollständige Lösen der Stärken. Die zunächst durchgeführten Versuche, Stärke-Suspensionen in DMSO oder Wasser durch Erwärmen zu lösen, führten teilweise zu unterschiedlich starkem Abbau des verzweigten Amylopektins. Durch enzymatische Hydrolyse der  $\alpha$ -1,6-glucosidisch verknüpften Bindungen im Amylopektin mit Isoamylase (EC 3.2.1.68.) oder Pullulanase (EC 3.2.1.41.) konnte gezeigt werden, dass sich in der Übergangsfraction zwischen den an der GPC in Amylose und Amylopektin getrennten Stärke teilweise abgebautes Amylopektin befindet (Abb. 1). Während Getreidestärken thermisch relativ stabil erscheinen, wird Kartoffelstärke besonders schnell abgebaut. Es war daher erforderlich, für jede Art und Typ von Stärken die optimalen Lösungsbedingungen zu finden. Untersuchungen zur Zusammensetzung der an der Reverse Phase Chromatography (RPC) nach Derivatisierung analytisch zugänglichen Hydrolyseprodukte von Amylopektin zeigen, dass die einzelnen Stärkearten verschiedene Muster aufweisen.

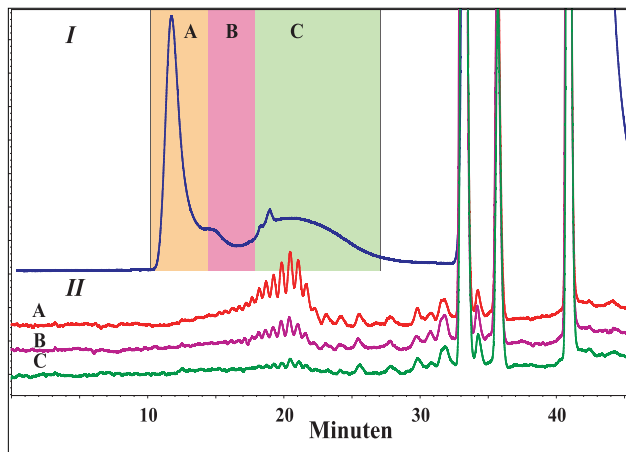


Abb. 1: Strukturuntersuchung von Stärke am Beispiel von Weizen mittels GPC (I) und Analyse der Oligosaccharide nach enzymatischer Hydrolyse mit der RPC (II)

- A Amylopektin
- B Zwischenfraktion
- C Amylose

Fig. 1: Investigation of starch by the example of wheat by GPC (I) and analysis of oligosaccharides after enzymatic hydrolysis by RPC (II)

- A amylopectin
- B intermediate fraction
- C amylose

**Abstract:**

Different native starches were solved in water or DMSO and subsequently fractionated by gel permeation chromatography. The fractions of amylopectin and waxy starches were debranched using isoamylase or pullulanase. The oligosaccharides obtained were derivatized for detection by fluorescence spectrometer and after that separated by reverse phase chromatography.

(BAZ-3335)

**1.5. Rheologische Untersuchungen von Stärken und Nichtstärkepolysacchariden von Kartoffeln und Getreide**

**Rheological investigations of starch and non starch polysaccharides of potatoes and cereals**

Jansen G.; Flamme W.

**Zielsetzung/Aim:**

Mit Hilfe von verschiedenen Messtechniken soll eine umfassende rheologische Charakterisierung von zellwandhaltigen Rohstoffen und Stärken von Getreide und Kartoffeln durchgeführt werden. Dabei werden neben der Quellung und dem Quellstoffabbau von Zellwandsubstanzen auch das Verkleisterungsverhalten von stärkehaltigen Rohstoffen und isolierten Stärken sowie der Einfluss von pflanzeigenen Enzymen auf das rheologische Verhalten untersucht. Zur Ermittlung von technologischen Parametern (z. B. Viskositäten, Fließverhalten unter mechanischer Beanspruchung) werden Methoden eingesetzt, die eine

Beurteilung der Verarbeitungseigenschaften von Zuchtmaterial in frühen Zuchtstadien ermöglichen.

The aim is a comprehensive rheological characterization of starch and non starch polysaccharides of cereals and potatoes. Swelling properties and decomposition of swelling substances as well as the gelatinization properties of raw materials and isolated starches and the influence of enzymes have to be investigated. For determination of technological parameters (viscosity, flow behaviour under different shear rates) breeding relevant methods will be used.

**Ergebnisse:**

Ein Rotationsviskosimeter (Fa. Physica), für die züchtungsrelevante Untersuchung der Quelleigenschaften von Nichtstärkepolysacchariden von Getreide modifiziert, wurde auch zur Analyse der Verkleisterungs- und Pasteneigenschaften von Getreide- und Kartoffelstärken eingesetzt. Mit 0,5 g Schrot und weniger als 0,5 g Stärke, d.h. sehr geringen Probemengen, wurden Verkleisterungskurven aufgenommen, die die rheologischen Eigenschaften von Schrot- und Stärkesuspensionen während technologischer Verarbeitungsprozesse beschreiben. Die typischen Messparameter wie Verkleisterungsbeginn, Verkleisterungsmaximum und Temperatur im Maximum sowie Temperatur- und Scherbeständigkeit der verkleisterten Stärke und das Dickungsverhalten während der Abkühlphase lassen sich reproduzierbar ermitteln und darüber hinaus liefert das modifizierte Rotationsviskosimeter exakte physikalische Messdaten.

Getreidestärken mit „normalem“ Amylose/Amylopektinverhältnis (25:75) unterscheiden sich kaum in ihrem Verkleisterungsverhalten. Innerhalb der Arten gibt es Mutanten mit deutlich verändertem Amylose/Amylopektinverhältnis. Die daraus resultierenden rheologischen Veränderungen (Verkleisterungsbeginn, Verkleisterungsmaximum und Kleisterviskosität) lassen sich mit dem modifizierten Rotationsviskosimeter exakt bestimmen (Abb. 1).

In Abb. 1 sind die Verkleisterungs- und Pasteneigenschaften von einer Gerstensorte mit „normalem“ Amylosegehalt, von einer amylosereichen Mutante (35 %) und einer amylosearmen Mutante (<5 %) sowie Kreuzungen von Sommergersten mit den Mutanten dargestellt. Aus den sehr unterschiedlichen Verkleisterungseigenschaften der Stärken ergeben sich für technische Anwendungen verschiedenartige Einsatzfelder.

**Abstract:**

The breeding relevant and reproducible determination of typical rheological measuring parameters such as begin of gelatinization, peak temperature, peak viscosity, breakdown and setback viscosity was possible with a modified rotary viscometer (Fa. Physica). At early breeding stages the gelatinization properties were measured with approximately 0,5 g whole meal or starch and the output is available in correct physical units. Different swelling and gelatinization properties of meal, flour, and starch allow special technical uses in food and industry.

(BAZ-3338)

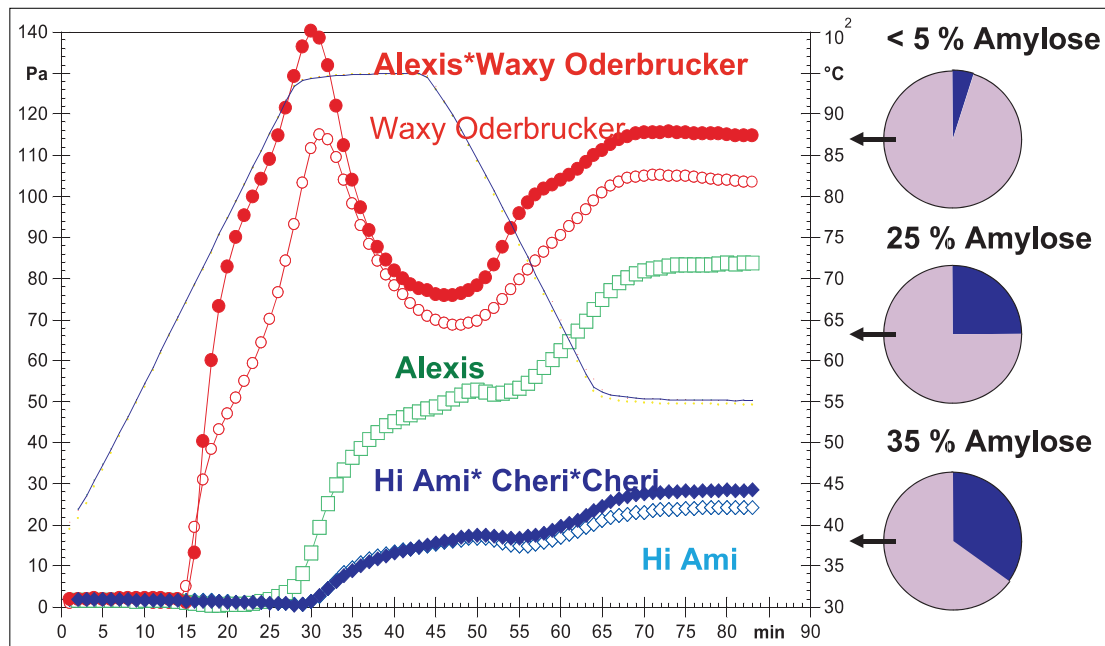


Abb. 1: Verkleisterungskurven von Gerstenstärken mit unterschiedlichem Amylosegehalt

Fig. 1: Gelatinization cycle curve and pasting properties of barley starches with different amylose content

**1.6. Einzelsamencharakteristik - züchtungsrelevante Analyse von Inhaltsstoffen, Farbe, Härte und Image an Getreidekörnern**  
**Single seed characterization - breeding relevant analysis of contents, colour, hardness, and image on cereal grains**

Flamme, W.; Jansen, G.

**Zielsetzung/Aim:**

Die Kenntnisse der Inhaltsstoffzusammensetzung, der physikalischen Eigenschaften, der Form und der Farbe der einzelnen Körner einer Probe liefern verbesserte Selektionsmöglichkeiten im Züchtungsprozeß. Um eine züchtungsrelevante Analyse der Einzelkörner zu ermöglichen, wird ein spezielles Gerät zur Messung von Feuchte, TKG, Breite und Härte eingesetzt.

The knowledge about contents, physical properties, shape and colour of single seeds of one sample give improved possibilities of selection in the breeding process. For a breeding relevant analysis of single seeds are used a special system for measuring of water content, weight, diameter and hardness are used.

**Ergebnisse:**

Zusammensetzung und Eigenschaften der Inhaltsstoffe und deren Schädigung durch Auswuchs bestimmen den Gebrauchswert von Getreide. Ein niedriges Gewicht, eine schmale und lange (spindelförmige) Gestalt und eine hohe Zähigkeit der Getreidekörner reduzieren die Mahlqualität. Das Single Kernel Characterization System SKCS 4100 der Fa. PERTEN wurde in den USA entwickelt, um Wei-

zenproben in die Klassen weich, hart oder mittel einzustufen. Das SKCS gestattet eine schnelle, objektive Einteilung nach Härteklassen und Uniformität. Dazu werden optimal ca. 300 Körner einzeln analysiert. Das SKCS vereinzelt die Körner der Probe und ermöglicht die Bestimmung des Gewichtes, des Durchmessers, des Feuchtegehaltes und der Härte. Die gemessenen Einzelkorndaten von aktuellen Sorten werden als Histogramm (Abb. 1) mit allen statistischen Größen ausgedrückt oder gespeichert. Neben Weizen und Triticale wurden auch Roggenkörner erfolgreich analysiert (Tab. 1). Manuell an Einzelkörnern bestimmte Werte korrelieren eng mit den SKCS-Daten. Durch eine Modifizierung der Vereinzelnung wird es möglich, die gemahlene Kornmasse verlustlos zu sammeln. Das Schrot wird für die Analyse der Inhaltsstoffe genutzt.

**Abstract:**

A low kernel weight, a small and long spindle shape and a high toughness of cereal grains reduce the milling properties. The Single Kernel Characterization System SKCS 4100 from PERTEN was developed in USA, classifying wheat samples as either soft, hard, or mixed. SKCS automatically singulates kernels and determines individual kernel weight, diameter, moisture, and hardness. SKCS was successfully used for analysis of actual German cereal varieties (Tab. 1) and strains of a winter rye collection (Fig. 1). Manual determined values are closely correlated with SKCS-dates.

With a modified kernel singulation, the mass of each crushing kernel can be separated quantitatively. The broken kernels are used for chemical analysis of contents.

(BAZ-3341)

Tab. 1: Einzelkorncharakteristik von Weizen, Triticale und Roggen (Ernte 1999\*), ermittelt am SKCS 4100  
 Table 1: Single kernel characterization of wheat, triticale, and rye determined with SKCS 4100

	Weizen (n=160)			Triticale (n=38)			Roggen (n=80)		
	Mittelwert	Minimum	Maximum	Mittelwert	Minimum	Maximum	Mittelwert	Minimum	Maximum
Kornge- wicht	42,9	33,4	50,2	47,5	45,0	51,3	37,3	30,0	43,3
Korndurch- messer	2,89	2,37	3,58	2,80	2,62	3,05	2,38	2,07	2,63
Härte- Index	40,0	- 5,5	75,9	19,6	- 0,7	38,4	37,5	18,8	53,1

\*Muster mit Auswuchs wurden in die SKCS-Untersuchung einbezogen

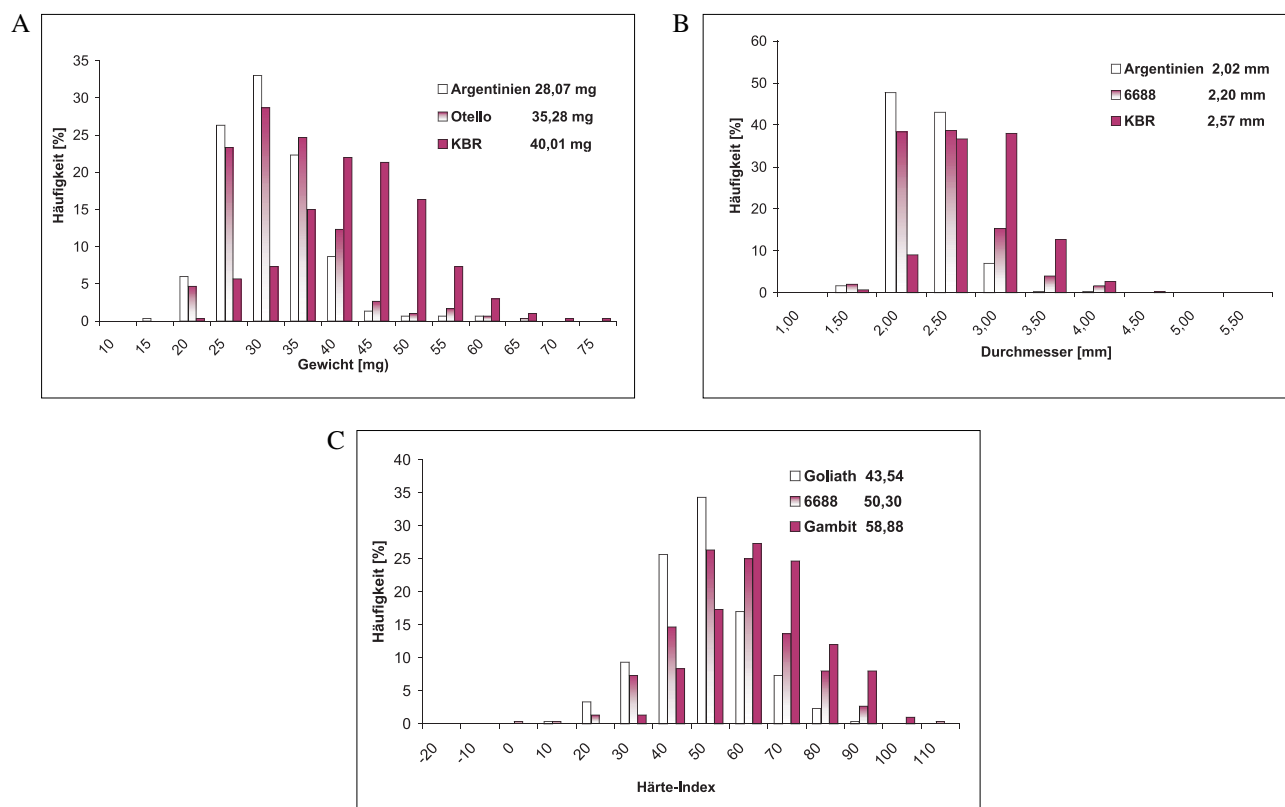


Abb. 1: Häufigkeitsverteilung und Mittelwerte der SKCS-Daten von Roggensorten und -linien  
 A) Gewicht, B) Durchmesser, C) Härte-Index

Fig. 1: Frequency and average of SKCS-parameters in kernels of rye varieties and lines  
 A) weight, B) diameter, C) hardness-Index

### 1.7. Effekt einer endogenen Pektatlyase auf die Resistenz des Knollengewebes der Kartoffeln gegenüber der *Erwinia* Nassfäule

**Effekt of an endogenous pectate lyase on the resistance of potato tuber tissue against *Erwinia* soft rot**  
 Wegener, C.

Zielsetzung/Aim:

Induktion von pflanzlichen Resistenzmechanismen durch eine endogene Pektatlyase im Knollengewebe der Kartoffeln (*Solanum tuberosum* L.).

Induction of plant defence responses by an endogenous pectate lyase in tuber tissue of potatoes (*Solanum tuberosum* L.).

Ergebnisse:

Vier Kartoffel-Linien der Sorte Désirée, die das Gen einer Pektatlyase (PL) aus *Erwinia carotovora* (*Ec*) exprimieren, wurden über einen Zeitraum von vier Jahren auf dem Feld angebaut. Die Untersuchungen zeigten, dass die endogene PL eine Induktion von pflanzlichen Resistenzmechanismen vermittelt. Dies führte zu einer deutlichen Verbesserung der Resistenz des Knollengewebes gegenüber der *Erwinia* Nassfäule.

Im letzten Anbaujahr (2000) wurden neben den PL-transgenen Linien 18 traditionelle Sorten sowie vier Zuchtstämme (Dr. Darsow) auf dem gleichen Versuchsfeld angebaut, um ihre Resistenzeigenschaften zu untersuchen. Im Vergleich zu den traditionellen Sorten zeigten die Knol-

len der PL-transgenen Linien eine signifikant verbesserte Resistenz ( $P < 0,05$ ) gegenüber *Ec*-Bakterien und deren Enzymen (Tabelle 1). Sie waren auch resistenter als die vier Zuchtstämme, wobei letztere deutlich weniger anfällig

als die vergleichbaren Sorten waren. Diese Ergebnisse zeigen, dass eine vorzeitige Induktion der pflanzlichen Abwehrmechanismen die Resistenz des Knollengewebes gegenüber der *Ec*-Nassfäule entscheidend verbessert.

Tab. 1: Durchschnittliche Mazeration von Knollengewebescheiben PL-transgener Linien, traditioneller Sorten und ausgewählter Zuchtstämme nach Inkubation mit *Erwinia* Bakterien (A - 16 h, 20 °C) und deren Enzymen (B - 30 min, 25 °C). Die Verminderung der Vitalität der Zellen wurde mittels Neutralrot-Vitalfärbung gemessen.

Tab. 1: Average maceration of tuber tissue slices of PL-transgenic lines, traditional cvs. and selected breeding lines after incubation with *Erwinia* bacteria (A - 16 h, 20 °C) and their enzymes (B - 30 min, 25 °C). The decrease of cell viability was measured by neutral red vital staining.

	Verminderung der Vitalität (%) (Decrease of cell viability)	
	Bakterien (A) ( $5 \times 10^6$ cfu ml <sup>-1</sup> )	Enzyme (B) (0,2 U ml <sup>-1</sup> min <sup>-1</sup> )
Traditionelle Sorten (n = 18)	39,46 ± 14,40	26,64 ± 8,37
Zuchtstämme (n = 4)	24,03 ± 6,67	14,88 ± 10,07
PL-transgene Linien (n = 4) *	7,98 ± 4,30	8,83 ± 1,85

Significant \* ( $P < 0,05$ )

#### Abstract:

Four potato plant lines of cv. Désirée expressing an *Erwinia* pectate lyase (PL) gene were grown over a period of four years on the field. The experiments revealed that the endogenous PL-protein mediates an induction of defence responses leading to an enhanced resistance of tuber tissue to *Erwinia* soft rot. In the last experimental year (2000) four PL-transgenic plant lines, 18 traditional cvs and four breeding lines (Dr. Darsow) were grown on the same test field in order to analyse the resistance of tuber tissue to

*Erwinia carotovora* (*Ec*) bacteria and their enzymes. Compared to the traditional cvs. the four PL-expressing plant lines showed a significantly enhanced resistance ( $P < 0,05$ ) to *Ec*-bacteria and their enzymes. They were also more resistant than the four breeding lines, whereby these were notable less susceptible to bacterial and enzymatic maceration than the traditional cvs. These results show that an advanced plant defence can strongly improve the resistance of tuber tissue to *Ec*-soft rot.

(BAZ-3334)

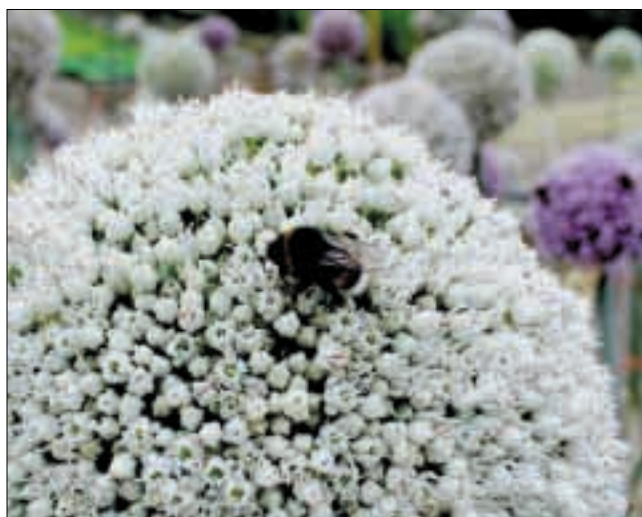
# Institut für gartenbauliche Kulturen

## Institute of Horticultural Crops

### Quedlinburg

In der heutigen Gesellschaft werden Landbausysteme gefordert, bei denen Werte wie Nachhaltigkeit, Biodiversität, Beachtung regionaler Spezifika und Multifunktionalität besondere Aufmerksamkeit verdienen. Vor diesem Hintergrund sind die Arbeiten zur Züchtungsforschung des Institutes für gartenbauliche Kulturen darauf gerichtet, Bedingungen für eine nachhaltige Pflanzenzüchtung und einen ökologisch verträglichen Gartenbau zu schaffen. Besondere Aufmerksamkeit gilt der Resistenz gegenüber Schaderregern, einer verbesserten, verbraucherorientierten Produktqualität und der Erschließung neuer genetischer Ressourcen. Die Aufgaben des Institutes schließen sowohl die Entwicklung von neuen Resistenzdonoren als auch die Optimierung und Adaptierung neuer Methoden und Strategien für die Züchtung gartenbaulicher Kulturpflanzen ein. Dabei steht die Integration von Verfahren der klassischen Züchtung, der pflanzlichen Zell-, Gewebe- und Organkultur sowie der Molekularbiologie im Mittelpunkt der Züchtungsmethodik. Die Auswahl der bearbeiteten Kulturarten richtet sich nach dem züchterischen Forschungsbedarf und ihrer wirtschaftlichen Bedeutung. Unter dieser Maßgabe werden gegenwärtig Gemüseformen aus den Gattungen *Allium*, *Brassica*, *Raphanus* und *Daucus* sowie ausgewählte Arznei- und Gewürzpflanzen bearbeitet.

Bei vielen Gemüsearten ist die Übertragung von Resistenzmerkmalen eines der wichtigsten züchtmethodischen Ziele. Verbesserungen in Qualität und Resistenz sind bei Porree (*Allium ampeloprasum*) auf Grund des komplexen Zucht-systems und der dadurch bedingten züchterisch schwierigen Handhabbarkeit schwer zu erreichen. Für diese Gemüseart wurden neue genetische Ressourcen entwickelt, welche ihre Züchtung erleichtern sollen. Durch Artkreuzungen wurden plasmatische und kerngetragene Erbkomponenten von Zwiebel in Porree übertragen, um ein Hybridsystem zu entwickeln. Die genetische Vielfalt des neuen Ausgangsmaterials wurde durch Kombination mit unterschiedli-



Blühende Porreedolde: Selbst- oder Fremdbestäubung?  
Flowering leek umbel: self- or crosspollination?



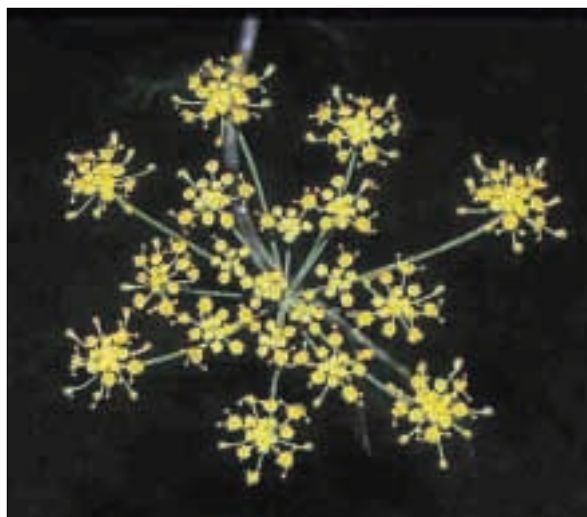
Verschiedene Möhrenformen  
Various carrot forms

chen Porree-Formen erweitert und damit eine breitere Basis für die Selektion geschaffen.

Die Genomdiagnostik der Möhre (*Daucus carota*) ist ein weiterer Forschungsschwerpunkt des Institutes. Ziel dieser Arbeiten ist die Aufklärung der Vererbungsmechanismen verschiedener Merkmale insbesondere solcher, mit züchterischer Relevanz und die Entwicklung molekularer Marker für eine markergestützte Selektion. Diesjähriger Schwerpunkt bei der Genomkartierung von *Daucus* war die Identifizierung und Integration weiterer AFLP-Marker in die bestehenden Kopplungskarten sowie die Erstellung neuer Kopplungskarten. Die im Berichtsjahr begonnenen, systematischen Untersuchungen der epikutikulären

Wachsschicht bei *Daucus* spp. zeigten eine starke phänotypische Variabilität der Laubblattstrukturen insbesondere der Epidermis, Kutikula und der Wachsschicht. Weiterführende Untersuchungen sollen mögliche Zusammenhänge zwischen Blattstruktur und Resistenz gegen *Alternaria dauci* klären.

Arznei- und Gewürzpflanzen tragen durch die therapeutische Wirkung, die geschmackliche Verbesserung unserer Nahrung und ihre Duftstoffe zur Verbesserung der Lebensqualität bei. Darüber hinaus wird die biologische Wirkung der Inhaltsstoffe dieser Arten untersucht, um weitere Anwendungsbereiche z. B. als natürliche Konservierungs- und Pflanzenschutzmittel zu erschließen. Das Institut für gartenbauliche Kulturen führt komplexe Arbeiten der Züchtungsforschung an Arznei- und Gewürzpflanzen mit den Schwerpunkten der Verbesserung des Gehaltes wirksamer Inhaltsstoffe, der technologischen Eignung und der natürlichen Resistenz gegen Schaderreger durch.



Fencheldolde  
Fennel umbel

Als natürliches Antidepressivum hat sich Johanniskraut (*Hypericum perforatum*) in den letzten Jahren einen führenden Platz unter den in Deutschland angebauten Arzneipflanzen erobert. Nach komplexer Evaluierung von mehr als 140 Herkünften wurden Populationen selektiert, die sich durch hohen Gehalt der pharmakologisch wichtigen Inhaltsstoffe Hypericin und Hyperforin und durch Widerstandsfähigkeit gegen die Johanniskrautwelke (*Colletotrichum* cf. *gloeosporioides*) auszeichnen. Die Arbeiten werden mit der Entwicklung von Linien aus den leistungsfähigsten Populationen fortgesetzt, die als Partner in Kreuzungsprogrammen eingesetzt werden. Für diesen Zweck müssen zusätzlich rein sexuelle Linien des ansonsten hochgradig apomiktischen Johanniskrautes gezüchtet werden, die mit Hilfe der flowcytometrischen Bestimmung des Reproduktionstypes selektiert werden. Bei Arzneifenchel gelang die Kombination der erwünschten frühen Reife und des niedrigen Wuchses eines Genotyps des Gewürzfenchels (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *dulce*) mit dem Inhaltsstoffspektrum des Arzneifenchels (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *vulgare*) durch Kreuzung. Die Arbeiten werden mit der Entwicklung von Linien fortgesetzt, die als Träger der Resistenz gegen gefährliche Doldenerkrankungen (*Mycosphaerella anethi*) und als Donoren der Kleinfrüchtigkeit (erforderlich für die Herstellung von Teeaufgussbeuteln) für die weitere züchterische Arbeit verwendet werden können.

The prevailing opinion on farming systems today is that there should be respect for valuables such as sustainability, biodiversity, attention to local particularities and multi-functionality. For this reason, breeding research carried out by the Institute of Horticultural Crops is aimed at providing the conditions for an economically efficient plant breeding and an ecologically balanced horticulture. Special emphasis is given to the resistance to pathogens, a better product quality for the consumer and the utilization of new genetic resources. The main objectives of the institute encompass the generation of new resistance donors, the development and adaptation of novel technologies and breeding strategies for a genetic improvement of horticultural crops. In the field of breeding methodology, the institute favours an integrated approach of combining classical breeding procedures with plant cell culture, tissue and organ culture and molecular biological techniques. The range of species investigated is determined by the research requirements and their economic importance. At present, the main focus is on vegetable forms of the genera *Allium*, *Brassica*, *Raphanus* and *Daucus* as well as on selected medicinal and aromatic plants.



In various vegetable species the introduction of genes for disease resistance is one of several important goals. In leek (*Allium ampeloprasum*) with its complex breeding system, improvements of quality and resistance are difficult to achieve. For this vegetable species new genetic resources were developed which could contribute to facilitate breeding work. Cytoplasmic and nuclear genetic components of onion were transmitted into leek by interspecific crosses to develop a hybrid system. Genetic diversity of the new plant material was broadened through the combination with a number of leek genotypes to create a broad basis for selection.

The genome research on carrot (*Daucus carota*) is a further important research complex of the institute. The goal of this project is the development of molecular markers for marker-assisted selection and to get a better understanding of the inheritance of different traits especially with relevance for breeding. Main point of the *Daucus* mapping project was the introduction of additional AFLP-markers as well as the construction of new carrot maps. Systematic investigations of the epicuticular wax layer of *Daucus* spp. were started. A broad phenotypical variation of leaf structures were observed especially of epidermis, cuticle and epicuticular wax layer. Further studies should clear possible correlations between leaf structures and resistance against *Alternaria dauci*.

Medicinal and aromatic plants contribute to the human welfare by their therapeutic effects, by improving the flavour of our food and by their fragrance. In addition, the biological effects of the secondary metabolites of these species are investigated to open further fields of application, e. g. as natural preservative or plant protection product. The Institute of Horticultural Crops carries out complex breeding research on medicinal and aromatic plants with emphasis on the improvement of the content of essential compounds, technological suitability and the natural resistance to pests and diseases. As natural remedy with antidepressive activities St. John's wort (*Hypericum perforatum*) has attained since some years a leading place among the medicinal plants cultivated in Germany. After complex evaluation of more than 140 accessions, populations were selected with high content of the pharmacologically important compounds hypericine and hyperforine and with resistance against the St. John's wort wilt (*Colletotrichum cf. gloeosporioides*). The work is being continued with the development of lines from high performance populations, which can be used as partners in crossing experiments. As prerequisite for crossings it is necessary to develop obligatory sexual lines of this principally high-grade apomictic species in addition. The reproductive pathway of the individual plants is assessed by flow cytometry. In the case of bitter fennel we succeeded in combining the requested early maturity and low growth height of a sweet fennel genotype (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *dulce*) with the important compounds of bitter fennel (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *vulgare*) by crossing. The breeding research is being continued with the development of lines as donors of resistance against a dangerous umbel disease (*Mycosphaerella anethi*) and of small fruits used for the tea bag technology.

# 1. Evaluierung und Erschließung resistenzgenetischer Ressourcen

## Evaluation and opening up of genetic resources of resistance

### 1.1. Etablierung und Charakterisierung von Resistenz gegen unterschiedliche Turnip mosaic potyvirus (TuMV)-Pathotypen bei Gemüseformen der Brassicaceae

#### Establishment and characterization of resistance to different turnip mosaic virus pathotypes (TuMV) in vegetable forms of Brassicaceae

Krämer, R.; Marthe, F.; Klocke, E.; Ryschka, U.; Schumann, G.

#### Zielstellung/Aim:

Die Aufgabe besteht in der Entwicklung von Resistenzdonoren bei *Brassica* mit Resistenz gegen das Kohlschwarzringflecken-Virus (Turnip mosaic virus, TuMV). Zur Etablierung von Resistenz gegen unterschiedliche Pathotypen des TuMV in Linien von *Brassica*-Gemüseformen (primär Kopfkohl) werden die Tests und Selektionen fortgesetzt. Der Resistenztransfer erfolgt durch konventionelle Techniken und gentechnische Methoden.

The development of plant material in *Brassica* with resistance to turnip mosaic potyvirus (TuMV) will be continued. There will be carried out a screening and selection program for the improvement of resistance to different TuMV pathotypes in lines of *Brassica* vegetable forms (primarily cabbage). Transfer of the resistance will be done both conventionally and by gene technological methods.

#### Ergebnisse:

Die bisherigen Untersuchungen haben gezeigt, dass das TuMV beim Weißkohl (*B. oleracea* var. *capitata*) bis zu 25 % Ertragsverlust sowie stark qualitätsmindernde Gewebekrotisierungen insbesondere beim Lagerkohl hervorrufen kann. Darüber hinaus ist das Vorkommen unterschiedlicher TuMV-Pathotypen für die Resistenzzüchtung von besonderer Bedeutung. Mit der Zielsetzung, TuMV-Resistenz in Kopfkohl zu etablieren, wurden die Arbeiten zur Entwicklung nahezu isogener Linien von einer griechischen *B. oleracea*-Landsorte sowie von zwei *B. oleracea*-Primitivformen fortgesetzt.

In 5 I<sub>6</sub>-Linien der *B. oleracea*-Landsorte konnte durch mehrjährige Selektion die Homogenität und Stabilität der Resistenz gegen das hoch virulente TuMV-Isolat 2 verbessert werden. Die Infektionsraten in den 5 Linien betragen unter Freilandbedingungen 0 %, d. h. alle Pflanzen waren symptomlos und im DAS-ELISA negativ. Parallel dazu konnten 4 anfällige I<sub>6</sub>-Linien der *B. oleracea*-Landsorte mit Infektionsraten von jeweils 100 % selektiert werden. Ferner wurde in den *B. oleracea*-Primitivformen A 141/1 und A 138/1 die Entwicklung von Linien mit Resistenz gegen unterschiedliche TuMV-Pathotypen unter Verwendung eines Gemisches (Mix 1) aus 5 TuMV-Isolaten (3 Pathotypen) fortgesetzt. Durch sukzessive Selektions- und Selbstungsschritte über 4 Generationen war es möglich,

insgesamt 4 (A 141/1) bzw. 3 (A 138/1) Linien mit Resistenz gegen TuMV-Mix 1 zu entwickeln (Abb. 1).

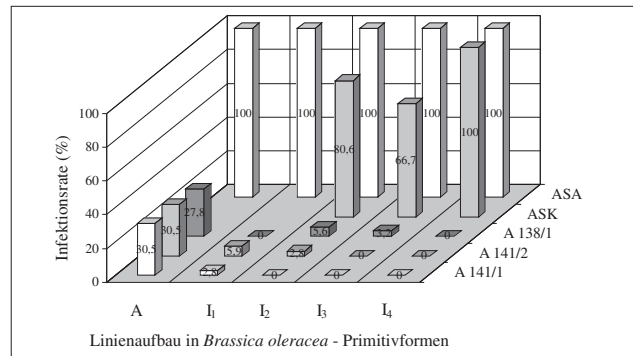


Abb. 1: Aufbau von Linien aus den *B. oleracea*-Primitivformen A 138/1 und A 141/1 mit Resistenz gegen TuMV-Mix 1. ASA: Anfälligkeitsstandard China-kohl 'Asko', ASK Anfälligkeitsstandard Weißkohl 'Krautman', A: Ausgangsmaterial der *B. oleracea*-Primitivformen, I: Inzuchtlinien 1. bis 4. Generation

Fig. 1: Development of lines from *B. oleracea* primitive forms A 138/1 and A 141/1 with resistance to TuMV mixture 1. ASA: susceptible reference Chinese cabbage cv. 'Asko', ASK susceptible reference white cabbage cv. 'Krautman', A: original *B. oleracea*-primitive forms, I: inbred lines 1<sup>st</sup> to 4<sup>th</sup> generation

Ausgewählte I<sub>4</sub>-Linien der *B. oleracea*-Primitivformen wurden zur Bewertung der Resistenzstabilität an 2 Standorten der BAZ angebaut. Am 1. Standort, in Quedlinburg, wurden die Pflanzen mechanisch mit TuMV-Mix 1 inokuliert. Am 2. Standort wurden die Pflanzen dem natürlichen Befallsdruck durch Aphiden von einem benachbarten, TuMV-infizierten Rapsfeld ausgesetzt. Nach mechanischer Inokulation mit dem TuMV-Mix 1 blieben alle Pflanzen virusfrei (Infektionsrate 0 %). In Relation dazu lagen bei vergleichsweise hohem Befallsdruck durch Aphiden vom Rapsfeld die Infektionsraten zwischen 0 und 28,6 % (Abb. 2).

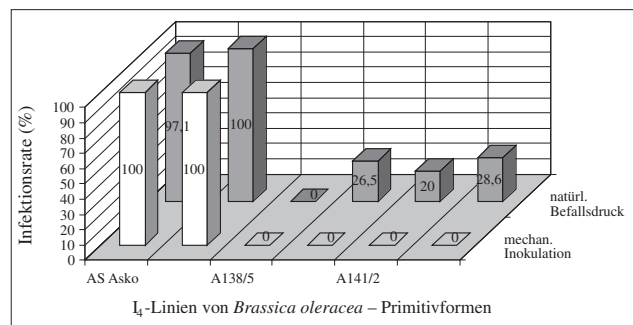


Abb. 2: Resistenz in I<sub>4</sub>-Linien von *B. oleracea*-Primitivformen nach mechanischer Inokulation (TuMV-Mix1) und bei natürlichem Blattlausbefall von einem TuMV-infizierten Rapsbestand (*B. napus*)

Fig. 2: Resistance to TuMV-mixture 1 in lines (I<sub>4</sub>) of *B. oleracea* primitive forms after mechanical inoculation and by natural aphid transmission from TuMV-infected oilseed rape (*B. napus*)

#### Abstract:

Turnip mosaic virus (TuMV) is one of the most important pathogens in vegetable Brassica crops. In white cabbage TuMV infection causes up to 25% yield losses and also necrosis during cold storage of the heads. The selection program was continued for development of near isogenic lines in *Brassica oleracea*.

In a white cabbage landrace five inbred lines ( $I_6$ ) were selected under field conditions with a high level of resistance (infection rate 0 %) to high virulent TuMV-isolate 2. In addition, four lines were selected with high susceptibility (infection rate 100 %) to this isolate. From two *B. oleracea* primitive forms, A141/1 and A138/1, seven near isogenic lines ( $I_4$ ) were developed by successive selection and self-pollination (Fig. 1). The resistant plants showed no disease symptoms after inoculation with a mixture of five TuM-isolates (three pathotypes) and reacted negative in DAS-ELISA. In four lines ( $I_4$ ) of *B. oleracea* primitive forms resistance was estimated to TuMV-mixture 1 after mechanical inoculation and by natural aphid transmission from TuMV-infected oilseed rape (*B. napus*). While plants showed no infection after mechanical inoculation infection rates were found between 0 and 28,6 % in the case of aphid transmission (Fig. 2).

Zusammenarbeit mit: BAZ, Inst. f. Resistenzforschung u. Pathogendiagnostik, Aschersleben, Schubert, J.; Rabenstein, F.; BAZ, EDV, Quedlinburg, Kecke, S.; BAZ, Versuchsfeld Quedlinburg, Schwarz, S.; HRI Wellesbourne, Großbritannien, Jenner, C.; GZG Marne, Löptien, H.; (BAZ-1136)

#### 1.2. Vererbung der Kohlhernie (*Plasmodiophora*)-Resistenz ausgewählter Herkünfte von *Brassica oleracea*

##### Inheritance of resistance to clubroot (*Plasmodiophora*) in selected accessions of *Brassica oleracea*

Scholze, P.; Marthe, F.

#### Zielsetzung/Aim:

Das Projekt setzt sich zum Ziel, ausgewählte Resistenzträger von *Brassica oleracea* mit rezessiver/quantitativer Resistenz, insbesondere die der Kulturform *B. oleracea* var. *capitata* mit anfälligen Herkünften einschließlich leistungsfähiger Sorten zu kreuzen und den Vererbungsmodus in den  $F_1$ -,  $F_2$ - und Rückkreuzungsgenerationen vornehmlich mit einer Rassenmischung des Erregers zu bestimmen. Es wird angestrebt, Material zu selektieren, das sich, gegebenenfalls nach Einbeziehung weiterer Kombinationen, für die spätere Entwicklung von leistungsfähigen resistenten Linien eignet.

In this project, selected resistance donors of *Brassica oleracea* conferring recessive/quantitative resistance, especially those of the cultivated form var. *capitata*, will be crossed with susceptible accessions including high yielding varieties in order to ascertain the inheritance mode after testing  $F_1$ -,  $F_2$ - and BC-generations particularly by using a mixture of

the pathogen races. The aim is to select material which, if necessary after further combinations with resistance donors, is suitable for producing resistant high yielding lines.

#### Ergebnisse:

Für die Weiterführung der Untersuchungen im Berichtszeitraum stand umfangreiches Saatgut von geprüften resistent reagierenden  $F_1$ -Pflanzen aus Kombinationen zwischen fünf leistungsfähigen Kopfkohlsorten sowie drei Donoren mit wahrscheinlich rezessiven und/oder quantitativ wirkenden Resistenzgenen zur Verfügung. Die  $F_2$ -Prüfungen fanden im Gewächshaus statt und wurden in zwei Durchsätzen mit je 400 bis 500 Einzelpflanzen jeder Kombination durchgeführt. Das Material aller 15 geprüften  $F_2$ -Nachkommenschaften spaltete in variablen Verhältnissen resistent anfällig. Die höchsten Anteile phänotypisch resistent reagierender Pflanzen fanden sich in den Kombinationen Linie 110r x Sorte 'Erdeno' (Spaltung 1:1), 110r x Sorte 'Kalorama', Linie 116r x Sorte 'Bartolo' (Spaltung jeweils 1:3) sowie Linie 104r x Sorte 'Kalorama' und Linie 104r x Sorte 'Erdeno' (Spaltung jeweils 1:4). Es ließ sich somit eine genotypenabhängige Herausspaltung von resistenten Einzelpflanzen belegen. Eine größere Anzahl resistent reagierender Pflanzen wurde selektiert und nach sechs- bzw. zwölfwöchiger Kultur im Gewächshaus erneut einer Bonitur auf Befall (verzögerte Anfälligkeit) unterzogen. Bei der überwiegenden Anzahl der selektierten Pflanzen blieb die Resistenzreaktion jedoch stabil.

Darüber hinaus wurden weitere Kombinationen zwischen resistenten und anfälligen Grün- und Wirsingkohl-Herkünften durchgeführt.

#### Abstract:

Seed of the tested resistant  $F_1$ -plants produced in the last year was used to grow  $F_2$ -generation of 15 combinations between five high yielding cabbage varieties and three donor accessions conferring recessive or/and quantitative resistance. Testing of the  $F_2$ -plants was conducted in a glasshouse. All 15 progenies were screened in two series each containing 400 until 500 single  $F_2$ -plants. The material segregated in resistant: susceptible in different ratios. The highest portions of plants reacting phenotypically resistant could be found in progenies of following combinations: line 110r x cv. 'Erdeno' (segregation ratio 1:1), line 110r x cv. 'Kalorama' and line 116r x cv. 'Bartolo' (segregation ratio 1:3 in each case) as well as line 104r x cv. 'Kalorama' and line 104r x cv. 'Erdeno' (segregation ratio 1:4 in each case), indicating a genotype-depending frequency of resistant plants. Of those, a greater portion was selected and after growing in the glasshouse two further tests were conducted in order to eliminate plants showing restricted susceptibility. However, in most of the tested plants resistance was stable.

Moreover, further combinations between resistant and susceptible accessions of kale as well as savoy have been carried out.

In Zusammenarbeit mit: GZG Marne, Dr. Löptien, H. (BAZ-1141)

**1.3. Untersuchungen zur Manifestierung der *Alternaria*-Symptomausprägung in Brassicaceen, unter besonderer Berücksichtigung von *Sinapis* spec. Studies on symptom manifestation in Brassicaceae caused by *Alternaria* pathogens with special regard to *Sinapis* spec.**

Scholze, P.; Marthe, F.; Nothnagel, Th.

**Zielsetzung/Aim**

Das Projekt setzt sich zum Ziel, unter Berücksichtigung von Untersuchungen zur Erreger- und Wirtsvariabilität einen Beitrag zu den Ursachen der variierenden Symptomausprägung zu leisten. Es wird angestrebt, Donoren mit stabiler Resistenz zu evaluieren, die sich für Vererbungsanalysen und effektivere Übertragung in Kulturformen der *Brassicaceae* eignen. Dabei sollen vor allem Herkünfte von *Sinapis* spec. berücksichtigt werden.

With regard to the variability in the pathogen as well as in the host, the aim of the project is to contribute to find out causes of the different symptom expressions. Donors exhibiting stable resistance will be used in inheritance analyses and in attempts to transfer resistance into culture forms of the family *Brassicaceae*. For studies particularly *Sinapis* spec. will be used.

**Ergebnisse:**

Die im Jahre 2000 begonnenen Evaluierungen zur Auffindung von Resistenzträgern speziell bei Material aus der Genbank des IPK Gatersleben wurden fortgesetzt. Unter Anwendung einer entsprechenden Prüfmethodik wurden weitere *Sinapis* spec. berücksichtigt, wobei von insgesamt 78 Herkünften, jeweils nach Freilandanzucht bis zum Vorblütstadium, im Frühjahr (Mai/Juni) 71, im Spätsommer (August/September) 74 und zu beiden Terminen 65 Herkünfte geprüft wurden. Im Herbst reagierten die Akzessionen signifikant anfälliger (Krankheitsindex [KI]  $5,7 \pm 0,7$ ) als im Frühjahr (KI  $4,8 \pm 1,1$ ) ( $t_{\text{ber (FG 143)}} = 5,85^{***}$  im Mittelwertvergleich). Da die Amplitude der Symptomvariation innerhalb der Akzessionen bei der Frühjahrsprüfung etwas breiter war als bei der Herbstprüfung (KI 1,8 bis 7,0 bzw. KI 3,7 bis 7,0), ließen sich (bei Zugrundelegung eines cut-off-points für Resistenz von KI 2,0) im Juni 101 Einzelpflanzen im Vergleich zu nur drei resistent reagierenden im September selektieren, ein Hinweis auf die erhebliche Instabilität der Resistenzausprägung im Wirt.

Die im Prüffjahr ermittelten resistenten Einzelpflanzen wurden über Stecklinge und In-vitro-Verfahren verklont, im Gewächshaus zur Blüte gebracht und geselbstet bzw. ein Teil von ihnen im Berichtsjahr nach Freilandanzucht nachgeprüft. Der in den Ausgangspflanzen festgestellte Resistenzgrad ließ sich weder in den I- noch den geklonten Nachkommenschaften bestätigen.

Zur Untersuchung des erregenseitigen Anteils an der Symptomanifestierung wurden 21 Monoklonial-Isolate und als vorläufige Wirte verschiedene Weiß- und Wirsingkohlsorten (*Brassica oleracea* var. *capitata* und *sabauda*) in Pathogenitätstests einbezogen. Als Parameter der Aggressivität diente die Läsionsgröße in mm auf ausge-

stanzten Blattscheiben. Es ließen sich signifikant abgestufte Aggressivitätsunterschiede zwischen den Isolaten bei einer Reaktionsamplitude von 2,5 bis 16,6 mm Läsionsgröße messen. Auf Sorte 'Türkis' waren die Aggressivitäten bei den meisten Isolaten signifikant höher als auf Sorte 'Amager', aber die Rangfolge der Reaktionen war ähnlich (Rangfolgekoeffizient  $r_s = 0,66^{**}$ ). Vier Isolate konnten als hoch-, drei als schwachaggressiv eingruppiert werden. Es ergaben sich isolatspezifische Unterschiede bei der Streuung der Läsionsgrößen, die bei schwach aggressiven Isolaten geringer als bei hochaggressiven sind und als Ausdruck einer quantitativen Gen-für-Gen-Wirkung gedeutet werden können. Pathogenitätstests auf vier anderen *Brassica oleracea*-Herkünften mit zwei schwach-, einer mäßig- und zwei hochaggressiven Isolaten bestätigten die Ergebnisse hinsichtlich der Aggressivitätsabstufung zwischen den Rassen sowie den Anfälligkeitsunterschieden zwischen den Sorten prinzipiell. Die Ergebnisse implizieren die Bedeutung angemessener versuchsmethodischer Voraussetzungen bei der Untersuchung diffiziler Wirt/Parasit-Interaktionen sowie die Notwendigkeit der Beachtung erregerspezifischer Einflussgrößen bei resistenzstrategischen Ansätzen in Züchtung und Züchtungsforschung. Die Untersuchungen werden unter zusätzlicher Einbeziehung von *Sinapis*-Akzessionen fortgesetzt.

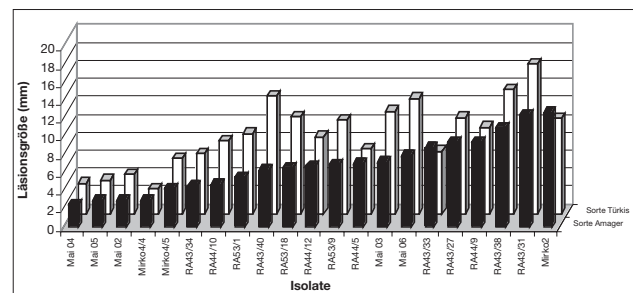


Abb. 1: Aggressivität von 21 Monoklonial-Isolaten von *Alternaria brassicicola* auf zwei anfälligen Kopfkohlsorten (*Brassica oleracea* var. *capitata*)

Fig. 1: Aggressivity of 21 single-conidia-isolates of *Alternaria brassicicola* on two susceptible varieties of white cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata*)

**Abstract:**

Further investigations were carried out in order to find resistance donors in *Sinapis*-accessions provided by the genebank at the IPK Gatersleben. Of 78 accessions, 71 and 74 were evaluated after rising under field conditions until flowering by starting screenings in the spring (May/June) and late summer (August/September) respectively, 65 accessions were tested at both dates. In the late summer screening, introductions reacted significantly more susceptible (disease index [DI]  $5.7 \pm 0.7$ ) than in that of the spring (DI  $4.8 \pm 1.1$ ) ( $t_{\text{calculated (n = 145)}} = 5.85^{***}$ ). As the range of symptom manifestation of the single plants tested per accession was somewhat broader in the spring screening than in the late summer screening (DI 1.8 until 7.0 and DI 3.7 until 7.0) respectively, by taking a cut-off-point of DI 2.0 as a basis, 101 resistant single plants could be

selected in the spring screening compared to only three in the late summer test that indicates considerable instability of resistance expression in the host. The resistant single plants were propagated by cuttings and in-vitro-cloning, grown in the glasshouse and then self-pollinated or re-tested under field conditions. The resistance level exhibited by the parental plants could not be confirmed neither in the inbreed generation nor in the cloned progenies.

In a study to explain the pathogen-induced symptom manifestation during pathogenesis, 21 single-conidia-isolates of the parasite and several cabbage and savoy varieties (*Brassica oleracea* var. *capitata* and *sabauda*) were involved in a pathogenicity test. Lesion size (mm) on leaf discs was used as criterium of aggressivity. On cabbage varieties 'Amager' and 'Türkis' isolates exhibited significantly graduated aggressivity ranging between 2.5 and 16.6 mm lesion size. Aggressivity was higher on variety 'Türkis' than on variety 'Amager' but reaction range was similar on both varieties ( $r_s = 0.66^{**}$ ). Three and four isolates could be grouped as being weakly and highly aggressive respectively. There are isolate-specific differences in mean error of lesion sizes being smaller in weakly than in highly ones which may be considered as an expression of a quantitative gene-for-gene interrelation between host and parasite. When pathogenicity tests were conducted by using four other *Brassica oleracea*-varieties as hosts and inoculation was carried out with two weakly, one moderately and two highly aggressive isolates differences between aggressivity of isolates as well as interrelation isolates x hosts could be confirmed in principle. Results implicate the importance of adequate experimental preconditions when studies on difficult-host/isolate interrelations are intended and special attention should be paid to pathogen-specific effects on disease expression in resistance-strategic attempts in breeding and breeding research. Studies are continued by involving *Sinapis*-accessions.

In Zusammenarbeit mit Willner, E., IPK Gatersleben, Außenstelle Malchow (BAZ-1142)

#### 1.4. Die Zukunft der europäischen Möhre: ein Programm zur Konservierung, Charakterisierung, Evaluierung und Sammlung von Möhren und Wildarten.

**The future of the European carrot: a programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild species. (EU-Project GenRes CT99-105)**

Partner 3: Nothnagel, Th.; Frese, L.

Zielsetzung/Aim:

Das GenRes CT99-105 Projekt ist Teil des EU-Aktionsprogramms zu pflanzengenetischen Ressourcen entsprechend der EU-Verordnung 1467/94. Ziel des Projektes ist die weitgehende Erfassung der in europäischen Genbanken vorhandenen genetischen Ressourcen der Gattung *Daucus*, deren Evaluierung hinsichtlich Resistenz- und Qualitätsparametern und die Erarbeitung einer core collec-

tion. [http://www.hri.ac.uk/gru/gen\\_res/genres.htm](http://www.hri.ac.uk/gru/gen_res/genres.htm).

Die BAZ ist maßgeblich an der Charakterisierung von Genbankmaterial, der Vermehrung und Konservierung sowie der Resistenzevaluierung gegen *Alternaria dauci* beteiligt.

The GenRes-CT99-105 project is part of the EU Council Regulation programme 1467/94 on the conservation, characterisation, collection and utilisation of plant genetic resources in agriculture. The extensive documentation and characterisation of the European germplasm collections of the genus *Daucus*, their evaluation for resistance and quality as well as the development of a *core collection* is the aim of the project.

[http://www.hri.ac.uk/gru/gen\\_res/genres.htm](http://www.hri.ac.uk/gru/gen_res/genres.htm).

The BAZ is substantially involved in the project with characterisation, regeneration and conservation work as well as in the evaluation of accessions for *Alternaria dauci* resistance.

Ergebnisse:

#### Erhaltung, Regeneration und Charakterisierung (Frese, L., BAZ-Genbank)

Für Evaluierungs- und Charakterisierungsarbeiten steht nicht in allen Fällen genügend Saatgut von hinreichender Qualität zur Verfügung. Die Genbank erzeugte im Jahr 2001 Saatgut aus 5 Herkünften und kultivierte Pflanzen von 20 weiteren Herkünften für die Saatproduktion im Jahr 2002. Zweiundzwanzig Herkünfte sowie 3 Standard-sorten wurden im Freiland zur Charakterisierung angebaut. Bei zweijährigem Material wurden 18 Merkmale beschrieben. Abb. 1 zeigt stellvertretend das Merkmal Wurzelgewicht, dass in Abhängigkeit vom Sortentyp zwischen 64 und 344 g variierte. Aus den vorhandenen Beständen stellte die Genbank der BAZ intern 28 und extern anderen Projektpartnern 20 Muster für Evaluierungsarbeiten zur Verfügung.

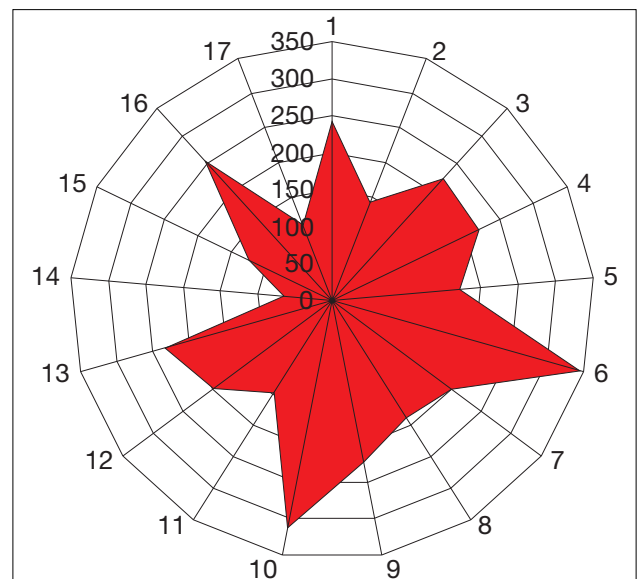


Abb. 1: Variation des Wurzelgewichts (g) in einer Gruppe von 14 Herkünften und 3 Standardsorten

Fig. 1: Variation of root weight (g) in a set of 14 genebank accessions and 3 standard varieties

## Evaluierung von *Daucus* Akzessionen auf Resistenz gegen *Alternaria dauci* (Nothnagel, Th; Scholze, P., BAZ-GK)

Schwerpunkt der diesjährigen Arbeiten war die Evaluierung von 100 Akzessionen auf Resistenz gegen *Alternaria dauci*. Das Saatgut wurde durch die Projektpartner des HRI in Wellesbourne (48 Akzessionen) und der Nordic Gene Bank (24 Akzessionen) zur Verfügung gestellt. 28 Akzessionen stammten aus der BAZ-Genbank Braunschweig. Die Evaluierung erfolgte in einem vierfach wiederholten Labortest und einem Semi-Feldtest.

### Vermehrung der *Alternaria dauci* Inokula

Im Vorjahr wurde mit dem Projektpartner im IHN Angers (F), wo ebenfalls Resistenzevaluierungen gegenüber *Alternaria dauci* durchgeführt werden, die gemeinsame Verwendung von einem Inokula-Mix aus I189 (Angers) und I89001 (BBA/BAZ) vereinbart. Im Zeitraum von Januar bis Mai wurden beide Inokula unter In-vitro-Bedingungen vermehrt. Von I89001 konnten 20,2 l und von I189 12,3 l auf  $10^5$  Konidien/ml eingestelltes Inokulum hergestellt werden.

### Labortest

Der Labortest erfolgte in vier Wiederholungen über das Jahr verteilt, wobei in jeder Wiederholung 10 Pflanzen pro Akzession getestet wurden (zusammen 40 Pfl./Akzession). Die Pflanzen wurden im Gewächshaus kultiviert.



Abb. 2: Blattsegmente im Labortest vor der Inokulation (links) und 9 Tage nach der Inokulation (rechts)

Fig. 2: Leaf segments on laboratory test before inoculation (left) and nine days after inoculation (right)

Nach  $100 \pm 5$  Tagen wurden Blattsegmente abgeschnitten und unter Laborbedingungen inokuliert. Die Befallsausprägung wurde nach 7 und 9 Tagen bonitiert. Nach 14 Tagen wurde der Test wiederholt. Aus beiden Tests wurde ein Befallsmittel gebildet. Abb. 2 zeigt Blattsegmente vor der Inokulation (links) und 9 Tage nach der Inokulation (rechts). In den Labortests konnten keine Pflanzen ohne Befallssymptome selektiert werden. Bei Betrachtung der Akzessionsmittel sind lediglich zwei Akzessionen als 'tolerant' (Boniturwert 2,1-4,0) und 27 Akzessionen als 'moderat tolerant' (Boniturwert 4,1-6,0) einzustufen (Abb. 3).

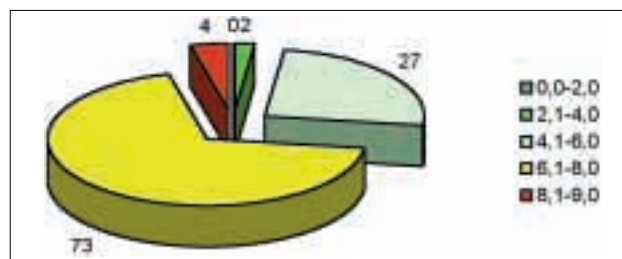


Abb. 3: Evaluierung von *Daucus* Akzessionen im Labortest 2001

Fig. 3: Evaluation of *Daucus* accessions with the laboratory test 2001

### Semi-Feldtest

Der Semi-Feldtest wurde in einem Foliengewächshaus durchgeführt. Zwei Wiederholungen wurden je Akzession ausgesät. Nach 75 Tagen wurden die Pflanzen mit einer Gartenspritze inokuliert. Mittels computergestütztem Berechnungssystem wurden weitgehend optimale Inkubationsbedingungen realisiert. 25 Tage nach der Inokulation wurden alle Pflanzen manuell geerntet und nach folgender Skala bonitiert: 1-resistent, 3-tolerant, 5-moderat tolerant, 7-anfällig, 9-stark anfällig. Abb. 4 zeigt die Variation in der Befallsexpression der Akzessionen 99/01 (tolerant), 79/01 (moderat tolerant) und 76/01 (anfällig). Es wurden nur sehr wenige symptomfreie Einzelpflanzen gefunden. Generell konnte eine sehr starke Variation innerhalb und zwischen den Akzessionen festgestellt werden. Bei Betrachtung der Akzessionsmittel lassen sich 11 Akzessionen als 'tolerant' (2,1-4,0) und 69 Akzessionen als 'moderat tolerant' (4,1-6,0) einstufen (Abb. 5).

Detaillierte epidemiologische Auswertungen, Vergleiche zwischen Labor- und Semi-Feldtest und statistische Verrechnungen stehen noch aus. Für 2002 ist die Evaluierung weiterer 100 Akzessionen vorgesehen.

### Abstract:

The BAZ Gene Bank produced seeds on 5 accessions and seed parent plants of another 20 accessions. Eighteen plant traits were scored or measured in the field to characterise 22 accessions. In total 48 accessions were provided to project partners for evaluation. The work programme focused on the evaluation of 100 accessions in parallel laboratory and semi-field test in 2001. A large variation of disease severity was observed between and partially within the accessions in both tests. Accessions showing complete resistance were not observed. While only two accessions

were classified as 'tolerant' and 27 as 'moderate tolerant' in the laboratory test, we were able to detect in the semi-field test 11 'tolerant' and 69 'moderate tolerant' accessions. Detailed epidemiological and statistical analyses are in progress. Further 100 accessions will be evaluated in 2002.

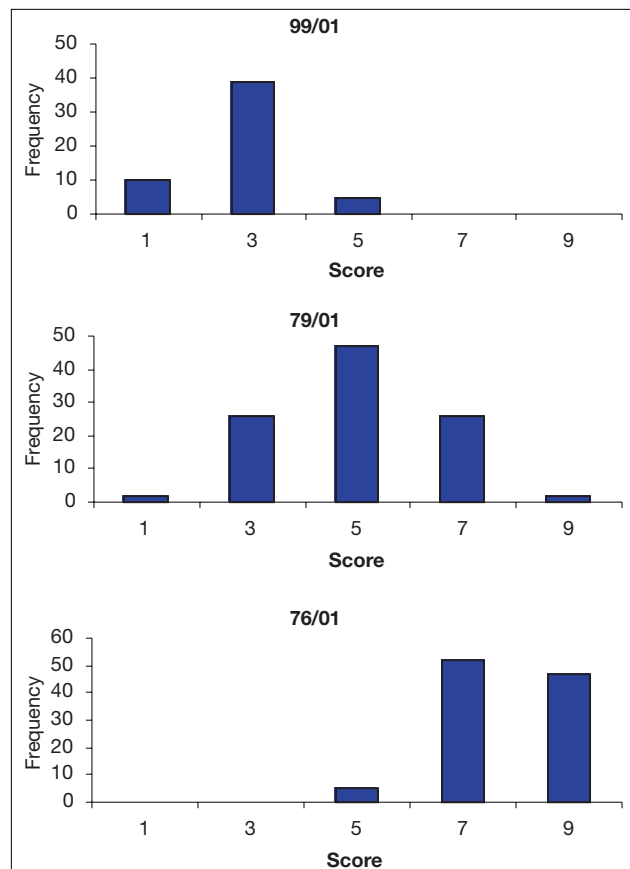


Abb. 4: Befallsausprägung bei den Akzessionen 99/01, 79/01 und 76/01 im Semi-Feldtest

Fig. 4: Disease expression of the accessions 99/01, 79/01 and 76/01 in the semi-field test

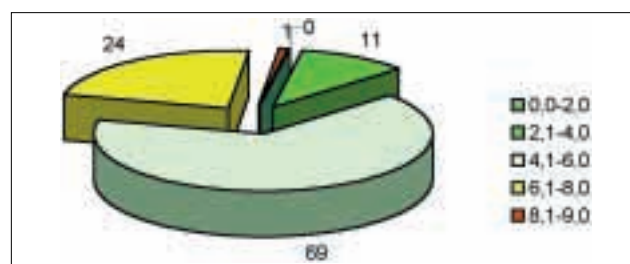


Abb. 5: Ergebnisse der Resistenzevaluierung gegen *Alternaria dauci* im Semi-Feldtest 2001

Fig. 5: Results of resistance evaluation against *Alternaria dauci* in the semi-field test 2001

In Zusammenarbeit mit: Astley, D. (Projektkoordinator) and Smith, B., HRI Wellesbourne (UK); Green, N., SASA Edinburg (UK); Börner, A., IPK Gatersleben (D); Briard, M., INH Angers (F); Samaras, S., NAGREF- Greek Gene Bank Thessaloniki (Gr); D'Antuono, P., Università di Bologna (I); Poulsen, G., Nordisk Gene Bank (S) (BAZ-1152, GenRes-CT99-105)

### 1.5. Evaluierung von Petersilienherkünften (*Petroselinum crispum*) auf Resistenz gegenüber *Septoria petroselini* und ihr Bezug zu Bestandteilen ätherischer Petersilienöle

**Evaluation of parsley (*Petroselinum crispum*) accessions for resistance to *Septoria petroselini* with reference to components of the essential oils**  
Marthe, F.; Scholze, P.; Krüger, K.

#### Zielstellung/Aim:

In die Suche nach Trägern von Resistenz gegen *Septoria petroselini* in Petersilie (*Petroselinum crispum*) wurden weitere Herkünfte einbezogen. Die Ergebnisse der Klimakammertests wurden im Freilandtest überprüft. Für Blätter und Samen von Pflanzen aus Resistenztests werden Menge und Zusammensetzung des ätherischen Öls bestimmt.

The search for sources of resistance to *Septoria petroselini* in parsley (*Petroselinum crispum*) was continued. Results of climate chamber tests were checked in experimental field tests. Amount and composition of essential oils will be determined for leaves and seeds.

#### Ergebnisse:

Im Versuchsjahr 2001 wurden 22 Sorten bzw. Herkünfte von Petersilie (*Petroselinum crispum*) in einem Blockversuch mit zwei Wiederholungen angebaut. Zu drei Terminen wurde der Befall durch *Septoria petroselini* bonitiert. Nach den ersten beiden Bonituren wurde die Petersilie geschnitten. Das getrocknete Schnittgut wurde hinsichtlich Menge und Zusammensetzung des ätherischen Öles analysiert. Für ausgewählte Bestandteile des ätherischen Öles wurden die relativen Anteile chiraler, optisch aktiver Formen bestimmt, da häufig differenzierte biologische Wirkungen durch dieses Phänomen begründet sind.

Der Witterungsverlauf im Versuchsjahr führte zu einer stark verzögerten Entwicklung der Bestände im Frühjahr. Der Befall durch *S. petroselini* setzte ungewöhnlich spät ein und war in der 32. Kalenderwoche noch kaum nachweisbar. Der Befallsdruck verstärkte sich in den folgenden Wochen so weit, dass die Anfälligkeitskontrollen als deutlich befallen eingestuft wurden. Jedoch war er zu gering, um zwischen den zu prüfenden Herkünften mit geringerer Anfälligkeit zu differenzieren.

#### Abstract:

In the experimental year 2001 22 varieties and accessions were tested. Natural infection pressure was only strong enough to find susceptible standards clearly infected but to low to differentiate between material with lower susceptibility. Harvested leave probes were analysed for amount and composition of the essential oil (see also Variability of enantiomers occurring in the essential oil of selected medicinal and spice plants, Krüger and Marthe, this Volume).

In Zusammenarbeit mit: Kießling, D., Landessortenversuchswesen Sachsen-Anhalt, Quedlinburg

## 2. Markergestützte Selektion Marker-assisted selection

### 2.1. Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz gegen den Nematoden *Heterodera schachtii* aus *Raphanus*

#### Development of molecular markers for resistance to the nematode *Heterodera schachtii* from *Raphanus*

Peterka, H.; Budahn, H.; Schrader, O.; Ahmed, M.A.; Schütze, W.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Gattung *Raphanus* stellt ein wichtiges Genreservoir für Resistenz- und Qualitätsmerkmale bei Brassicaceen dar. So ist die Resistenz von Ölrettich gegen den Rübenzystennematoden (*Heterodera schachtii*) für Raps gewünscht, um in Fruchtfolgen mit hohem Zuckerrübenanteil die Populationsdichte des Schädling im Boden zu reduzieren. In einem Modellversuch sollen molekulare Marker anhand von *Raphanobrassica*-Bastardpopulationen entwickelt und zur Selektion auf intergenerische Introgression der Resistenz eingesetzt werden.

The genus *Raphanus* represents an important source of resistance and quality traits for *Brassica* crops. Resistance to the beet cyst nematode (*Heterodera schachtii*) from oil radish is desired for rape to reduce the pathogen population density in crop rotations with high sugar beet percentage. In a model experiment, molecular markers should be developed for *Raphanobrassica* hybrid populations and used to select intergeneric introgression of resistance.

#### Ergebnisse:

Die im Vorjahr entwickelten 9 monosomen Rettich-Raps-Additionsformen ( $2n = 4x = 38+1$ ) der Sorte 'Madora', die jeweils eines der Chromosomen A bis I von *Raphanus sativus* zusätzlich zu den Rapsgenomen enthalten, wurden geselbstet, um Nachkommenschaften mit disomen Formen ( $2n = 4x = 38+2$ ) zu erzeugen. Disome Formen besitzen jeweils 2 identische addierte Fremdchromosomen. Die Unterscheidung der 3 verschiedenen Pflanzentypen mit 0, 1 oder 2 Rettich-Chromosomen erfolgte auf molekularem Wege durch Anwendung einer modifizierten RAPD-Analyse mit chromosomenspezifischen molekularen Markern und durch quantitative Auswertung mit einem automatischen Sequencer. Die auf diese Weise vorselektierten disomen Additionen wurden zytologisch durch Fluoreszenz-*in situ*-Hybridisierung (FISH) mit einer Rettich-spezifischen DNA-Sonde überprüft (Abb. 1). Es konnte ein vollständiger Satz disomer Additionen für alle 9 Rettich-Chromosomen aufgestellt werden (Tab. 1).

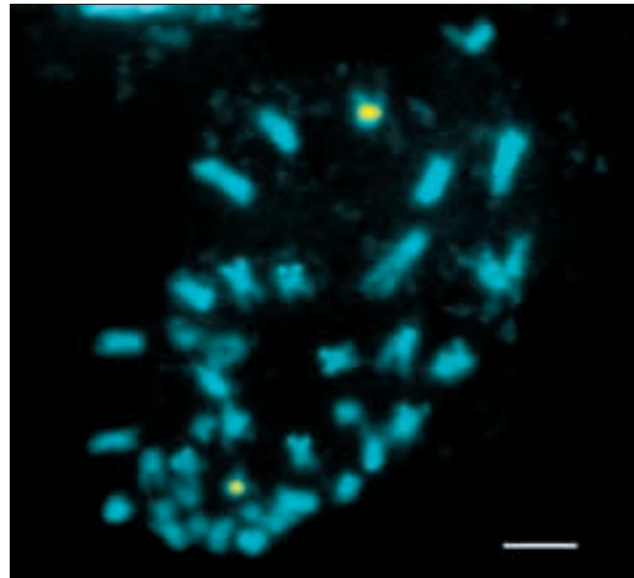


Abb. 1: Disome Addition ( $2n = 38+2$ ) des die Nematodenresistenz übertragenden Rettich-Chromosoms D (gelb) an Raps

Fig. 1: Disomic addition ( $2n = 38+2$ ) of the radish chromosome D (yellow) carrying nematode resistance to rape

Tab. 1: Ergebnisse der molekularen und zytologischen Selektion der 9 disomen Rettich-Raps-Chromosomen-Additionen in Selbstungsnachkommenschaften von Monosomen

Table 1: Results of molecular and cytological selection for the 9 disomic radish-rape chromosome additions in selfing progenies of monosomics

Selbstungsnachkommenschaft der monosomen Addition $2n=4x=38+1$	Pflanzen, untersucht	Pflanzen, disom $2n=4x=38+2$	% disom
A	39	7	17.9
B	278	2	0.7
C	35	7	20.0
D	524	31	5.9
E	36	1	2.8
F	208	4	1.9
G	39	2	5.1
H	36	2	5.6
I	35	1	2.9

Die Häufigkeit disomer Formen variierte in Abhängigkeit vom betrachteten Chromosomentyp von 0,7 bis 20,0 %. Dies weist auf sehr unterschiedliche, meist geringe Transmissionsraten hin, die durch die Univalenz in der Meiose bedingt sind. Dagegen kann erwartet werden, dass Disomie eine stabile und maximale Transmission des Fremdchromosoms bewirkt. Um dies zu bestätigen, wurden die disomen Pflanzen wiederum geselbstet. Bei ausreichender Stabilität können disome Rettich-Raps-Additionen mit gewünschten Eigenschaften, z.B. der Resistenz gegen den



Rüben nematoden, übertragen durch Rettich-Chromosom D, als neues aussichtsreiches Zuchtmaterial verwendet werden.

In einem Zusatzprogramm wurden für 7 Rapszuchtlinien disome D-Chromosom-Additionen hergestellt. Zugleich erfolgte eine Analyse von Glucosinolatgehalt und -spektrum an Wurzel, Blatt und Samen von Spaltungspflanzen mit bzw. ohne Rettich-Chromosom D, um die Wirkung des addierten Chromosoms auf die Glucosinolatproduktion zu bestimmen. Nach Samenvermehrung der disomen Zuchtlinien können sie unter züchterischen Bedingungen umfassend beurteilt werden.

Neben der Addition vollständiger Chromosomen als Weg für die Entwicklung eines stabil nematodenresistenten Rapsmaterials wird als weitere Methode die Auslösung homologer Rekombination zwischen dem D-Chromosom von Rettich und Rapschromosomen zur Resistenzübertragung untersucht. Für die markergestützte Selektion entsprechender Rekombinationsereignisse sind Marker erforderlich, die nicht nur für das kritische Chromosom spezifisch sind, sondern zusätzlich auch eng mit dem(n) Resistenzfaktor(en) gekoppelt sind. Deshalb wurde begonnen, die bereits vorhandenen chromosomenspezifischen Marker zusammen mit neuen Markern im *Raphanus*-Genom zu kartieren. Es wurde für Rettich eine F<sub>2</sub>-Kartierungspopulation aus der Kreuzung 'Pegletta' (nematodenresistent) x 'Siletta nova' (anfällig) mit 245 Pflanzen hergestellt und auf Resistenz gegen den Rübenzystennematoden getestet. Das Mittel des resistenten Elters war 4,1 Zysten, das des anfälligen Elters 135,5 und das Mittel der F<sub>1</sub> 15,1 Zysten. Der Variationsbereich des Resistenzmerkmals in F<sub>2</sub> betrug 0 bis 217 Zysten je Pflanze. Bisher wurden 398 AFLP-Marker in die Kartierung einbezogen. Die Kartenlänge beträgt 1203 cM, der mittlere Abstand zwischen zwei Markern 3,2 cM. Nach Abschluss der Markerkartierung, in die neben AFLP-Marker auch RAPD-Marker einbezogen werden, erfolgt die QTL-Kartierung der Nematodenresistenz.

Abstract:

A complete set of all nine disomic radish-rapeseed chromosome additions ( $4x = 2n = 38+2$ ) was developed from the selfing progenies of the monosomic additions using quantitative expression of molecular markers with specificity for single radish chromosomes as well as radish-specific cytological markers. The transmission frequencies of the different radish chromosomes as meiotic univalents were analysed. The radish chromosome D conferring resistance to the beet cyst nematode (*Heterodera schachtii*) was transferred in disomic stage to several rape breeding lines. A F<sub>2</sub> mapping population in radish was developed to localize the resistance gene(s) together with AFLP and RAPD markers.

In Zusammenarbeit mit: P. H. Petersen Saatzeit, Lunds-gaard  
(BAZ-1343)

## 2.2. Entwicklung einer kombinierten Kopplungskarte für die Möhre *Daucus carota sativus*

### Development of a combined linkage map of carrot *Daucus carota sativus*

Nothnagel, Th.; Straka, P.

Zielsetzung/Aim:

Im Rahmen des abgeschlossenen, BLE geförderten Projektes 95BF011 / BAZ-1329 wurden zwei vorläufige Kopplungskarten der Möhre, basierend auf zwei F<sub>2</sub>-Spaltungspopulationen (MK8, MK9), erarbeitet. Ziel des Anschlussprojektes ist:

1. die Integration weiterer im Rahmen von Projekt BAZ-1233 erarbeiteter molekularer Marker in die beiden Kopplungskarten
2. die gemeinsame Kartierung der Marker beider Spaltungspopulationen und Entwicklung einer kombinierten Kopplungskarte mit dem Programm JOINMAP
3. Erzeugung und genetische Analyse weiterer Spaltungsnachkommenschaften aus spezifischen Kombinationen im *Daucus carota*-Komplex als Basis für Introgressionen und die Integration weiterer Merkmale in die Kopplungskarte

Two preliminary linkage maps of carrot were developed during the completed project BAZ-1329 based on two F<sub>2</sub> populations (MK8; MK9). Aim of the following project is:

1. the integration of further molecular markers of the project BAZ-1233 in the both linkage maps
2. integrated mapping of all markers and development of a combined linkage map of carrot by means of the JOINMAP programme
3. development and genetic analysis of crossing populations in the *Daucus carota*-complex as basis for introgressions and mapping of further traits

Ergebnisse:

In einem ersten Schritt wurden die beiden *Daucus*-Kopplungskarten mit dem neuen Programm überarbeitet. Im Vergleich mit den in MAPMAKER 3.0 (Landers et al. 1987) erstellten Kopplungskarten ergaben sich einige Differenzen. Eng gekoppelte, übereinstimmende Markercluster wurde jedoch mit beiden Programmen gefunden.

Darüber hinaus wurden im Berichtsjahr für die Population MK8 34 und für die Population MK9 38 neue AFLP-Marker entwickelt und in die Kartierung einbezogen (BAZ-1233).

Die regenerierte Kopplungskarte der MK8-Population enthält aktuell 84 Marker, kartiert auf 12 Kopplungsgruppen (KG). Die Marker konnten auf 8 Hauptgruppen mit 4 bis 30 Markern sowie 4 Minorgruppen mit je 2 Markern platziert werden. Die Kartenlänge beträgt 535 cM bei einem mittleren Markerabstand von 7,1 cM. Die aktuelle Kopplungskarte für die MK9-Population enthält 10 KG. Die 163 kartierten Marker konnten auf 8 Majorgruppen mit 11 bis 40 Markern sowie zwei Minorgruppen mit je 2 Markern platziert werden. Die Kartenlänge beträgt 735 cM, der mittlere Markerabstand 4,5 cM.

Die Entwicklung von F<sub>2</sub>-Spaltungspopulationen für die genetische Analyse von interessanten Merkmalen wurde

fortgesetzt. Für die im letzten Jahr selektierte Chlorophyllmutante konnte ein monogen-rezessiver Erbgang nachgewiesen werden. Von allen F<sub>2</sub>-Pflanzen (n=208) wurden Blattproben eingelagert und DNA isoliert. Mittels AFLP-gestützter BSA's (*bulked segregant analysis*) wurden bisher 53 Primerkombinationen auf Vorliegen von Polymorphismen getestet. Dabei konnten 14 Markerkandidaten gesichtet werden. Derzeit werden die Markerkandidaten in ausgewählten F<sub>2</sub>-Populationen geprüft.

**Abstract:**

Main point of work was the reconstruction of the both preliminary carrot linkage maps with the mapping programme JOINMAP. The reconstructed MK8 map contains 84 markers to 12 linkage groups and an average marker distance of 7,1 cM. The re-constructed MK9 map contains 163 markers in 10 linkage groups and an average marker distance of 4,5 cM. The selection of anchor loci for a combined mapping is in progress.

F<sub>2</sub>-segregation analyses of a chlorophyll mutant showed a monogenic recessive inheritance. 53 AFLP primer combinations were tested in bulked segregant analyses and 14 marker candidates detected so far. Linkage analyses within the F<sub>2</sub>-populations are in progress.

(BAZ-1151, BAZ-1233)

**2.3. Morphologische Charakterisierung und genetische sowie molekulare Analyse der epikutikulären Wachsschicht der Laubblätter von *Daucus* spp.**  
**Morphological characterization and the genetic as well as molecular analysis of the epicuticular wax layer on the leaves of *Daucus* spp.**

Nothnagel, Th.; Straka, P.; Ehrig, F.

**Zielsetzung/Aim:**

Epikutikuläre Wachsschichten sind für viele Pflanzenarten beschrieben und vielfach als natürliche Resistenzbarrieren gegen verschiedene Pflanzenpathogene diskutiert. Darüber hinaus haben Kutikula und epikutikuläre Wachsschicht eine zentrale Bedeutung bei Wasserregulierung und Trockenstress sowie beim Strahlungsschutz. Nach empirischen Phänotypvergleichen liegt in der Gattung *Daucus* eine breite Variation hinsichtlich Epidermisstruktur und Wachsschicht vor, allerdings fehlen systematische Untersuchungen. Ziel des Projektes ist die morphologische Cha-

rakterisierung der Wachsschicht verschiedener *Daucus* spp. als mögliche Resistenzquelle. In Spaltungsanalysen an bereits vorliegenden Kreuzungspopulationen sollen Vererbungsmuster der Epidermisstruktur und Wachsschicht aufgeklärt und molekulare Marker entwickelt werden.

Leaf epicuticular wax layers are described for different plant species and often discussed as natural barriers of resistance against different pathogens. Moreover cuticle and wax layer play an important role in protecting against water loss and UV-B radiation. In the genus *Daucus* a broad variance for epicuticular wax layers exist but systematic investigations are unknown.

The project aims to the morphological characterization of the wax layers of different *Daucus* spp. as potential sources for resistance. Crossing populations developed earlier will be used for the analysis of the genetic background and the development of molecular markers.

**Ergebnisse:**

Für die systematische Untersuchung der 'Wachsschicht' (vorläufige Merkmalsbezeichnung) sollten zunächst blattmorphologische und blatthistologische Untersuchungen an zehn ausgewählten *Daucus* spp. durchgeführt werden. Linienmaterial der Subspezies *Daucus carota sativus* (Kulturmoehre), *D. c. azoricus*, *D. capillifolius*, *D. c. commutatus*, *D. c. gadecaei*, *D. c. gummifer*, *D. c. maritimus*, *D. c. maximus*, *D. c. halophilus* und *D. c. hispidifolius* wurde unter Gewächshausbedingungen kultiviert. Laubblätter adulter Pflanzen wurden morphologisch charakterisiert und anschließend in Historesin eingebettet. Mittels Mikrotom RM2155 wurden 3 µm starke histologische Blattquerschnitte hergestellt und mit 0,1 % Toulidinblau gefärbt. Während der mikroskopischen Analyse wurden mittels Digitalkamera DP11 (Olympus) charakteristische Ausschnitte als Bilddatenbank dokumentiert. Die geeichten Digitalaufnahmen wurden vermessen und ausgewertet. Bisher konnten von je einer Pflanze der Kollektion Ausschnitte von 10 Schnittebenen ausgewertet werden. Dabei zeigte sich eine sehr starke genotypabhängige Variation hinsichtlich der in Tabelle 1 dargestellten Parameter. Je Pflanze und Merkmal liegen 100 Messwerte vor. Die Variation der erfassten Mittelwerte für die zehn Linien ist in Tabelle 1 aufgeführt. Die Unterschiede zwischen den Pflanzenmittelwerten sind z. T. signifikant. Die Ergebnisse müssen allerdings noch an einem breiteren Material verifiziert werden.

Tab. 1: Untersuchte Merkmale an histologischen Blattquerschnitten und Variation der Pflanzenmittelwerte der *Daucus* spp.  
 Table 1: Investigated traits of histological leaf sections and variation between ten *Daucus* spp.

Merkmale	Einheit	Variation der Mittelwerte (10 <i>Daucus</i> spp.)
Dicke des Blattquerschnitts	µm	146 - 307
Vertikale Stärke der adaxialen Epidermis	µm	28 - 60
Vertikale Stärke der abaxialen Epidermis	µm	6 - 25
Zellschichten der adaxialen Epidermis	n	1 - 3
Zellschichten Palisadenparenchym	n	3 - 5
Zellschichten Schwammparenchym	n	3 - 6
Dicke der Kutikula	µm	2,6 - 5,8

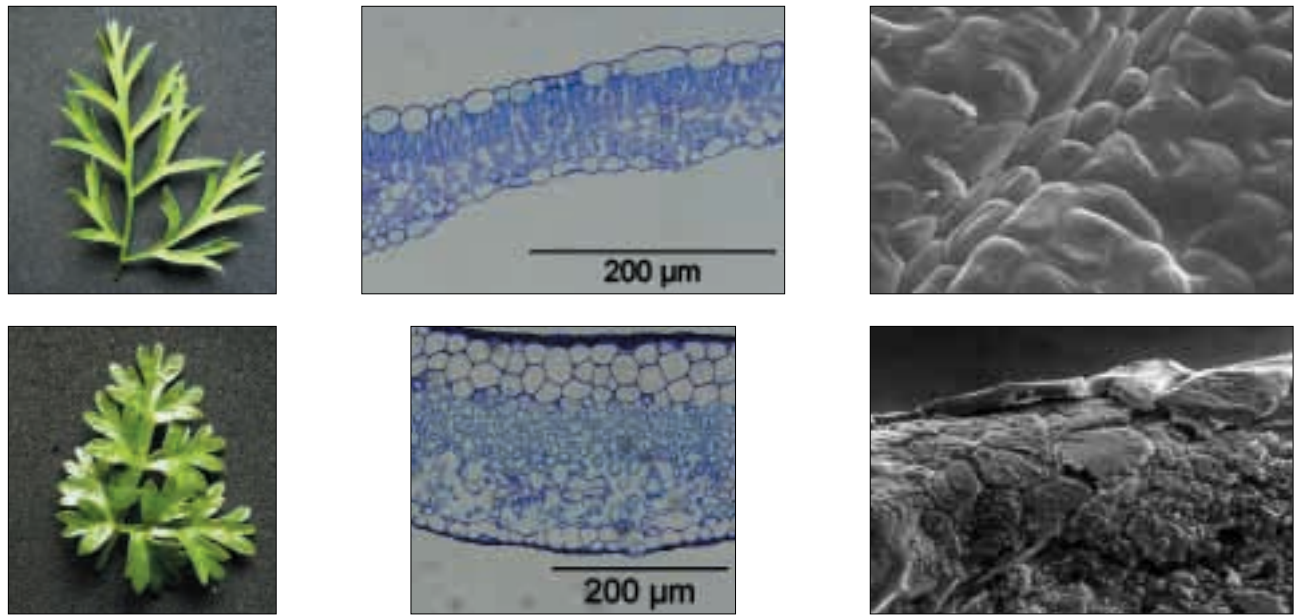


Abb. 1: Vergleichende Darstellung von *Daucus carota sativus* (oben) und *Daucus carota commutatus* (unten). L - Blattsegmentanatomie, M - histologische Blattquerschnitte, R - elektronenmikroskopische Aufnahmen der Blattoberfläche.  
 Fig. 1: Comparison between *Daucus carota sativus* (top) and *Daucus carota commutatus* (bottom). L - Anatomy of leaf segments, M - Histological leaf sections, R - Scanning electron microscope analysis of leaf surface

Rasterelektronenmikroskopische Befunde der Blattoberflächen ließen ebenfalls eine starke Variation zwischen den Subspezies erkennen. Bei der untersuchten Kulturmöhre *D. c. sativus* ist die epikutikuläre Wachsschicht so dünn, dass die Zellgrenzen der Epidermis klar erkennbar sind. Dagegen ist bei *D. c. commutatus* die Wachsschicht bedeutend dicker und zum Teil schollig aufgebrochen. Zellgrenzen der Epidermis sind nicht erkennbar (Abb. 1). In Folgeuntersuchungen soll geklärt werden, inwieweit die Blattanatomie und insbesondere die Kutikula eine Resistenzbarriere gegen *Alternaria dauci* darstellen kann. Für die genetische Analyse der Vererbung der 'Wachsschicht' wurden bereits erstellte F<sub>2</sub>-Populationen der Kreuzung *D. c. sativus* x *D. c. commutatus* ausgewählt. Beide Eltern unterscheiden sich blattanatomisch stark (Abb. 1), darüber hinaus zeigte *D. c. commutatus* wiederholt eine sehr gute Resistenzreaktion nach Inokulation mit *Alternaria dauci*. Das Material wird derzeit evaluiert. Parallel wurde an diesem Material mit der Analyse molekularer Marker (AFLP, RAPD) begonnen.

#### Abstract:

Ten subspecies of *Daucus* were investigated for leaf anatomy and histological leaf structure as well as by electron microscop. In frame of the histological analyses a digital image data base was developed and leaf structures were measured. A large variation between the subspecies were observed. The results will be verified on a broader material. SEM observations correlated with the histological results. Studies of relationships between leaf structure and resistance against *Alternaria dauci* are in progress.

F<sub>2</sub>-populations between different subspecies will be used for genetic analyses of leaf structures and the development of molecular markers.

(BAZ-1157)

### 3. Entwicklung neuer Hybridsysteme Development of new hybrid systems

#### 3.1. Entwicklung von alloplasmatischem Porree Development of alloplasmic leek

Peterka, H.; Budahn, H.; Schrader, O.

##### Zielsetzung/Aim:

Hybridsorten bei Gemüse zeigen Heterosis, weisen eine hohe Uniformität auf und erleichtern die Züchtung auf Krankheitsresistenz. Um diese Vorteile für Porree nutzen zu können, soll ein System der cytoplasmatisch-männlichen Sterilität (CMS) entwickelt werden, mit dem auf effektive Weise Hybridsaatgut erzeugt werden kann. Dafür ist ein Cytoplasma erforderlich, das über eine Interaktion mit Kerngenen Pollensterilität auslöst. Ein solches Cytoplasma ist bei Porree nicht vorhanden. In einem Artkreuzungsprogramm bei *Allium* gelang es, Zwiebel-Porree-Bastarde zu erzeugen. Aus ihnen sollen Porreeformen mit einem fremden Cytoplasma entwickelt werden.

Hybrid vegetable varieties show heterosis, uniformity and are easier to breed for pest resistance. To take use of these advantages in leek breeding, a system of cytoplasmic male sterility should be developed for an effective hybrid seed production. This demands a cytoplasm inducing pollen sterility by an interaction with nuclear genes. Such cytoplasm does not exist in leek. Within a program of interspecific hybridization in *Allium*, onion-leek-hybrids were produced. They will be used for developing leek genotypes with an alien cytoplasm.

##### Ergebnisse:

Die Saatgutproduktion bei Porree über eine Bestäubunglenkung mit Hilfe eines Hybridsystems bietet Vorteile für

eine effektive Resistenzzüchtung sowie für die verbesserte Qualität des Endproduktes. Unerwünschte Selbstungen und damit Qualitätsbeeinträchtigungen auf Grund der starken Inzuchttempfindlichkeit von Porree könnten dadurch ausgeschlossen werden. Zur Erhöhung der genetischen Variabilität des aus einer Zwiebel-Porree-Bastardierung entwickelten alloplasmatischen Porreematerials wurden durch Kreuzung neue Porreegenotypen einbezogen, um den Einfluss des genetischen Hintergrundes auf Wuchs- und Fertilitätseigenschaften analysieren zu können. Alloplasmatische Pflanzen, die neben dem Fremdzytoplasma ein bis vier addierte Zwiebelchromosomen besaßen, wurden mit Pollen der Sorten 'Eskimo', 'Atlanta', 'Arena', 'Ringo', 'Alaska' unter Einsatz von Insekten bestäubt. Anhand des Samenansatzes wurde erstmals die weibliche Fertilität von Porreeformen mit Fremdplasma geprüft. Die Höhe des Samenansatzes war mit der Anzahl addierter Chromosomen negativ korreliert. Pflanzen mit 4 Additionschromosomen setzten nicht mehr als 10 Samen je Dolde an, während alloplasmatischer Porree mit einem addierten Zwiebelchromosom (Chromosom F) unter Gewächshausbedingungen bis zu mehreren Hundert Samen je Dolde ergab. Die erzeugten Samen zeigten nach Aussaat in Erde ein normales Keimungsverhalten. Die Pflanzen wurden molekular und zytologisch auf Verbleib von Zwiebelchromosomen charakterisiert. Es wurden Isochromosomen und Veränderungen zu acrozentrischen Chromosomen beobachtet, was auf meiotische Unregelmäßigkeiten in den Additionspflanzen hinweist. Abweichend hohe Chromosomenzahlen bei einigen Nachkommen zeigten das Entstehen von hexaploiden Porreepflanzen durch Beteiligung unreduzierter Gameten an (Abb. 1). Es zeigte sich, dass Wüchsigkeit und vegetative Merkmale durch die Anwesenheit einzelner Zwiebelchromosomen in alloplasmatischem Porree positiv beeinflusst werden. Daraus ergibt sich die Möglichkeit, durch Introgression die Kern-Cytoplasma-Interaktion in alloplasmatischem Porree zu beeinflussen.



Abb. 1: Mitose-Zellkern einer alloplasmatischen hexaploiden Porreepflanze mit 48 Chromosomen und zwei kurzen Isochromosomen (\*)

Fig. 1: Mitotic nucleus of an alloplasmic hexaploid leek plant with 48 chromosomes and two short isochromosomes (\*)

Abstract:

Alloplasmic leeks with one to four added onion chromo-

somes were pollinated with pollen of different leek varieties to broaden the genetic basis of the material. The amount of seed set was negatively correlated with number of added onion chromosomes in the mother plant. The progenies were produced without embryo rescue and germinated normally in soil. The minimum chromosome number of the progenies was 32. In some plants acrocentric chromosomes and isochromosomes as well as genome duplication were observed.

(BAZ-1342)

#### 4. Computergestützte und molekulare Chromosomenanalyse Computer-aided and molecular analysis

##### 4.1. Karyotypanalyse somaklonaler Varianten eines Bastardes von *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* Karyotype analysis of somaclonal variants of a *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* hybrid

Schrader, O.; Budahn, H.; Ahne, R.; Peterka, H.

Zielsetzung/Aim:

In vegetativen Nachkommenschaften einer Bastardpflanze (Nr. 84/1) von *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* zeigten molekulare Marker erhebliche Variabilität zwischen den Einzelpflanzen. Karyotypische Veränderungen (Deletionen und Translokationen) waren ebenfalls sichtbar. Ziel des Projektes ist es, mit Hilfe molekular-zytogenetischer Methoden diese somaklonal bedingten Veränderungen in Karyotypanalysen zu untersuchen und chromosomenspezifische Zuordnungen zu molekularen Markern herzustellen.

Molecular markers showed a high variability in vegetatively propagated descendants of a hybrid plant (No. 84/1) of *Allium cepa* x *A. ampeloprasum*. Karyotypic variations (deletions and translocations) were also visible. The aim of the project is the molecular-cytogenetical investigation of this somaclonal variability by karyotype analysis and the chromosome-specific classifications to the molecular markers.

Ergebnisse:

Klonnachkommenschaften der im Karyotyp hoch variablen und instabilen Sublinie 84/1d wurden hinsichtlich ihrer Stabilität mit Hilfe multipler Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierungen und genomischer In-situ-Hybridisierung (DNA-Proben spezifisch für eine Zwiebel-Satellitensequenz, 5S- und 25S-rDNA Gene und genomische DNA von *A. cepa*) untersucht. In dieser zweiten Klongeneration nach der durch Kallus induzierten Linienbildung der Bastardpflanze 84/1 erwies sich eine von 4 untersuchten Sublinien erneut als karyotypisch instabil (vergl. Abb. 1 und 2). Die in der Linie 84/1d\_8\_2\_4 beobachtete Translokation zwischen dem Zwiebel-Chromosom 2C und einem unbekanntem Porree-Chromosom (Abb. 2) war in dieser Klongeneration neu entstanden, da deren Mutterlinie 84/1d\_8\_2 (Abb. 1) noch keine Translokation aufwies. Dieses zeigt, dass die genetischen Faktoren, die diese

Instabilität auslösen, auch in späteren Klonegenerationen noch wirksam sind und somit die Sublinie 84/1d als Potential zur Auslösung interspezifischer Translokationen genutzt werden kann.

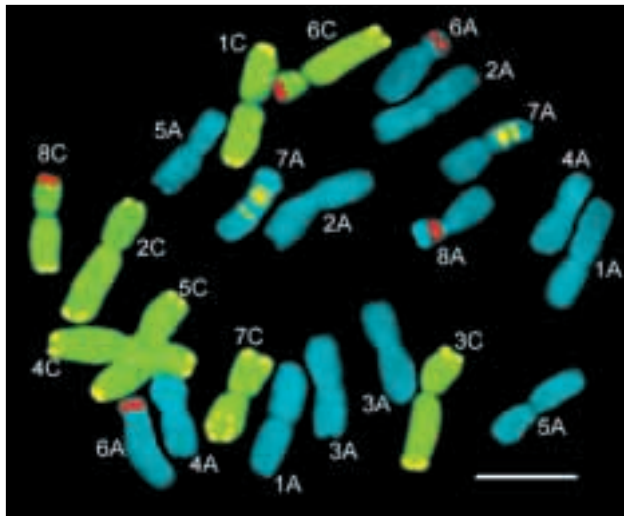


Abb. 1: Karyotyp der Sublinie 84/1d\_8\_2 ( $2n = 3x - 1 = 23$ ): außer dem Verlust eines Porree-Chromosoms 6A keine weiteren Veränderungen. (Bar = 5  $\mu$ m)

Fig. 1: Karyotype of subline 84/1d\_8\_2 ( $2n = 3x - 1 = 23$ ): beside of the loss of one leek chromosome 6A no further changes (bar = 5  $\mu$ m)

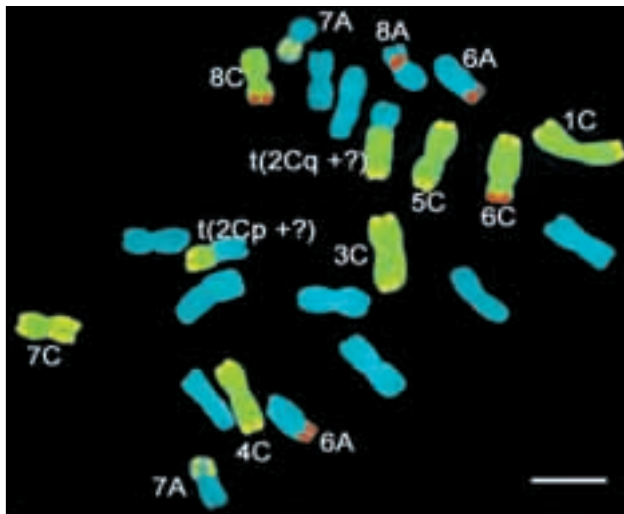


Abb. 2: Karyotyp der Sublinie 84/1d\_8\_2\_4 ( $2n = 3x - 1 = 23$ ): Klonnachkommenschaft aus der Sublinie in Abb. 1; neben dem Verlust des Porree-Chromosoms 6A sind zwei in dieser Klonegeneration neu entstandene Translokationen des Zwiebelchromosoms 2C mit unbekanntem Porree-Chromosomen  $t(2Cp + ?)$  und  $t(2Cq + ?)$  sichtbar (Bar = 5  $\mu$ m)

Fig. 2: Karyotype of subline 84/1d\_8\_2\_4 ( $2n = 3x - 1 = 23$ ): Descendant after cloning of the subline in Fig. 1; beside of the loss of one leek chromosome 6A in this cloning generation were visible two new produced translocations of the onion chromosome 2C with unknown leek chromosomes  $t(2Cp + ?)$  and  $t(2Cq + ?)$  (bar = 5  $\mu$ m)

Abstract:

Multiple fluorescence *in situ* hybridization (FISH) and genomic *in situ* hybridization (GISH) were used for the karyotype analysis in a second cloning generation of the vegetatively propagated onion-leek-hybrid 84/1d\_8\_2 (see annual report 2000). DNA probes specific for a onion satellite sequence, 5S and 25S rDNA genes and genomic onion DNA were used for labeling. It was shown that genetic factors for karyotypic instabilities were also active in this cloning generation to produce new onion-leek translocations.

(BAZ-1146)

## 5. Entwicklung alternativer Züchtungsmethoden Development of alternative breeding methods

### 5.1. Nutzung repetitiver genomspezifischer und mitochondrialer Sonden zur Charakterisierung von Regeneratpflanzen und deren Nachkommen-schaften nach somatischer Zellhybridisierung verschiedener *Brassicaceae*

**Use of repetitive genome-specific and mitochondrial probes for characterization of regenerated plants as well as their progenies after somatic cell hybridization of various *Brassicaceae***

Klocke, E.; Marthe, F.; Ryschka, U.; Schumann, G.

Zielsetzung/Aim:

Zur Schaffung neuer genetischer Variabilität im Hinblick auf Resistenz und andere Qualitätsparameter wurden somatische Hybride von *Brassica oleracea* var. *botrytis* + *Brassica nigra* erzeugt. Protoplastenfusionen bieten neue Möglichkeiten, da es hier im Unterschied zu sexuellen Kreuzungen neben der Verschmelzung der Kern-DNA auch zur Kombination der mitochondrialen und plastidären DNA kommt. Mittels Selbstbestäubung oder Rückkreuzung unter teilweiser Einbeziehung des In-vitro-Embryorescue soll das hohe Sterilitätsniveau einiger Primärfusionate überwunden werden. Pflanzen der 6. Generation werden untersucht. Für die molekulare Charakterisierung wird eine für das *B. nigra*-Genom spezifische repetitive Sonde und eine mitochondriale Sonde genutzt.

Somatic hybridization between *Brassica oleracea* var. *botrytis* + *Brassica nigra* is an useful tool for creation of new genetic variability especially in view of valuable resistances and quality parameters. The protoplast fusion offers fascinating possibilities since in difference to a sexual cross there could be a fusion not only of nuclear DNA but also of plastid and mitochondrial DNA. After self-pollination as well as back-crossing and partly by using *in vitro* embryo rescue the aim is to overcome the high sterility of some primary fusion plants. Plants of the sixth generation will be analysed. For molecular characte-

rization a *B. nigra* genome-specific repetitive probe and a mitochondrial probe will be used.

#### Ergebnisse:

Molekulare Marker sind ein wertvolles Werkzeug, um Kreuzungsprogramme zu begleiten und wichtige Hinweise auf die Vererbung interessierender Merkmale zu erhalten. In den vorliegenden Ergebnissen wurden eine hochspezifische Sonde für das *B. nigra*-Genom pBn90.2.2 (freundlicherweise von D. Somers, Kanada, zur Verfügung gestellt) und eine mitochondriale Sonde *atp9* (von A. Brennicke, Deutschland) angewendet. Mittels nichtradioaktiver Southern-Hybridisierung wurden Pflanzen der 6. Generation nach Protoplastenfusion *B. oleracea* var. *botrytis* + *B. nigra* untersucht und teilweise mit der 5. Generation verglichen (Abb.1a, b). Insgesamt standen 34 verschiedene Linien der 6. Generation zur Verfügung. Der größte Teil dieser Pflanzen war nach Rückkreuzung mit *B. oleracea* mittels In-vitro-Embryokultur erzeugt worden. Diese Linien gingen ursprünglich aus 4 Primärfusionaten hervor. Sie waren deutlich in zwei morphologische Gruppen geteilt.

Pflanzen mit dem Habitus des *B. oleracea*-Elters zeigten keinerlei Hybridisierungssignal mit der Sonde pBn90.2.2. Die Abbildung 1a zeigt die Pflanze 1(5) der 5. Generation ( $S_3BC_2$ ) und die dazugehörigen Pflanzen der 6. Generation nach einem weiteren Rückkreuzungsschritt mit *B. oleracea* 1a(6), 1b(6), (beide  $S_3BC_3$ ). Bereits in der  $S_3BC_2$ -Generation fiel die molekulargenetisch analysierte Pflanze durch einen hohen Rückkreuzungsansatz auf, der auf eine freie Kreuzbarkeit infolge gleicher oder sehr ähnlicher Genomstruktur hindeutete. In der zytologischen Untersuchung des Materials wurde für die Einzelpflanzen der  $S_3BC_3$ -Generation jeweils die somatische Chromosomenzahl von 18 festgestellt. Diese entspricht der von *B. oleracea* mit der Genomformel CC,  $2n = 2 \times 18$ . Eine Introgression konnte somit nicht nachgewiesen werden. Die mitochondriale Sonde *atp9* zeigte jedoch interessanterweise ein Bandenmuster, welches weder mit dem von *B. oleracea* noch mit dem der zweiten Ausgangsform, *B. nigra*, übereinstimmte.

Die anderen Pflanzen entsprachen morphologisch einem intermediären Typ. Die Southern-Analyse mit der Sonde pBn90.2.2 dieser habituell *B. nigra* noch immer recht ähnlichen Pflanzen zeigte das Vorhandensein von *B. nigra*-DNA im Kerngenom an (Abb.1a: Pflanzen 2(5), 2a(6), 2b(6), 3(5), 3(6), 4(5), 4(6)). Bei der Pflanze 3(6) ( $S_3BC_3$ ) wurden 30 Chromosomen gezählt. Da diese Pflanze bereits dreimal rückgekreuzt wurde, wird angenommen, dass neben den neun Chromosomen des C-Genoms (*B. oleracea*) noch sechs Chromosomen von *B. nigra* vorhanden sind.

Alle untersuchten Pflanzen wiesen im Hybridisierungsmuster mit der mitochondrialen Sonde *atp9* Neukombinationen auf. Überraschend sind Unterschiede in diesen Mustern zwischen Pflanzen der 5. Generation und 6. Generation. Die Untersuchungen werden fortgeführt.

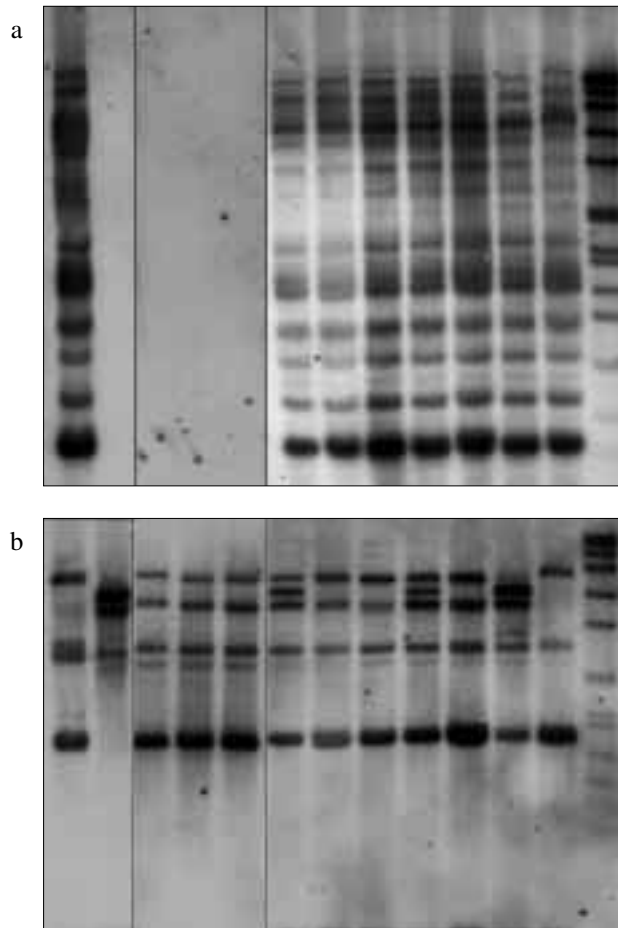


Abb. 1: Southern-Analyse von Pflanzen der  $F_5$  (5) und  $F_6$  (6) nach Protoplastenfusion *B. oleracea* + *B. nigra* mit der Sonde pBn90.2.2 (Abb. a) und *atp9* (Abb. b). Bn: *B. nigra*, Bo: *B. oleracea*, 1-4: verschiedene Nachkommen, M: Molekularmarker (bp)

Fig. 1: Southern analysis of  $F_5$  (5) and  $F_6$  (6) plants after protoplast fusion *B. oleracea* + *B. nigra* with probe pBn90.2.2 (Fig. a) and *atp9* (Fig. b). Bn: *B. nigra*, Bo: *B. oleracea*, 1-4: various progenies, M: molecular weight marker (b.p.)

#### Abstract:

Molecular markers are a powerful tool in crossbreeding. There were used a specific DNA probe for *B. nigra* genome pBn90.2.2 and the mitochondrial probe *atp9*. Somatic hybrids of the combination *B. oleracea* var. *botrytis* + *B. nigra* were selfpollinated or backcrossed with *B. oleracea* up to the sixth progeny and investigated by nonradioactive Southern hybridization. The hybridization profiles of these plants were compared with patterns from the plants of fifth progeny (Fig. 1a, b).

The phenotype of some plants was similarly to *B. oleracea*. This type of plants showed no signal with the probe pBn90.2.2 (Fig. 1a: plant 1a(6) 1b(6)). But these plants reveal a new combination in their mitochondrial genome (Fig.1b). Plants with intermediate character indicate a strong hybridization pattern with the probe pBn.90.2.2, showing a part of *B. nigra*-genome (Fig. 2: plant 2a(6), 2b(6), 3(6), 4(6)). All plants have a new DNA profile in the

mitochondrial genome compared to the parental mitochondrial DNA profile. Surprisingly there are differences in the mitochondrial DNA pattern between plants from the fifth progeny (5) and sixth progeny (6). The investigations will be continued.

(BAZ-1139, BAZ-1150)

## 5.2. Agrobakterien-vermittelter Transfer der TuMV-Virushüllprotein- und Nib-Gene in *Brassica oleracea* und Prüfung der TuMV-Resistenz der transgenen Linien

### *Agrobacterium*-mediated transfer of TuMV coat protein and NIB genes into *Brassica oleracea* and evaluation for resistance against TuMV of the transgenic lines

Ryschka, U.; Klocke, E.; Schubert, J.; Krämer, R.; Schumann, G.

#### Zielsetzung/Aim

Mittels Gentransfer soll neuartiges Basismaterial von *Brassica oleracea* mit Resistenz gegen das Kohlschwarzringflecken-Virus (Turnip mosaic potyvirus, TuMV) unter Verwendung von Genen des Hüllproteins und des Nib-Gens dieses Virus erzeugt werden. Die Optimierung der Transfermethode unter Nutzung von *Agrobacterium tumefaciens* als Vektor sowie die Untersuchung der ersten transgenen Kohl-Linien stehen dabei im Mittelpunkt der Untersuchungen.

Using gene transfer methods new type of basic material of *Brassica oleracea* with resistance to Turnip mosaic potyvirus (TuMV) shall be produced by means of expression of the coat protein and NIB genes of the virus. The interest is focussed on the optimization of the transfer protocol with *Agrobacterium tumefaciens* as a vector as well as on the analysis of the first transgenic lines.

#### Ergebnisse:

Das Kohlschwarzringflecken-Virus (Turnip mosaic potyvirus, TuMV) infiziert den Gemüsekohl und führt zu erheblichen Ertragsseinbußen. Eine nachhaltige Bekämpfung des TuMV und seiner Vektoren (Aphiden) ist gegenwärtig nicht möglich. Eine Resistenz der Pflanzen ist daher wünschenswert. Mit der Übertragung von Genen des Virus in *Brassica oleracea* und der Nutzung des Mechanismus der „pathogen-derived resistance“ sollen neue Wege zur Resistenzinduktion beschritten werden.

Die Transformation von *B. oleracea* mittels *Agrobacterium tumefaciens* stellt bis heute keine Routine dar. Es wurden pflanzliche Expressionskassetten mit dem Selektionsmarker PAT und den Genen des Virus-Hüllproteins (TuMV-CP) sowie des Nib-Gens (TuMV-NIB) verwendet. Als Ausgangsexplantate wurden *in vitro* angezogene und anschließend geschnittene Hypocotyle verwendet. Insgesamt wurden bisher 11210 Explantate mit *Agrobacterium* co-kultiviert. Die mittlere Transformationsrate aller Experimente betrug 5,1 %. Die Effizienz der einzelnen Experimente schwankte dabei zwischen 0 - 42 %.

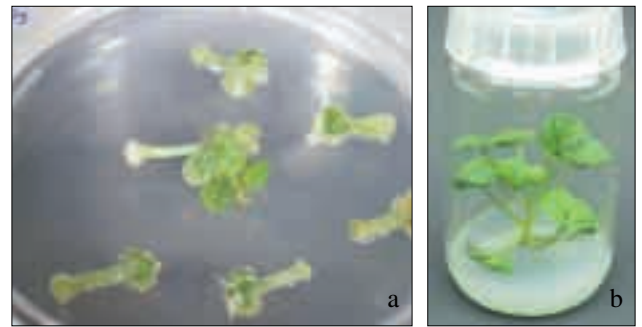


Abb. 1: Pflanzenregeneration nach Transformation a: Kallusbildung an Hypocotylexplantaten; b: transgene Blumenkohl-Pflanze *in vitro*

Fig. 1: Plant regeneration after transformation a: Formation of callus on hypocotyl explants; b: transgenic cauliflower plant *in vitro*

Vorversuche hatten gezeigt, dass die Selektion mit Glufosinolat nach Übertragung des *pat*-Gens sehr gut für *B. oleracea* geeignet ist. Diese Eignung berücksichtigt sowohl die erreichten Regenerationsraten im Vergleich zu den Transformationsraten als auch den Habitus der Regeneratpflanzen. Mittels molekularer Untersuchungen (PCR) wurde festgestellt, dass ca. zwei Drittel der Regeneratpflanzen transgen sind. Trotz des Antibiotikums (Timentin) im Medium entwickelten sich fast alle Pflanzen weitgehend normal und bildeten Wurzeln (Abb. 1).

Zur Eliminierung der Agrobakterien wurde sofort nach Co-Kultivierung bis zur vollständigen Pflanzenentwicklung Timentin verwendet. Bei einigen Versuchen wurde in späteren Entwicklungsphasen Timentin aus Kostengründen gegen Betabactyl ausgetauscht. Betabactyl von Beginn an bewährte sich nicht. Das Agrobakterien-Wachstum wurde bei diesen Versuchen nur ungenügend unterdrückt und es kam zum Absterben der Explantate.

Es konnte nachgewiesen werden, dass der verwendete Agrobakterien-Stamm einen bedeutenden Einfluss auf die Regenerations- und Transformationsrate hat. So betrug die Transformationsrate mit dem Stamm EHA 105 17,2 %, mit dem Stamm AHTV 7,8 % und bei Verwendung des Stammes GV 2260 nur noch 2,4 %.

Die Co-Kultivierung der Hypocotylexplantate erfolgte nach einem kurzen Eintauchen in eine Agrobakterien-Suspensionskultur auf festem Nährmedium. Die Untersuchungen zeigten, dass eine Ammenkultur mit einer Suspensionskultur von *Nicotiana tabacum* während der Co-Kultivierung einen positiven Einfluss auf die Transformationsrate hat. Die Regenerationsrate betrug bei den Versuchen ohne Amme 3,3 % und mit Amme 6,5 %.

Erste Untersuchungen mittels Southern-Hybridisierung mit DIG-markierten Sonden der übertragenen Gene zeigten, dass die transgenen Pflanzen 1-6 Kopien der Fremd-gene enthalten.

Die Pflanzen wurden *in vitro* verklont. Erste Linien konnten ins Gewächshaus überführt werden. Testungen der Resistenz gegen das TuMV-Virus nach mechanischer Inokulation mittels Sichtbonitur und ELISA zeigten, dass die transgenen Linien sehr unterschiedlich gegen einzelne Pathotypen des TuMV reagierten. Die Prüfungen sollen

wiederholt werden. Die Pflanzen werden bis zur Blüte weiterkultiviert. Über Selbstungen werden die T<sub>2</sub>-Nachkommen erzeugt.

#### Abstract:

The infection caused by turnip mosaic virus (TuMV) contributes to decrease in yield and quality of *Brassica oleracea*. Gene transfer with vectors containing coat protein or Nib gene of TuMV offers a new strategy for creating of new plant material of *Brassica oleracea*. Since the *Agrobacterium tumefaciens* mediated transformation does not represent until now a routine method the objective of the present study was to improve and to establish an effective transformation protocol. Hypocotyl fragments incubated with a suspension culture of various non-oncogenic *A. tumefaciens* strains enabled an experiment with the highest outcome in transformation frequency of 42 %. As a mean the regeneration frequency reached 5.1 %. The influence of *Agrobacterium* strain was investigated, too. In experiments with EHA 105 a regeneration frequency of 17.2 % was obtained, while AHTV reached 7.8 %, and GV 2260 only 2.4 %. It was shown that a *Nicotiana tabacum* suspension culture used as nurse culture during the co-cultivation period promoted the transformation process. First Southern hybridizations of the transgenic plants revealed that 1 to 6 copies of foreign genes have been incorporated. The plants were further propagated *in vitro*. First plants have been checked by ELISA and showed various levels of resistance to different pathotypes of TuMV. The screening will be repeated. After self-pollination the T<sub>2</sub>-progenies can be studied.

(BAZ-1140)

### 5.3. Erschließung neuer Variabilität für den Gemüsekohl (*Brassica oleracea*) aus Regeneraten somatischer Hybriden sowie sexuell erzeugten Art- und Gattungsbastarden innerhalb der Familie Brassicaceae

**Acquirement of new variability for cabbage (*Brassica oleracea*) from interspecific and intergeneric somatic hybrids as well sexual developed hybrids in Brassicaceae**

Marthe, F.; Scholze, P.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Klocke, E.; Schumann, G.; Kecke, S.

#### Zielstellung/Aim:

Aus umfangreichem Bastardmaterial der Kombination Gemüsekohl (*Brassica oleracea*) und verschiedener Arten innerhalb der Gattung *Brassica* wie auch darüber hinaus sollen wertvolle Resistenzen für die Art *B. oleracea* erschlossen werden. Hierfür muss jeweils die hochgradige Bastardsterilität (ggf. unter Nutzung von Embryokulturtechniken) überwunden werden. Die Prüfung der Resistenzausprägung in den Nachkommen ist die Voraussetzung für Selektionsentscheidungen mit dem Ziel der Wiederannäherung an *B. oleracea*. Hierzu dienen auch zytologische Untersuchungen des Materials.

Resistances important for cabbage (*Brassica oleracea*) will be acquired from extensive interspecific and intergeneric somatic hybrids as well as sexually developed hybrids. For this, it has to overcome the high hybrid sterility, if necessary by using of techniques for embryo rescue. Resistance characterization of the progenies for selection to approach *B. oleracea*. To reach this aim cytological investigations are also useful.

#### Ergebnisse:

Für die Arbeiten standen Nachkommenschaften von Protoplastenfusionen zwischen *B. oleracea* und verschiedenen Arten innerhalb der Gattung *Brassica* und darüber hinaus zur Verfügung, die durch Selbstbestäubungen bzw. Rückkreuzungen mit *B. oleracea* in den zurückliegenden Jahren erzeugt wurden. Die Bemühungen um die Weiterentwicklung des Pflanzenmaterials durch Selbstbestäubungen bzw. Rückkreuzungen mit anschließender Embryokultur richteten sich besonders auf Nachkommenschaften von *B. oleracea* (+) *B. nigra* (Schwarzer Senf) (F<sub>6</sub>), *B. oleracea* (+) *B. juncea* (Sarepta oder Indischer Senf) (F<sub>5</sub>), *B. oleracea* (+) *B. carinata* (Abessinischer Senf) (F<sub>2</sub>), *B. oleracea* (+) *Raphanus sativus* (Rettich) (F<sub>3</sub>).

Die Population *B. oleracea* (+) *B. nigra* ist am weitesten entwickelt. Tabelle 1 zeigt die Veränderung des Anteiles von Pflanzen ohne und bis zu drei Rückkreuzungen für die Versuchsjahre 1998 bis 2001.

Der Anteil von Pflanzen mit einer oder mehreren Rückkreuzungen stieg von 8,7 % in der dritten Nachkommenschaftsgeneration (1998) auf 69,7 % in der sechsten Nachkommenschaftsgeneration (2001).

Tabelle 2 zeigt die Entwicklung des Anteils resistenter Genotypen innerhalb der für jedes Pathogen separat geprüften Genotypen. Durch Selektion resistenter Einzelpflanzen gelang es über die vier dargestellten Versuchsjahre für die Erreger der Kohlhernie (*Plasmodiophora brassicae*), der Fußvermorschung (*Phoma lingam*) und der Schwarzadrigkeit (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*) einen Anstieg des Anteils resistenter Genotypen zu realisieren. Lediglich im Fall der *Phoma*-Blattfleckenkrankheit (*Phoma lingam*) sinkt dieser Anteil von sehr hohem Anfangsniveau auf einen Wert von ca. 60 %. Diese Entwicklung ist beachtenswert, besonders vor dem Hintergrund des auf fast 70 % gestiegenen Anteils von Genotypen mit mindestens einem Rückkreuzungsschritt während der Materialentwicklung, denn bedingt durch die Rückkreuzung kommt es zur Verdrängung der Chromosomen von *B. nigra*. Hierdurch verringert sich der Anteil resistenter Einzelpflanzen mit steigendem Rückkreuzungsanteil (Tab. 3).

Drei Pflanzen der Nachkommenschaft, die morphologisch nicht mehr von *B. oleracea* unterscheidbar waren, wurden auf ihren chromosomalen Status untersucht (Abb. 1). Alle Pflanzen wiesen jeweils 18 Chromosomen in somatischen Zellen auf und entsprechen damit der Chromosomenzahl von *B. oleracea* mit  $2n = 2x = 18$ . Diese Pflanzen wiesen allerdings keine der geprüften Resistenzen mehr auf.



Tab. 1: Anteil von Pflanzen mit 0 bis 3 Rückkreuzungen mit *B. oleracea* für die Versuchsjahre 1998 bis 2001 in der Population *B. oleracea* (+) *B. nigra*

Table 1: Percentage of plants with 0 to 3 backcrosses to *B. oleracea* of experimental years 1998 to 2001 in the population *B. oleracea* (+) *B. nigra*

	Versuchsjahr			
	1998	1999	2000	2001
Gesamtzahl unterschiedl. Genotypen	126	135	133	102
0 Rückkreuzungen	F <sub>3</sub> : 115 91,3 %	F <sub>4</sub> : 109 80,7 %	F <sub>5</sub> : 71 53,4 %	F <sub>6</sub> : 31 30,3 %
1 Rückkreuzung	F <sub>2</sub> BC <sub>1</sub> : 7 5,5 %	F <sub>3</sub> BC <sub>1</sub> : 21 15,6 %	F <sub>4</sub> BC <sub>1</sub> : 29 21,8 %	F <sub>5</sub> BC <sub>1</sub> : 32 31,4 %
2 Rückkreuzungen	F <sub>1</sub> BC <sub>2</sub> : 4 3,2 %	F <sub>2</sub> BC <sub>2</sub> : 4 3,0 %	F <sub>3</sub> BC <sub>2</sub> : 30 22,6 %	F <sub>4</sub> BC <sub>2</sub> : 27 26,5 %
3 Rückkreuzungen		F <sub>1</sub> BC <sub>3</sub> : 1 0,7 %	F <sub>2</sub> BC <sub>3</sub> : 3 2,2 %	F <sub>3</sub> BC <sub>3</sub> : 12 11,8 %

Abb. 1: Nachkommen (F<sub>6</sub>) der Kombination *B. oleracea* (+) *B. nigra*; im Vordergrund morphologisch eine *B. oleracea* entsprechende Pflanze mit 18 Chromosomen in den somatischen Zellen, im Hintergrund eine Pflanze des intermediären Typs;

Fig. 1: Progeny (F<sub>6</sub>) of combination *Brassica oleracea* (+) *B. nigra*; in front: plant fits morphologically to *B. oleracea* with 18 chromosomes in somatic cells, background: plant of intermediary type;



Die zukünftigen Arbeiten an der Nachkommenschaft *B. oleracea* (+) *B. nigra* sind darauf gerichtet, durch weitere Rückkreuzungen begleitet von Resistenztests Pflanzen zu selektieren, die durch Introgression Resistenz in das Genom von *B. oleracea* eingelagert haben und diese stabil exprimieren.

Tab. 2: Anzahl und relativer Anteil von Pflanzen mit Resistenz gegenüber separat geprüften Phytopathogenen innerhalb der Nachkommenschaften *B. oleracea* (+) *B. nigra*

Table 2: Number and percentage of plants in progenies of combination *B. oleracea* (+) *B. nigra* resistant to separately tested phytopathogenes

Phytopathogen	resistente Genotypen im Versuchsjahr			
	1998	1999	2000	2001
Kohlhernie ( <i>P. brassicae</i> )	18 (31,6 %)	8 (14,0 %)	19 (70,4 %)	29 (45,3 %)
<i>Phoma</i> -Blattfleckenkrankheit ( <i>Ph. lingam</i> )	119 (96,8 %)	25 (37,3 %)	27 (48,2 %)	37 (56,9 %)
Fußvermorschung ( <i>Ph. lingam</i> )	2 (3,4 %)	8 (12,7 %)	7 (13,2 %)	12 (19,3 %)
Schwarzadrigkeit. ( <i>X. c. pv. campestris</i> )	5 (11,4 %)	36 (48,0 %)	36 (63,2 %)	26 (41,9 %)

Tab. 3: Anteil von Pflanzen mit Resistenz bzw. Anfälligkeit gegen Schwarzadrigkeit (*X. c. pv. campestris*) im Jahr 2001, gruppiert nach der Anzahl von Selbstbestäubungen bzw. Rückkreuzungen mit *B. oleracea*

Table 3: Percentage of plants resistant and susceptible to black rot (*X. c. pv. campestris*), respectively, in the year 2001 grouped for number of self pollinations and backcrosses to *B. oleracea* respectively

	F <sub>6</sub>	F <sub>5</sub> BC <sub>1</sub>	F <sub>4</sub> BC <sub>2</sub>	F <sub>3</sub> BC <sub>3</sub>	gesamt
Anz. getesteter Genotypen	9	25	19	9	62
resistent	8 (88,9 %)	11 (44,0 %)	5 (26,3 %)	2 (22,2 %)	26 (41,9 %)
anfällig	1 (11,1 %)	14 (56,0 %)	14 (73,7 %)	7 (77,8 %)	36 (58,1 %)

Die 15 Nachkommen der Kombination *B. oleracea* (+) *B. juncea* (F<sub>5</sub>) weisen bisher jeweils fünf Selbstbestäubungsschritte auf. Alle 11 auf Resistenz gegenüber *X. c. pv. campestris* getesteten Genotypen waren resistent und reagierten überwiegend mit völliger Befallsfreiheit. Von den gegenüber *Ph. lingam* geprüften Genotypen zeigten im Blattfleckentest sieben von 13 Pflanzen Resistenz, während lediglich zwei von 12 Resistenz gegenüber der separat geprüften Fußvermorschung aufwiesen.

Aus der Kombination *B. oleracea* (+) *Raphanus sativus* (F<sub>3</sub>) standen 27 Nachkommen im Anbau, die bisher ausschließlich durch Selbstbestäubungen bis zur dritten Generation entwickelt wurden. Im Test gegenüber *P. brassicae* waren 13 der 27 geprüften Genotypen resistent, während 16 von 27 und 2 von 27 Genotypen resistent gegenüber *Ph. lingam* reagierten, getrennt getestet auf Blattflecken bzw. Fußvermorschung. Resistenz gegenüber dem Turnip mosaic virus (TuMV) wurde im Unterschied zur vorangegangenen Generation nicht mehr beobachtet.

Um die vielfältigen neuen Resistenzen, die im beschriebenen Material vorliegen, für die Art *B. oleracea* nutzbar zu machen, wurden umfangreiche Arbeiten zur Erzeugung jeweils neuer Generationen unternommen. Insgesamt wurden an rund 16900 Knospen Rückkreuzungen mit *B. oleracea* und an über 1200 Knospen Selbstbestäubungen vorgenommen. Aus diesen Arbeiten resultieren 411 Embryonen, die mit Hilfe der Embryokultur *in vitro* etabliert und verklont werden.

Ein Datenbanksystem zur Verwaltung der in den unterschiedlichen Arbeitsgruppen gewonnenen Ergebnisse steht unmittelbar vor seiner Fertigstellung und wird in Teilen bereits seit einiger Zeit erprobt.

#### Abstract:

For amplification of the genetic base of *Brassica oleracea* by introgression of resistance genes a material derived from regenerates of protoplast fusion progenies was available of the following combinations: *B. oleracea* with black or true mustard (*B. nigra*), Abyssinian mustard (*B. carinata*), Indian or Brown mustard (*B. juncea*) and radish (*Raphanus sativus*), respectively. By intensive backcrossing and self-pollination a partly fertile material in the case of F<sub>6</sub> generation of combination *B. oleracea* and *B. nigra* was developed. It contains resistances to following pathogens: clubroot (*Plasmodiophora brassicae*), *Phoma lin-*

*gam* – separately tested for leaf spots and for black leg - and black rot (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*). In F<sub>3</sub> generation of *Raphanobrassica* from combination of *B. oleracea* and *R. sativus* new resistances were found to *P. brassicae* and *Ph. lingam* – separately tested for leaf spots and black leg. A data base system to manage results is nearly complete and parts are in test.

In Zusammenarbeit mit: Griesbach, E., Institut für Epidemiologie und Resistenz, Aschersleben, Schrader, O., Institut für gartenbauliche Kulturen, Quedlinburg; (BAZ-1139)

## 6. Hochwertige Arznei- und Gewürzpflanzen für den Verbraucher High-value medicinal and aromatic plants for the consumer

### 6.1. Genetische und pflanzenbauliche Grundlagen für die Erzeugung von kleinfrüchtigem Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare*) im traditionellen Anbau von Sachsen-Anhalt

#### Genetical and agronomical fundamentals for the production of pharmaceutically used fennel (*Foeniculum vulgare*) in the traditional crop area in Saxony-Anhalt

Pank, F.; Krüger, H.

#### Zielstellung/Aim:

Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare*) nimmt einen festen Platz im Arzneipflanzenanbau Deutschlands ein. Er wird traditionell in Sachsen-Anhalt angebaut. Das Forschungsprojekt stellt sich das Ziel, die Wettbewerbsfähigkeit des Fenchelanbaus durch genetische und pflanzenbauliche Grundlagen für die Erzeugung von kleinfrüchtigem Fenchel zu verbessern, der für die Tea-Bag Produktion benötigt wird und dessen Inhaltsstoffe den Anforderungen des Europäischen Arzneibuches gerecht werden. Das Projekt wird vom Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt gefördert. Die pflanzenbaulichen Grundlagen werden von Kooperationspartnern erarbeitet: Einfluss unterschiedlichen Standraumes auf Ertrag, Fruchtgröße und Inhaltsstoffe und Ermittlung der Genotyp-Standraum-Interaktion. Eine Mustertechnologie für die landwirtschaft-

liche Produktion von kleinfrüchtigem Arzneifenchel wird den landwirtschaftlichen Erzeugern zur Verfügung gestellt. Aufgaben der Züchtungsforschung werden an der BAZ bearbeitet. Diese umfassen die Untersuchung der Kombinierbarkeit von Kleinfrüchtigkeit und hohem Gehalt an ätherischem Öl durch Kreuzung geeigneter Donoren, die Ermittlung des Erfolges bei simultaner Selektion auf Kleinfrüchtigkeit und hohem Ätherisch-Ölgehalt und die Entwicklung von Basismaterial für die Sortenzüchtung.

The cultivation of pharmaceutically used fennel (*Foeniculum vulgare*) takes an important position in Germany. It is traditionally cultivated in Saxony-Anhalt. The research project aims at improving the competitiveness of fennel cultivation by genetic and agronomic fundamentals for the production of small grained fennel, which is needed for the tea bag production and whose compounds meet the requirements of the European Pharmacopoeia. The research project is funded by the federal country Saxony-Anhalt. Research for the development of agronomic fundamentals is performed by co-operation partners. The influence of different standing area on yield, fruit size and compounds and the genotype-standing area-interaction will be studied. A model technology for cropping of small grained fennel will be provided. The breeding research is performed by the BAZ. These tasks include the investigation of the feasibility of the combination of the traits „small grain“ and „high essential oil content“ by crossing of appropriate donors, the response of simultaneous selection on small shaped fruits and high essential oil content and the provision of basic material for subsequent variety breeding.

Ergebnisse:

Zur Ermittlung der Kombinierbarkeit der Merkmale Kleinfrüchtigkeit und hoher Gehalt an ätherischem Öl wurden die kastrierten Blüten von 9 Einzelpflanzen einer großfrüchtigen Population mit hohem Gehalt an ätherischem Öl mit dem Pollengemisch von 9 Einzelpflanzen einer Population mit kleinen Früchten und geringem Gehalt an ätherischem Öl bestäubt. Durch isolierten Anbau der entstandenen F<sub>1</sub> wurde das F<sub>2</sub> - Saatgut gewonnen. Im Jahre 2002 werden die Populationen der Eltern, der F<sub>1</sub> und der F<sub>2</sub> in einem Feldversuch angebaut, um durch Bewertung der Einzelpflanzen Schlussfolgerungen über die Kombinierbarkeit der beiden Merkmale abzuleiten. Die Bewertung der Tausendkorntmasse (TKM) erfolgt durch manuelle Auszählung mit anschließender Wägung und die Bestimmung des Gehaltes der Früchte an ätherischem Öl (% v/g) und der Komponenten des ätherischen Öles (% v/v) mit Hilfe der Nah-Infrarot-Spektroskopie. Der Vergleich der Nachkommen von Elitepflanzen, die aus der F<sub>1</sub> und der F<sub>2</sub> ausgelesen wurden, mit den Ausgangspopulationen gibt über den Erfolg der Selektion auf sowohl Kleinfrüchtigkeit als auch hohen Gehalt an ätherischem Öl Auskunft. Im Jahre 2001 erfolgte der Anbau der F<sub>2</sub> und der Familien der im Jahre 2000 in der F<sub>1</sub> selektierten Elitepflanzen zur Auslese von Einzelpflanzen, die kleine Früchte und hohen Gehalt an ätherischem Öl aufweisen. Über Ergebnisse kann erst nach Abschluss der Untersuchung des Probenmaterials berichtet werden. Tab. 1 unterrichtet über die Eigenschaften der zur Kreuzung ausgewählten Einzelpflanzen.

Tab. 1: Eigenschaften der Kreuzungspartner  
Table 1: Characteristics of the crossing partners

TKM (g)	äth. Öl (% v/g)	Anethol (% v/v)	Fenchon (% v/v)	Estragol (% v/v)	TKM (g)	äth. Öl (% v/g)	Anethol (% v/v)	Fenchon (% v/v)	Estragol (% v/v)
Mutterpflanzen					Bestäuber				
11,5	12,4	42,1	43,8	1,36	3,1	4,5	68,1	24,8	2,34
12,2	15,5	58,4	29,7	2,13	3,2	6,0	64,9	22,8	2,24
10,1	15,0	63,9	25,9	2,33	3,5	5,1	76,9	14,5	2,89
11,4	13,6	62,3	28,8	2,25	3,8	5,9	69,7	21,3	2,65
12,0	13,5	49,8	40,8	1,73	3,8	5,3	75,6	16,5	2,85
9,1	13,0	50,2	40,4	1,75	3,7	5,0	77,9	13,1	2,98
9,3	14,8	44,9	44,9	1,49	3,6	5,7	77,4	13,8	2,96
11,5	19,5	50,0	39,9	1,72	4,1	5,9	75,0	15,9	2,85
10,6	16,4	58,8	29,1	2,07	3,7	6,0	75,1	16,6	2,90

Abstract:

For testing the feasibility of the combination of small fruits with high essential oil content castrated flowers of 10 individual plants of a population with big fruits and high essential oil content were pollinated with the pollen mixture of 9 individual plants of a population with small fruits and low essential oil content. The F<sub>2</sub> seeds were produced by isolated cultivation of the resulting F<sub>1</sub>. Populations of the parents, of the F<sub>1</sub> and the F<sub>2</sub> will be cultivated in a field experiment in 2002 to derive conclusions on the fitness for combination of the both traits by evaluation of the indivi-

dual plants. The essential oil content of the fruits (% v/w) and the components of the essential oil (% v/v) are determined by near-infrared-spectroscopy. The comparison of the elite plants progenies selected from the F<sub>1</sub> and the F<sub>2</sub> with the starting populations provides information on the response to simultaneous selection on small fruits as well as on high essential oil content. The F<sub>2</sub> and the families of the elite plants of the F<sub>1</sub> selected in 2000 were cultivated in 2001 for selection of individual plants with small fruits and high essential oil content.

In Zusammenarbeit mit: Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau des Landes Sachsen-Anhalt, Abt. Bernburg, Reichardt, I.; Majoranwerk Aschersleben GmbH, Overkamp, J.; Agrargenossenschaft Hedersleben e.G., Trautmann, L.  
(BAZ-1158, FKZ 3271A/0020L, EFRE 2.21.8.0100014)

**6.2. Entwicklung von Arzneifenchelformen (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *vulgare*) mit neuen Werteigenschaften und Resistenz gegen *Mycosphaerella anethi***

**Development of bitter fennel forms (*Foeniculum vulgare* ssp. *vulgare* var. *vulgare*) with new important characters and resistance to *Mycosphaerella anethi***

Pank, F.; Krüger, H.

**Zielstellung/Aim:**

Die wichtigste Voraussetzung für die Sicherung und Erweiterung des Fenchelaufkommens aus heimischem Anbau ist die Bereitstellung von Fenchelsorten für die Teabag-Produktion mit kleinen Früchten und Resistenz gegen *Mycosphaerella anethi*. Die Inhaltsstoffe müssen den Forderungen des Europäischen Arzneibuches gerecht werden: Mindestens 4 % ätherisches Öl in den Früchten mit > 60 % trans-Anethol, > 15 % Fenchon und < 5 % Estragol. Es sollen zwei Typen von Linien entwickelt werden, die als Donoren der gewünschten Eigenschaften verwendet werden können: Typ 1 erfüllt die agrotechnischen und chemischen Forderungen an einen kleinfrüchtigen Arzneifenchel, Typ 2 wird als Träger der Resistenz entwickelt. Die Linien stehen nach Abschluss des Projektes für die Kombinationszüchtung zur Verfügung.

The most important prerequisite for the maintenance and extension of the fennel supply from domestic cultivation is the provision of fennel varieties with small fruits suitable for tea bag production and with resistance to *Mycosphaerella anethi*. The important compounds must comply with the requirements of the European pharmacopoeia: at least 4 % essential oil in the fruits with > 60 % trans-anethol, > 15 % fenchone and < 5 % estragol. Two types of lines are intended to be developed, which are suitable as donors of the required characteristics: type 1 meets the agronomic and chemical requirements for bitter fennel with small fruits, type 2 will be used as donor of disease resistance. The lines will be available for combination breeding after the project has been finished.

**Ergebnisse:**

Die Linien werden beginnend mit dem Jahre 2001 durch Selektion von Elitepflanzen und nachfolgende Prüfung ihrer Nachkommenschaften entwickelt. Ausgangsmaterial sind geeignete Populationen der BAZ, die aus der Evaluierung zahlreicher Akzessionen mit nachfolgender züchterischer Bearbeitung hervorgegangen sind. Die Bewertung der Tausendkornmasse (TKM) erfolgt durch manuelle Auszählung mit anschließender Wägung und die

Bestimmung des Gehaltes der Früchte an ätherischem Öl (% v/g) und der Komponenten des ätherischen Öles (% v/v) mit Hilfe der Nah-Infrarot-Spektroskopie. Die Testpopulationen werden durch einen Spreader unter natürlichen Bedingungen im Freiland mit *M. anethi* infiziert. Die Bewertung der Befallsintensität erfolgt durch Bonitierung der Schadsymptome. Tab. 1 enthält wichtige Merkmale der Elitepflanzen, aus deren Nachkommenschaften ab 2001 kleinfrüchtige Linien entwickelt werden.

Tab.1: Eigenschaften der im Jahre 2000 für die Entwicklung kleinfrüchtiger Linien selektierten Ausgangspflanzen

Table 1: Characteristics of single plants selected in 2000 and used for the development of lines with small fruits

Pflanze	TKM (g)	äth. Öl (% v/g)	Anethol (% v/v)	Fenchon (% v/v)	Estragol (% v/v)
1	3,19	5,14	78,2	17,4	2,82
2	4,37	6,25	71,7	17,6	2,54
3	3,54	6,38	68,0	21,5	2,75
4	4,71	7,61	73,3	19,1	3,05
5	2,36	5,24	74,7	21,9	2,63
6	2,99	5,67	68,6	25,8	2,44
7	2,41	5,83	68,9	27,2	2,44

Die ausgewählten Einzelpflanzen erfüllen die gestellten Forderungen an Kleinfrüchtigkeit und Inhaltsstoffe. Ob diese Eigenschaften auf die 2001 geprüften Nachkommenschaften übertragen werden konnten, kann erst nach Abschluss der Untersuchungen des Probenmaterials im Jahre 2002 festgestellt werden.

Im Jahre 2000 wurde an rund 200 verschiedenen Fenchelakzessionen die Anfälligkeit gegenüber *M. anethi* bewertet. Die Populationen mit dem geringsten Befall wurden 2001 im Feldversuch einer erneuten Prüfung unterzogen und mit der Sorte 'Berfena' als Standard verglichen. Die 2001 selektierten Elitepflanzen dienen der Entwicklung der resistenten Linien in den kommenden Jahren.



Abb. 1: Fenchelbefall mit *Passalora puncta* - einem Anamorph von *M. anethi*

Fig. 1: Fennel attacked by *Passalora puncta* - an anamorph of *M. anethi*

**Abstract:**

The lines will be developed by selection of elite plants and subsequent progeny testing started from 2001. Suitable populations from the BAZ originating from the evaluation of numerous accessions and consecutive improvement act as starting material. The essential oil content of the fruits (% v/w) and the components of the essential oil (% v/v) are determined by near-infrared-spectroscopy. The test populations are infected by a highly *Mycosphaerella* - susceptible spreader on the experimental field. The susceptibility is evaluated by scoring the symptoms.

The selected single plants comply with the requirements for small fruit shape and content of important compounds as Table 1 shows. The transmission of these characteristics to the progenies will be proved after finishing the sample investigation in 2002.

The susceptibility to *M. anethi* of about 200 different fennel accessions was assessed in 2000. Populations with the lowest susceptibility were tested anew in 2001 in a field experiment and compared with the standard variety 'Berfena'. The elite plants selected in 2001 act as initial material for the development of resistant lines in the next years.

In Zusammenarbeit mit: Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Genbank, Hammer, K. und Graner, A. (BAZ-1134)

**6.3. Entwicklung von Linien des einjährigen Kümmels (*Carum carvi* var. *annuum hort*) für die Züchtung ertragreicher synthetischer Sorten**

**Development of annual caraway lines (*Carum carvi* var. *annuum hort*) for the breeding of high yield synthetic varieties**

Pank, F.; Krüger, H.

**Zielstellung/Aim:**

Durch die Einführung des einjährigen Kümmels anstelle der bisher kultivierten zweijährigen Formen kann die Wettbewerbsfähigkeit des Anbaus wesentlich verbessert werden. Nachdem die Züchtung von einjährigem Kümmel mit einem gesteigerten Gehalt an ätherischem Öl gelungen ist, soll nunmehr der Ertrag durch die Züchtung von synthetischen Sorten angehoben werden. Als Voraussetzung werden im Rahmen des Projektes genetisch diverse Linien mit hoher Eigenleistung aus Kreuzungsnachkommen-

schaften von zwei- und einjährigem Kümmel entwickelt. Diese Linien stehen nach Abschluss des Projektes für den Test auf Kombinationseignung und die Verwendung als Komponenten für synthetische Sorten zur Verfügung.

The competitiveness of caraway cultivation can be considerably improved by the introduction of annual instead of the traditionally cultivated biennial genotypes. After the success in breeding of annual caraway with improved essential oil content the breeding activities shall be continued to rise the yield by the development of synthetic varieties. As a prerequisite genetically diverse lines with high per se performance will be developed from cross progenies of biennial and annual caraway in the frame of this project. These lines are available for combining ability tests and for the use as components of synthetic varieties after the project has been finished.

**Ergebnisse:**

Für die Entwicklung genetischer Komponenten für die angestrebten synthetischen Sorten steht genetisch diverses Material der BAZ zur Verfügung, das aus Kreuzungen eines einjährigen Kümmelzuchtstammes mit verschiedenen zweijährigen Kümmelsorten hervorgegangen ist. Die zu entwickelnden Linien müssen eine hohe Eigenleistung aufweisen, das bedeutet neben einem hohen Ertrag auch einen Gehalt der Früchte an ätherischem Öl von mindestens 3 % und einen Carvongehalt des ätherischen Öles im Bereich von 50 - 65 %. Die Linien werden durch mehrere Zyklen von Selektion und isolierter Abblüte von Elitepflanzen und Prüfung ihrer Nachkommenschaften entwickelt. Der Ertrag (g/Einpflanze) wird durch Ernte und Aufbereitung der Einzelpflanzen und der Gehalt der Früchte an ätherischem Öl (% v/g) und des Carvongehaltes des ätherischen Öles (% v/v) mit Hilfe der Nah-Infrarot-Spektroskopie bestimmt. Im Jahre 2001 wurden rund 700 der 3800 Einzelpflanzen von 24 verschiedenen Populationen nach visueller Vorauswahl der Ertragsermittlung und der Bestimmung der Inhaltsstoffe bei gleichzeitiger Selbstung unterzogen. Über die Ergebnisse der Untersuchungen kann erst nach Abschluss der Ermittlungen am Probenmaterial im Jahre 2002 berichtet werden. Die aus Kreuzungsnachkommenschaften selektierten Mutterpflanzen der Familien, die als Ausgangsmaterial für die Linienentwicklung verwendet werden, wiesen die in Tab. 1 aufgeführten Eigenschaften auf.

Tab. 1: Eigenschaften von Mutterpflanzen der für die Linienentwicklung herangezogenen Populationen  
Table 1: Characteristics of mother plants of populations used for the line development

Pflanze	Ertrag (g)	äth. Öl (% v/g)	Carvon (% v/v)	Pflanze	Ertrag (g)	äth. Öl (% v/g)	Carvon (% v/v)
07	58,7	04,67	50,05	14	27,3	04,51	51,38
08	27,2	04,61	54,75	15	55,8	04,60	60,97
09	37,7	04,64	51,99	16	33,1	05,42	59,03
10	31,9	04,49	51,07	17	37,7	05,19	53,83
11	31,7	05,61	55,46	18	36,7	05,84	52,40
12	26,0	05,02	62,50	19	35,3	04,78	54,54
13	34,6	04,41	54,75	20	32,5	05,95	54,03

Abstract:

Diverse genetic BAZ material originating from crosses of different biennial caraway varieties with an annual strain is used as initial material for the development of genetic components for synthetic varieties. The needed lines must have a high per se performance, that means a high yield, an essential oil content of the fruits of at least 3 % and a carvone content of the essential oil in the range of 50 - 65 %. The lines will be developed by some cycles of selection and simultaneous flower isolation of elite plants and subsequent progeny testing. The yield (g/plant) is determined by harvest and processing of individual plants and the essential oil content of the fruits (% v/w) and the carvone content of the essential oil (% v/v) is analyzed by means of near-infrared-spectroscopy. In 2001 about 700 of the 3800 individual plants in total originating from 24 different populations were evaluated after visual preselection. The results will be reported in 2002 after the sample valuation has been finished.

(BAZ-1155)

#### **6.4. Entwicklung von Basismaterial des Johanniskrautes (*Hypericum perforatum*) und seine Verwendung zur Merkmalsübertragung bei der Züchtung welkeresistenter Sorten**

##### **Development of starting material of Saint John's Wort (*Hypericum perforatum*) and its use for trait transfer in breeding of wilt resistant varieties**

Pank, F.; Kästner, U.; Scholze, P.

Zielstellung/Aim:

Johanniskraut ist auf Grund des steigenden Bedarfes an natürlichen Antidepressiva zu einer der wichtigsten Arzneipflanzen Deutschlands geworden. Der Anbau ist durch die Johanniskrautwelke stark gefährdet. Nachdem Johanniskrautpopulationen als Donoren der Welkeresistenz und anderer wertvoller Eigenschaften im Rahmen des Projektes 97NR135-F gewonnen wurden, werden nunmehr im Rahmen eines weiteren von der FNR geförderten Verbundprojektes bei der BAZ aus besonders geeigneten Populationen spezifische Linien mit Welkeresistenz, hohem Gehalt an Hypericin/Hyperforin und sexueller Reproduktion für die Kombinationszüchtung entwickelt. Züchtungsmethodisches Know-how entsteht durch methodische Ergebnisse zum Resistenztest, zur Bestimmung des Reproduktionstyps am Flow-Cytometer und Mikroskop sowie durch Ermittlung der Selektionsresponse bei der Linienentwicklung. Durch einen weiteren Partner des Verbundprojektes werden mit definiertem Material der BAZ Kreuzungsexperimente durchgeführt, um die Kombinierbarkeit erwünsch-

ter Merkmale unter den Bedingungen der besonderen Reproduktionsbiologie des Johanniskrautes zu erproben. Dabei wird die unterschiedliche Ausprägung der Sexualität und Apomixie für die Rekombination bzw. die rasche genetische Fixierung erwünschter Genotypen genutzt.

St. John's wort has become one of the most important medicinal plants in Germany due to the increased demand for natural antidepressive remedies. The cultivation is severely endangered by the St. John's wort wilt. After the selection of St. John's wort populations as donors of the wilt resistance and other important characteristics in the frame of the research project 97 NR135-F, now specific lines are being developed by BAZ with wilt resistance, high hypericine/hyperforine content and sexual reproduction pathway from particular suitable populations for cross combination experiments in the frame of another research project funded by FNR. Breeding know-how will emerge by methodical results on resistance testing, the determination of the reproductive pathway by flow-cytometry and microscopy as well as by the determination of the response to selection during the line development. An other project partner carries out crossing experiments with well-defined genetic BAZ material to test the feasibility of cross combination of requested characteristics under the conditions of the specific reproduction biology of St. John's wort. Thereby the different expression of sexuality and apomixis will be used for recombination or the fast genetic fixation of desired genotypes, respectively.

Ergebnisse:

In den Jahren 1998 und 1999 wurden im Rahmen des vorangegangenen Projektes mehr als 140 verschiedene Akzessionen des Johanniskrautes evaluiert und Populationen ausgewählt, die besonders wertvolle Eigenschaften als Ausgangsmaterial für die Johanniskrautzüchtung aufwiesen. Um die zuvor erhaltenen Ergebnisse vor Aufnahme der Arbeiten zur Entwicklung spezifischer Linien zu überprüfen, wurden die ausgewählten Populationen im Jahre 2000 einer erneuten Prüfung im Blockversuch auf dem Versuchsfeld unterzogen. Die Anfälligkeit gegenüber der Johanniskrautwelke (*Colletotrichum cf. gloeosporioides*) wurde im Freiland und im Gewächshaus nach Behandlung der Pflanzen mit einer Konidiensuspension des Pilzes ermittelt. Die Bestimmung des Hypericin- und Hyperforingehaltes erfolgte mittels HPLC in einem Dienstleistungslabor. Der Reproduktionstyp der Johanniskrautpflanzen wurde an den Zellkernen von 50 reifen Samen/Einzelpflanze am Ploidy Analyzer Partec CAII bestimmt.

Abb. 1. zeigt die starken Unterschiede der Welkeanfälligkeit ausgewählter Populationen.

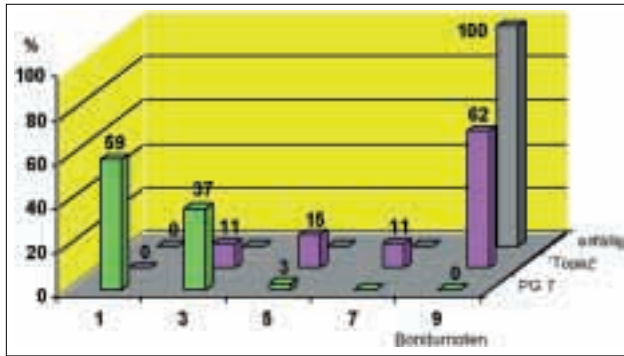


Abb. 1: Relative Frequenz der Noten des Welkebefalles 2. Anbaujahr, Boniturierung kurz vor der Ernte, n ~ 60. Boniturnoten: 1 = nicht befallen, 9 = Pflanze abgestorben

Fig. 1: Relative frequency of the scores of wilt infestation, hp143, second year of cultivation, valuation short before harvest, n ~ 60, scores: 1 = no infestation, 9 = totally damaged

Die Note neun (extrem starker Befall) erhielten bei der stark anfälligen Population 100 % der Pflanzen, bei der Standardsorte 'Topaz' waren es 62 % und bei einer für die Entwicklung resistenter Linien geeigneten Population erhielten keine Pflanzen die Noten 9 und 7. Die beste Linie mit einem hohen Gehalt beider wesentlicher Inhaltsstoffe überstieg den Gehalt der Standardsorte 'Topaz' beim Hypericingehalt um 104 % und beim Hyperforingehalt um 80 %. Alle als obligat sexuell eingestuften Populationen erwiesen sich bei dem im allgemeinen tetraploiden Johanniskraut als diploid.

#### Abstract

More than 140 accessions of St. John's wort were evalua-

ted in 1998 and 1999 in the frame of a preceding research project and populations with particular valuable characteristics were selected as starting material for St. John's wort breeding. The selected populations were tested anew in 2000 in a field experiment to verify the preceding results before starting the development of specific lines. The susceptibility to St. John's wort wilt (*Colletotrichum cf. gloeosporioides*) was tested under field and glasshouse conditions after the inoculation of the plants with a conidia suspension of the fungus. The determination of the hypericine and hyperforine content was performed by HPLC in a service laboratory. The reproduction pathway of the St. John's wort plants was determined on cell nuclei of 50 mature seeds per individual plant by the Ploidy Analyzer Partec CAII. Fig. 1 shows the strong differences of the wilt susceptibility of selected populations. The score nine (extremely strong diseased) had 100% of the plants of the strong susceptible population, the standard variety 'Topaz' had 62% with the score nine. No plant of the less susceptible population was assessed with the score nine. This population seems to be suitable for the development of resistant lines. The best lines with a high content of both essential compounds exceeded the standard variety 'Topaz' by 104% referring to hypericine and 80% referring to hyperforine. All obligatory sexual populations were diploid whereas St. John's wort is generally tetraploid.

In Zusammenarbeit mit: Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e.V., Sinzig, Kroth, E.; N. L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH, Erfurt, Blüthner, W. D.; Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Matzk, F.; Biologische Bundesanstalt, Institut für Pflanzenschutz im Gartenbau, Gärber, U. (BAZ-1153, FNR 00NR26)

# Institut für Pflanzenanalytik

## Institute of Plant Analysis

### Quedlinburg

Die Aufgaben des Instituts für Qualitätsanalytik, als querschnittsorientierte Einrichtung innerhalb der BAZ, sind vorrangig auf die Qualitätsforschung bei Medizinal- und Gewürzpflanzen sowie bei Obst- und Gemüsekulturen einschließlich der qualitätsbestimmenden Inhaltsstoffe im Wein ausgerichtet. In Ergänzung zur inhaltsstofflichen Charakterisierung werden PCR-gestützte Methoden zur DNA-Markeranalyse und Markerentwicklung sowie die Methode des „Differential Displays“ zum Nachweis spezifischer DNA-Sequenzen angewandt. Die Themenstellungen der zu bearbeitenden Projekte beziehen sich dabei hauptsächlich auf diejenigen inhaltsstofflichen Pflanzenmerkmale, die überwiegend genetisch kontrolliert werden. Dennoch werden in der Regel auch standortbedingte und jahreszeitliche Einflüsse mit betrachtet, um die Auswirkungen anbaubedingter Parameter wie Klima, Bodenverhältnisse und Düngung etc. auf die jeweiligen Inhaltsstoffprofile entsprechend einschätzen zu können. Weitere Zielsetzungen bestehen darin, Wechselwirkungen zwischen verbesserter Resistenz gegenüber unterschiedlichen Schaderregern und Pathogenen sowie erhöhter Expression spezifischer Pflanzeninhaltsstoffe detailliert zu erforschen. Hierbei wird insbesondere angestrebt, ein besseres Verständnis für die molekularen Grundlagen der Biosynthese wichtiger Inhaltsstoffe zu erlangen. In diesem Zusammenhang werden derzeit z.B. cDNA-Analysen durchgeführt, um kodierende Sequenzen zu finden, die für die Expression bestimmter Merkmale (z.B. Morphinarmut bei Mohn) verantwortlich sind (Abb. 1). Weitere Zielsetzungen bestehen darin, qualitative und quantitative Marker zu entwickeln und nachfolgend in entsprechende genetische Karten zu integrieren.

Ein Schwerpunkt der im Institut durchgeführten Forschungsarbeiten orientiert sich auf die Verbesserung des Genußwertes bei Obst- und Gemüse-Neuzüchtungen. Dabei konzentrierten sich in diesem Jahr die Arbeiten auf Aroma-Untersuchungen von Spargel (Anbaufläche in 1998: 14.059 ha). Neben dem Gesundheitswert

ist bei dieser Kulturart insbesondere der typische Geschmack für die hohe Nachfrage durch die Verbraucher verantwortlich. Der sensorische Eindruck beim Verzehr ergibt sich aus einer Kombination von Texturparametern, Süße, Bitterkeit und einem spezifischen Aroma. Die Beeinflussung dieser Parameter durch den Genotyp, Anbaubedingungen und Nacherntetechnologien wurde bisher durch die Qualitätsforschung nur wenig bearbeitet. Die Zielsetzung eines neu begonnenen Projektes ist es daher, den Einfluss wichtiger Pflanzeninhaltsstoffe auf den Geschmackseindruck von gekochtem Spargel aufzuklären (Abb. 2). Der Schwerpunkt der Aromanalytik liegt dabei auf der Identifizierung und Quantifizierung von stickstoff- und schwefelhaltigen Substanzen. Zur Auffindung der Schlüssel-Aromakomponenten (character impact compounds) wurde eine Kombination verschiedener gaschromatographischer Methoden mit insgesamt fünf unterschiedlichen Detektoren eingesetzt (FID, MS, PND, AED und Olfaktometrie). Die Vielzahl der detektierbaren Substanzen (etwa 150) konnte so auf 12 Komponenten eingegrenzt werden, die jeweils den stärksten Beitrag zum Gesamtaroma liefern.

Für das Bundessortenamt wurden im Rahmen der Wert- und Registerprüfung auch in diesem Jahr wieder umfangreiche analytische Untersuchungen an unterschiedlichen Medizinal- und Gewürzpflanzen (Thymian, Majoran, Petersilie und Ysop) durchgeführt. Außer den klassischen Analysen-



Abb. 1: Verschiedene cDNA bei Schlafmohn (*Papaver somniferum* L.)  
Fig. 1: Different cDNA of poppy (*Papaver somniferum* L.)





Abb.2: Mit Hilfe einer speziell entwickelten Probenvorbereitungstechnik werden aus etwa 400 g frischem Spargel 100 µl eines hochkonzentrierten Aromaextraktes gewonnen, der anschliessend mittels Gaschromatographie analysiert wird.

Fig. 2: Applying a special sample clean-up technique it is possible to prepare 100µl of high-concentrated aroma extract from 400 g freshly harvested asparagus which subsequently will be analyzed by gas chromatography.

Ölen wurden in diesem Jahr auch entsprechende Messungen mittels Mittel-Infrarot(MIR)- und Raman-Spektroskopie durchgeführt. Es konnte in diesem Zusammenhang gezeigt werden, dass die Zusammensetzung der einzelnen Komponenten mit Hilfe chemometrischer Verfahren sehr zuverlässig bestimmt werden kann. Dies ist insbesondere darauf zurückzuführen, dass die im MIR-Bereich zu beobachtenden Banden im Vergleich zu NIR-Absorptionsbanden eine deutlich höhere Intensität aufweisen und darüber hinaus sehr viel mehr strukturspezifische Informationen enthalten.

Within the BAZ, the „Institute of Plant Analysis“ is mainly occupied with quality research in the field of medicinal and aromatic plants as well as fruit and vegetable cultivars including the determination of valuable components in wine. In addition to the phytochemical evaluation PCR-based methods are applied for DNA-analysis and marker development also including the method of „differential display“ for the detection of specific DNA sequences. In this context main emphasis of research work is laid on the analytical and sensoric characterisation especially of those plant substances which are predominantly controlled by the genetic background. Nevertheless also individual locations and seasonal influences are regarded in order to get a more precise impression in which way cultivation parameters like climate, soil and fertilization influence the amount of individual plant constituents. Other aims are to find out correlations between improved resistance against various pathogens and increased expression of specific plant substances in detail. These studies are aimed at obtaining a better insight into the molecular fundamentals which are the basis for the biosynthesis of important phytochemicals. Presently, cDNA analyses are performed in order to locate coding sequences which are responsible for the expression of distinctive plant parameters (e.g. low morphine content in poppy). Another topic is the development of qualitative and quantitative markers and their integration into the relating genetic maps.

One main topic of the research programme is focused on the support of breeding activities to develop new fruit and vegetable varieties with improved healthy value. This year studies of aroma analysis were focused on asparagus (cultivation area in 1998: 14,059 ha). Beside positive health properties especially the typical flavour of this cultivated species is responsible for high consumers' demand. The sensoric impression of asparagus is mainly related to texture parameters, sweetness, bitterness and a specific aroma. Up to now there exist only little information concerning the influences

methoden wie Hydrodestillation und Gaschromatographie kamen hierbei auch wieder zerstörungsfreie NIRS-Schnellmethoden zum Einsatz.

Nachdem in den letzten Jahren für zahlreiche Tee-, Medizinal- und Gewürzkräuter leistungsfähige NIR-Kalibrationen für die wichtigsten Wertkomponenten im Institut für Pflanzenanalytik entwickelt wurden, konnten nunmehr alle bisher vorliegenden Forschungsergebnisse für diesen relativ neuen Anwendungsbereich der NIR-Spektroskopie umfassend dargestellt werden. Ein Kapitel der im nächsten Jahr erscheinenden Monographie „NIR Spektroskopie in Agriculture“ wird sich ausschließlich dem Bereich von Tee-, Kaffee, Tabak sowie Medizinal- und Aromapflanzen, einschließlich den daraus hergestellten Produkten, widmen.

In Ergänzung zu den bisher durchgeführten NIR-Untersuchungen an diversen ätherischen

Messungen mittels Mittel-Infrarot(MIR)- und

Raman-Spektroskopie durchgeführt.

Es konnte in diesem Zusammenhang gezeigt werden, dass die Zusammensetzung der einzelnen Komponenten mit Hilfe chemometrischer Verfahren sehr zuverlässig bestimmt werden kann.

Dies ist insbesondere darauf zurückzuführen, dass die im MIR-Bereich zu beobachtenden Banden im Vergleich zu NIR-Absorptionsbanden eine deutlich höhere Intensität aufweisen und darüber hinaus sehr viel mehr strukturspezifische Informationen enthalten.

of genotype, cultivation methods and postharvest technologies on the aroma profile. Therefore, it is the aim of a new project to characterize the flavour of cooked asparagus in detail (Fig. 2). In this context main emphasis will be laid on the identification and quantification of nitrogen and sulfur containing components. In order to identify the character-impact aroma compounds, a combination of different gas chromatographic methods using five different detectors (FID, MS, PND, AED and olfactometry) was applied. Following this approach the amount of detected substances (ca. 150) could be reduced to 12 aroma compounds mainly contributing to the total asparagus flavour.

Also in this year numerous analyses were performed on different medicinal and spice plants (thyme, marjoram, parsley, and hyssop) on behalf of the Federal Office of Plant Varieties. Beside the classical analysis methods like hydro-distillation and gas chromatography also non-destructive NIRS rapid methods were successfully applied.

This year, numerous NIR calibrations which had been developed for tea, medicinal and spice plants during the past in the Institute of Plant Analysis were reviewed in the context with other current research results relating to this relatively new application area of NIR spectroscopy. A separate chapter of a monography „NIR Spectroscopy in Agriculture“ which will be available next year will go into the particulars of this area dedicated to tea, coffee, tobacco as well as medicinal and aroma plants and the related products.

In addition to NIR studies on essential oils, which had been started already several years ago, mid-infrared (MIR) and Raman measurements were performed in this context.

For some selected examples it was possible to demonstrate that the composition of the individual components can be reliably determined by application of suitable chemometric algorithms. This is mainly related to the fact that absorption bands registered in the MIR region show remarkably higher intensities and furthermore they present much more structure-specific information.

## 1. Obstkulturen Fruit cultivars

### 1.1. Evaluierung von decaploiden *Fragaria*-Linien sowie *Fragaria*-Wildformen hinsichtlich flavourbestimmender Inhaltsstoffe.

#### Evaluation of the flavour determining compounds in a decaploid *Fragaria* population and in *Fragaria* wild species.

Hoberg, E.; Ulrich, D.

Zielsetzung / Aim:

Aufgrund des herausragenden Flavours von Wildformen werden von den Züchtern laufend Bemühungen bekannt, diese Merkmale in Kulturformen zu übertragen. Die Kombination von *F. vesca* L. und *F. x ananassa* Duch. führte zu decaploiden Erdbeertypen *F. x vescana* R.&A. BAUER. Mittels human-sensorischer und chemisch-analytischer Methoden wird eine Charakterisierung der wertbestimmenden Merkmale an dem Material vorgenommen.

Because of the excellent flavour of the wild species breeders endeavour to transfer these features to the cultivated ones. The combination of *F. vesca* L. and *F. x ananassa* Duch. led to the decaploid strawberry variety *F. x vescana* R.&A. BAUER. By the aid of human sensory and chemical-analytical methods a characterization of the quality determining features is performed.

Ergebnisse:

Unter den Genotypen, die zu der decaploiden Art *F. x vescana* R.&A. BAUER gehören, und unter deren Kreuzungsnachkommen mit der oktaploiden *F. x ananassa* Duch. sind Rekombinationen nachweisbar, deren Flavour-eigenschaften den angestrebten Zuchtzielen bei Erdbeeren entsprechen. Dennoch unterscheiden sie sich in den Geschmacks- und Aromaeigenschaften aufgrund der vorliegenden Untersuchungen weniger gravierend als es von den Sorten der *F. x ananassa* Duch. zu erwarten wäre (Abb. 1). Die vorliegenden positiven Berichte aus Süddeutschland lassen vermuten, dass die Klimabedingungen am Versuchsort Quedlinburg für den Anbau der *F. x vescana* R.&A. BAUER weniger geeignet sind.

Im Rahmen des Forschungsprojektes wurden neue HPLC-Methoden zur Anthocyanbestimmung sowie zur Ellagsäurebestimmung erarbeitet. Außerdem wurden die gaschromatografischen Methoden zur Aromaanalytik in verschiedenen Varianten zu Schnellmethoden weiterentwickelt. Die Anwendung an Wilderdbeeren, an konventionellen Sorten sowie an neuartigen decaploiden Genotypen belegte deren Eignung zur Genotypendifferenzierung im Zuchtprozess. Der aufgezeigte genetische Zusammenhang zwischen den Anthocyanprofilen und den Aromagruppen ermöglicht darüber hinaus eine indirekte Selektion von Erdbeeren hinsichtlich des Aromaprofils mit der Anthocyanbestimmung. Daraus leiten sich auch neue Ansatzpunkte zum Zusammenhang zwischen flüchtigen und nicht flüchtigen Inhaltsstoffen bei anderen Kulturen ab.

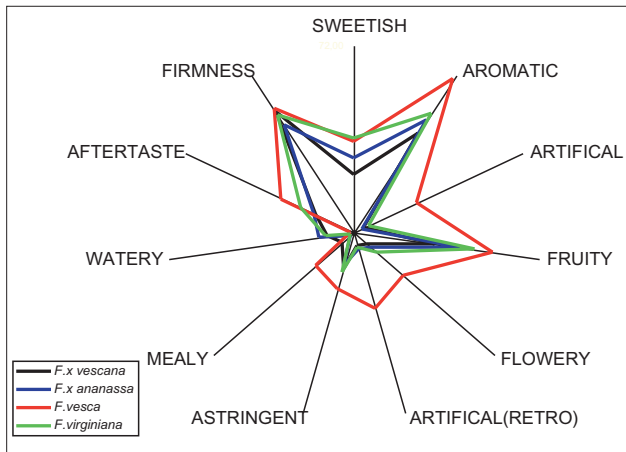


Abb. 1: Das human-sensorische Profil der Erdbeerarten (*F. x vescana*, *F. x ananassa*, *F. vesca*, *F. virginiana*) anhand der Parameter, die signifikante ( $p = 0,05$ ) Sortenunterschiede aufweisen

Fig. 1: The human-sensory profile of strawberry species (*F. x vescana*, *F. x ananassa*, *F. vesca*, *F. virginiana*) presented by those parameters, which show significant ( $p = 0,05$ ) differences between the individual species.

Die Ellagsäuregehalte (Abb. 2) in den okta- und dekaploiden Erdbeerarten schwanken zwischen 0,6 und 2,1 mg/100 g Frischmasse. Dabei wurden in den Früchten der '*F. x vescana*'-Typen generell höhere Gehalte dieser Komponente als in den Früchten der '*F. x ananassa*'-Typen nachgewiesen, wobei Früchte der Sorte 'Mieze Schindler' jeweils die höchsten Ellagsäuregehalte aufwiesen. Von allen untersuchten Erdbeer-Genotypen enthielten die Wilderdbeeren (*F. vesca*) mit 4-5 mg/100 g Frischmasse die höchsten Ellagsäuregehalte. Das Ergebnis deutet insgesamt auf einen höheren Gesundheitswert der dekaploiden gegenüber den oktaploiden Erdbeer-Sorten hin.

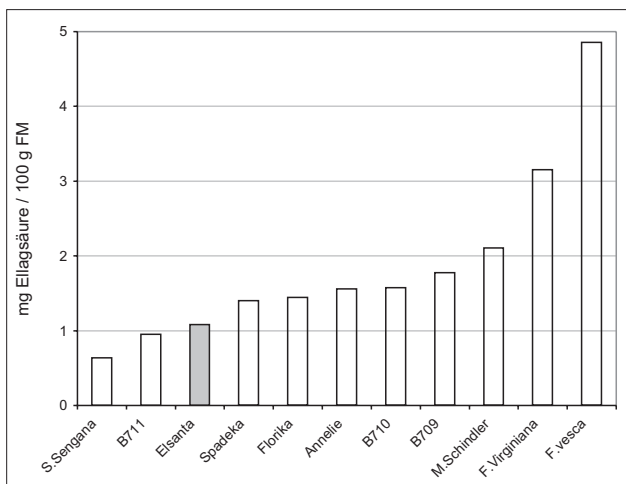


Abb. 2: Ellagsäuregehalte im Vergleich von oktaploiden und dekaploiden Sorten/Stämmen sowie von *F. vesca* und *F. virginiana*.

Fig. 2: Ellagic acid content of octaploid and decaploid cultivars/lines as well as of *F. vesca* and *F. virginiana*.

#### Abstract:

The human-sensory method was used to test decaploid cultivars in comparison to octaploid cultivars and lines as well as of *F. vesca* and *F. virginiana*. It was found, that both cultivars/lines are very similar with regard to the described sensoric properties. New HPLC-methods for the analysis of anthocyanins and ellagic acid as well as different rapid GC-methods for aroma analysis were developed. These new analytical tools can be used for genotype differentiation in breeding processes. There is a correlation between the strawberry anthocyanin profiles and the individual aroma substances. The content of ellagic acid was found to be highest in wild strawberry species and compared with octaploid species the decaploid strawberry plants mostly contain higher amounts of ellagic acid.

In Zusammenarbeit mit: Genbank Obst, Dresden-Pillnitz; Geibel, M. (BAZ-1217)

## 2. Gemüsekulturen Vegetable cultivars

### 2.1. Möglichkeiten zur Verbesserung des Gesundheitswertes von *Brassica*-Gemüse durch Züchtung sowie Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz.

#### Potentials for increasing the health value of *Brassica* vegetables by breeding and development of molecular markers for resistance“

Schütze, W.

#### Zielsetzung/Aim:

Die laufenden analytischen Untersuchungen sind integriert in die Arbeiten zur „somatischen Hybridisierung“, „Möglichkeiten zur Verbesserung des Gesundheitswertes von *Brassica*-Gemüse durch Züchtung“ sowie „Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz“.

The current analytical examinations are integrated in the research programme of „somatic hybridization“, „potentials for increasing the health value of *Brassica* vegetables by breeding“ and „development of molecular markers for resistance“

Im Rahmen der Arbeiten zum Thema „Somatische Hybridisierung ausgewählter Brassicaceae zur Bereitstellung von wertvollem Basismaterial mit verbesserten Eigenschaften“ wurden umfangreiche Untersuchungen zum Glucosinolatgehalt und Glucosinolatverteilungsmuster im Blattmaterial von *Brassica napus*, *Brassica juncea*, *Raphanus sativus* und *Sinapis alba*, sowie daraus erstellten Kreuzungen, durchgeführt. Untersucht wurden ebenfalls die Samenglucosinolate in diesem Material. Die Proben, in denen *Raphanus sativus* eingekreuzt wurde, zeigten alle das typische Verteilungsmuster des Rettichs mit Glucoraphenin, Glucoraphenin und Glucoerysolin, sowohl im Blattmaterial als auch in sehr hoher Konzentration im Samen (25-40  $\mu\text{mol/g TS}$ ). Die Samenproben, bei denen eine Ein-

kreuzung von *Sinapis alba* erfolgte, wiesen ebenfalls sehr hohe Gehalte an Sinalbin (150-220  $\mu\text{mol/g}$  TS) auf, dem Hauptglucosinolat von *Sinapis alba*.

In den Proben traten teilweise stark variierende Gehalte von Progoitrin, Sinigrin, Gluconapin, teilweise auch von Glucobrassicinapin, auf. In den Samenproben lagen die Gesamtglucosinolatgehalte der Kreuzungen überwiegend deutlich über 100  $\mu\text{mol/g}$  TS, bei den Sinapis-Kreuzungen über 200  $\mu\text{mol/g}$  TS. Die Ergebnisse wurden für die weitere Charakterisierung des Materials übergeben.

Im Rahmen der Arbeiten „**Möglichkeiten zur Verbesserung des Gesundheitswertes von Brassica-Gemüse durch Züchtung**“ wurde an einem geringen Materialumfang (drei Weißkohlsorten) das Lagerverhalten über einen Zeitraum von sechs Monaten bei +1°C und 97-100% Luftfeuchtigkeit untersucht (Abb. 1). Es zeigte über die Lagerperiode einen stabilen Gesamtglucosinolatgehalt sowie ein stabiles GSL-Verteilungsmuster. Die zu Beginn der Einlagerung festgestellten Sortenunterschiede blieben erhalten. Ein verstärkter Abbau der ernährungsphysiologisch wertvollen Indolglucosinolate war nicht festzustellen.

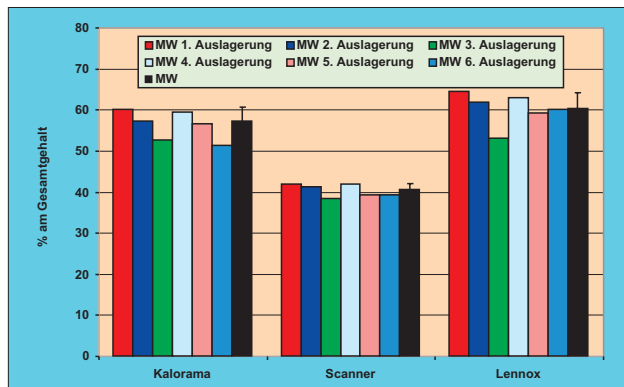


Abb. 1: Prozentualer Anteil der Summe an Indolglucosinolaten, Iberin und Raphanin am Glucosinolat-Gesamtgehalt.

Fig. 1: Percentages of indole glucosinolates, iberine and raphanine with regard to the total glucosinolate content.

Die Arbeiten im Rahmen des Projektes „**Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz gegen den Nematoden *Heterodera schachtii* aus *Raphanus***“ wurden weitergeführt. Untersucht wurde ein umfangreiches Material an Blättern und Wurzeln von Bastardmaterial aus Kreuzungen zwischen *Brassica napus* und *Raphanus sativus* sowie deren Ausgangsformen. Während in den Elternpflanzen die jeweils typischen Verteilungsmuster gefunden wurden, konnten diese im Bastardmaterial nicht nachgewiesen werden. Die Glucosinolatgehalte lagen teilweise weit unter 1  $\mu\text{mol/g}$  TS im Blattmaterial und bei ca. 10  $\mu\text{mol/g}$  TS in den Wurzeln. Die Arbeiten zu dieser Thematik werden fortgesetzt.

#### Abstract:

The current analytical glucosinolate examinations of the research programme „somatic hybridization of selected *Brassicaceae* for development of new basic material with improved traits“ showed a high variability with respect to

the valuable components. The leaves of hybrids with *Raphanus sativus* always showed the typical distribution pattern of the parent form *Raphanus* (raphanine, raphenine, erysoline); the seeds present a similar glucosinolate profile. The hybrids with *Sinapis alba* (seeds) contain sinalbine as main glucosinolate compound with contents between 150-220  $\mu\text{mol/g}$  dry matter. Significant differences between the samples were found in the contents of progoitrin, sinigrin and gluconapine. Generally, total glucosinolate content in seeds exceeds 100  $\mu\text{mol/g}$  dry matter. In hybrids with *Sinapis* total glucosinolates were found to be even higher than 200  $\mu\text{mol/g}$  dry matter. Analytical examinations performed in the research programme „potentials for increasing the health value of *Brassica* vegetables by breeding“ present the variation of glucosinolate content and distribution occurring in three cultivars of white cabbage during a storage period of 6 months (Fig. 1). A stable total glucosinolate content and no losses of indole glucosinolates were detected in this study. The current analytical examinations in the research programme „development of molecular markers for resistance“ will be continued.

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen Groß Lüsewitz, K. Sonntag; Marnier GZG Saaten Aktiengesellschaft; BAZ, Institut für gartenbauliche Kulturen, H. Peterka (BAZ-3132; BAZ-1143)

## 2.2. Variabilität der sensorischen Qualität bei unterschiedlichen Spargelsorten.

### Variability of sensory quality in various asparagus cultivars.

Hoberg, E; Ulrich, D.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Zielsetzung des Projektes ist es, die Abhängigkeit des Spargelgeschmacks von Umweltfaktoren qualitativ und quantitativ zu beschreiben. Dazu werden in drei Jahren drei Sorten an drei Orten angebaut und während der Ernteperiode wiederholt geerntet. Wichtige sensorische Parameter, die in einem früheren Projekt ermittelt worden waren, werden gemessen und varianzanalytisch verrechnet.

The aim of the project is to qualify and to quantify the influence of environmental conditions on the asparagus flavour, which up to now has been only reported qualitatively. Therefore over three years three varieties are cultivated at three locations. These plants will be sampled repeatedly during the harvesting period. Essential sensory parameters, which have already been determined during a former project, are measured and interpreted by analyses of variance.

#### Ergebnisse:

In den Orten Alt-Mölln, Quedlinburg und Möringen werden drei Jahre lang die Sorten 'Vulkan', 'Huchels Alpha' und 'Thielim' angebaut. Die Ernte erfolgt über die Ernteperiode verteilt drei bis vier mal pro Jahr mit zwei Wie-

derholungen. Die geprüften sensorischen Parameter (5 Gerüche, zwei Geschmackskomponenten, fünf Merkmale für das Mundgefühl, bittere und adstringierende Nachwirkungen sowie 10 retronasale und seltene Wahrnehmungen) sind für die Spargelbewertung wesentlich und zur differenzierten Bewertung der sensorischen Qualität ausreichend. Sie sind im Jahresbericht 1999 dargestellt.

Aus der Ernte 2001 ergibt sich, dass die Beliebtheit mit typischem, brotartigem, buttrigem und blumigem Geruch sowie dem süßen Geschmack positiv korreliert ( $\alpha = 5\%$ ). Währenddessen bewirken modrige, stinkende, brenzliche, und säuerliche Geruchskomponenten genauso wie bitterer Geschmack, metallisches und adstringierendes Mundgefühl eine Verringerung der Beliebtheit. Es existieren zahlreiche korrelative Zusammenhänge zwischen den einzelnen sensorischen Parametern.

Für die Haupteffekte 'Sorte', 'Ort' und 'Ernte' sowie die Wechselwirkung 'Ort x Ernte' werden signifikante ( $\alpha = 5\%$ ) Mittelwertunterschiede mit dem Tukeys HSD-Test gefunden. Die Sorten unterscheiden sich in den Parametern: typischer Spargelgeruch, brenzlicher und blumiger Geruch, bitterer, süßer und fader Geschmack, metallisches und adstringierendes Mundgefühl, Faserigkeit, bitterer und adstringierender Nachgeschmack. Dagegen können die Merkmale bitterer und süßer Geschmack, die Bissfestigkeit, die Zähigkeit, die Faserigkeit, der bittere Nachgeschmack, der buttrige Geruch und die Beliebtheit signifikant durch den Ortseinfluss unterschieden werden. Die vier sensorischen Parameter süßer, stechender und limonenartiger Geruch sowie der adstringierende Nachgeschmack werden durch die Erntezeit signifikant beeinflusst. Hinzu kommen die signifikanten Wechselwirkungseffekte 'Ort x Ernte' bei süßem, modrigem, limonenartigem, buttrigem Geruch, bitterem und fadem Geschmack, metallischem adstringierendem Mundgefühl, bei der Bissfestigkeit, der Zähigkeit und Faserigkeit, beim bitteren und adstringierenden Mundgefühl sowie bei der Beliebtheit.

Für das Jahr 2001 können signifikante Einflüsse der Faktoren Sorte, Ort, Erntetermin sowie der Wechselwirkung 'Ort x Ernte' auf verschiedene sensorische Parameter, die zur differenzierten Bewertung der Spargelqualität erforderlich sind, ausgewiesen werden. Die mehrjährige Untersuchung wird zeigen, ob diese Ergebnisse teilweise korrigiert werden müssen und ob aufgrund der statistisch gesicherten korrelativen Beziehungen bestimmte Merkmale nicht mehr erfasst werden müssen, um den sensorischen Wert des Spargels zu beschreiben.

Abstract:

In 2001 significant effects of the main factors such as cultivar, location, harvest date as well as the interaction 'location x harvest' on different sensory parameters, which are important for the detailed evaluation of the asparagus quality, could be found. The study of several years will show, whether these results have to be corrected in some cases. Furthermore it may be possible to reduce the number of sensory parameters used for the description of the asparagus quality, if correlative relations will be discovered.

In Zusammenarbeit mit: Saatzuchtstation Möringen (Möringen/Altmark) J. Gottwald, Spargelhof D. Gast (Alt-Mölln) A. Rosen (BAZ-1230)

### 2.3 Aroma-Charakterisierung von Spargel (*Asparagus officinalis* L.)

#### Aroma characterization of asparagus (*Asparagus officinalis* L.)

Ulrich, D.; Hoberg, E.

Zielsetzung/Aim:

Die Zielsetzung der Untersuchungen bestand in der Bestimmung der Schlüsselgerüche und ihres Beitrages zum Aroma von gekochtem Spargel. Mit Hilfe der Gaschromatographie, gekoppelt mit unterschiedlichen Detektoren und der GC-Olfaktometrie sollten die Schlüsselsubstanzen in Flüssig-Flüssig Extrakten ermittelt werden.

The objectives of this study were to estimate the key odour sensations and their contribution to the aroma in cooked asparagus. With the aid of gas chromatography in combination with different detectors and human nose (GC-Olfactometry) - the identification of the character impact compounds in liquid-liquid extracts should be resolved.

Ergebnisse:

Bedingt durch den technologischen Fortschritt in der analytischen Ausrüstung ist es nicht ungewöhnlich, dass eine sehr große Anzahl von flüchtigen Inhaltsstoffen in den Extrakten oder im Headspace von Nahrungsmitteln mittels Gaschromatographie ermittelt und identifiziert werden kann. Die sensorische Qualität wird aber häufig nur von einer sehr begrenzten Anzahl von Aromastoffen bestimmt. Die Unterscheidung zwischen den geruchsaktiven und nichtaktiven Substanzen ist deshalb eine wesentliche Vorbedingung für Korrelationen zwischen humansensorischen und instrumentellen Analysenmethoden. Die GC-Olfaktometrie-Variante, die in dieser Studie verwendet wurde, ist der CHARM-Methode sehr ähnlich. Bei der Analyse wird die Zeitdauer der Geruchsrezeption durch geschulte Tester am Sniffingport digitalisiert und mit den Signalen von herkömmlichen Detektoren (FID) abgeglichen. Resultate der Schnüffelanaysen sind sogenannte Geruchspektrumwerte (Odour Spectrum Values), die Informationen über Qualität und Quantität der Geruchsaktivität der einzelnen Substanzen in den Extrakten geben. Auf diese Weise kann die Identifizierungsarbeit auf die Substanzen mit dem größten Einfluss fokussiert werden. In Tabelle 1 sind die Ergebnisse der GCO-Messungen von drei Spargelgenotypen als relative OSV-Werte zusammengefasst. Die Tabelle enthält 12 intensive Geruchsempfindungen. Die Schlüsselsubstanz Dimethylsulfid, mit der typischen gekochten Spargelnote wurde durch die GCO nicht bestimmt, da dieser Aromastoff in allen Proben den dominanten Geruchseindruck hervorruft. Die intensivsten Geruchsempfindungen nach Dimethylsulfid (spargeltypisch) sind „Pflanzenkeim“, „Champignon“ und „nussig“. Generell konnten keine drastischen qualitativen Unterschie-

de zwischen den drei Genotypen registriert werden. Quantitative Variationen sind besonders in den Geruchseindrücken wie „unangenehm“, „Champignon“, „nussig“, „Pflanzenkeim“, „Kartoffel“ und „stechend“ erkennbar.

In weiterführenden Arbeiten sollen die Konzentrationen der identifizierten Aromastoffe mit der Humansensorik korreliert und in Abhängigkeit von züchterisch und technologisch wichtigen Parametern bestimmt werden.

Tab. 1: Geruchsstoffe des gekochten Spargels, die mit Hilfe der Gaschromatographie-Olfaktometrie ermittelt wurden. Ergebnisse von drei Spargelproben eines Kreuzungsexperiments: A – männlicher Elter; B – weiblicher Elter; C – A x B Hybrid F1 (cv. 'Eposs')

Table 1: Odorants in boiled asparagus detected by gas chromatography-olfactometry (aroma extract dilution analysis). Results of three asparagus samples received from a breeding experiment: A – male parent; B – femal parent; C – A x B hybrid F1 (cv. 'Eposs')

Nr.	Geruch	Substanz	Relative OSV		
			A	B	C
–	schweflig	unbekannt	5,7	3,0	1,4
6	warm, gekocht	S-Methylthioacetat	9,1	8,2	0,9
7	Karamel	2,3-Pentandion	10,2	10,9	7,8
8	grün	Hexanal	14,5	10,3	13,1
9	unangenehm	Pyridin	6,8	5,0	0,0
17	Champignon	2,3-Octandion	22,1	40,8	28,7
20	nussig	2,6-Dimethylpyrazin	15,7	43,2	11,0
22	grün	2-Methoxy-3-isopropylpyrazin	100,0	48,7	54,0
25	Pflanzenkeim	2-Ethyl-3,5-dimethylpyrazin	21,5	5,5	15,2
26	Kaffee	3-(Methylthio)propanal	27,7	21,7	16,0
31	Gekochte	Phenylacetaldehyd	5,2	3,0	6,0
–	Kartoffel	unbekannt	4,8	0,0	0,0
	blumig				
	stechend				

OSV: Geruchsspektrumwert. Die CHARM-Werte wurden mit Hilfe des Gesetzes von Stevens in OSV konvertiert ( $= k^n$ ; k ist eine Konstante, n ist 0,5). Die Geruchsspektrumwerte wurden auf den intensivsten Wert aller Analysen normiert.

OSV: odour spectrum value. The CHARM values were converted to an OSV using Steven's law ( $= k^n$ ; k is a constant, n is 0.5). The odour spectrum values were normalised to the most intensive peak in all runs.

#### Abstract:

The contribution of volatile compounds to the flavour of cooked asparagus was evaluated with the aid of gas chromatography in combination with five different detectors - MSD, PND, AED, FID and human nose (GCO). The objectives of this study were to estimate the key odour sensations and their contribution to the aroma in liquid extracts of cooked asparagus. A totality of 36 odourants were identified by mass spectrometry supported by element specific detection. This study especially demonstrates the importance of nitrogen and sulphur compounds for the aroma impression. The inclusion of samples from different genotypes should provide information about the variability of aroma compounds in dependence of the genetic background.

#### 2.4. Einsatz der NIR-Reflexionsspektroskopie zur Inhaltsstoffbestimmung und Klassifizierung von Qualitätsparametern bei Obst- und Gemüsekulturen.

**Application of NIR reflection spectroscopy for estimation of phytochemicals and classification of quality parameters in fruits and vegetables.**

Quilitzsch, R. ; Schulz, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Die Zielsetzung ist, den Anwendungsbereich der Reflexions-NIRS zur Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe bzw. zur Klassifizierung von Qualitätsparametern bei ausgewählten Obst- und Gemüsekulturen zu erweitern. Dabei sollen die gegenüber den klassischen Bestimmungsmethoden bestehenden Vorteile dieser Schnellmethode (keine aufwendige Probenvorbereitung, Erfassung mehrerer Komponenten in einem Analysengang, weitgehend zerstörungsfreie Messungen) auch im Rahmen der Züchtung zum Einsatz kommen. Die für die NIRS-Untersuchungen erforderlichen Referenzdaten werden mittels chromatographischer Analysemethoden ermittelt.

It is the aim to look into applications of reflection NIRS for the prediction of valuable phytochemicals and for classification of quality parameters in selected fruits and vegetables. In this context the special advantages of this rapid method (minimal sample preparation, simultaneous determination of several components, more or less non-destructive measurements) will be used as a tool for breeding processes. The reference data, which represent the basis for the NIR studies, are established by chromatographic methods.

#### Ergebnisse:

Bei den NIR-spektrometrischen Untersuchungen des vergangenen Jahres wurden erstmals Messungen an einer Blattgemüseart durchgeführt, um die Möglichkeiten einer spektroskopischen Vorhersage von Glucosinolatgehalten zu erproben. Dabei handelte es sich um 106 gefriergetrocknete Proben verschiedener Lagerkohlsorten in Pulverform. Das Material stammte aus einem Projekt bezüglich der „Potentiellen Möglichkeiten zur Verbesserung des Gesundheitswertes von *Brassica*-Gemüse durch Züchtung“ (Schütze, W.; BAZ-Jahresbericht 2000, 184 – 186). Die Aufnahme von Reflexionsspektren erfolgte mit dem FT-IR-Spektrometer IFS 55 EQUINOX (Fa. Bruker GmbH, Ettlingen, Deutschland) mittels Fasersonde im Probengläschen bei 1mm Abstand von der ebenen Pulveroberfläche. Als Referenzdaten wurden die Gehalte an Glucobrassicin, Glucoiberin, Sinigrin und 4 – Methoxyglucobrassicin verwendet, die mittels HPLC-Analytik (Schütze, W.; BAZ-Jahresbericht 1996, 178-180) bestimmt worden waren. Die Reflexionsspektren wurden im Wellenzahlenbereich 4000-15000  $\text{cm}^{-1}$  mit einer spektralen Auflösung von 8  $\text{cm}^{-1}$  registriert. Die Auswertung der Spektren erfolgte mit dem Programm Opus/Quant 2.0 (Fa. Bruker, Karlsruhe, Deutschland). Es handelt sich dabei um ein multivariates statistisches Spektrenauswerteprogramm (PLS-Algorithmus), welches die gemessenen Spektren von Proben mit den analysierten Inhaltsstoffgehalten der gleichen Proben zum Zwecke einer Kalibrierung verknüpft. Ist eine derartige chemometrische Kalibrierung erfolgreich, ist es möglich, allein aus gemessenen Spektren die entsprechenden Inhaltsstoffgehalte unbekannter Proben vorherzusagen. Die Güte der Vorhersage wird durch zwei statistische Leistungsparameter angegeben: das Bestimmtheitsmaß  $R^2$  und den Vorhersagefehler RMSECV (root mean square error of cross validation = mittlerer quadratischer Fehler der Kreuzvalidierung). Kalibrierungen waren nur für den Glucobrassicin- und den Sinigringehalt möglich. In den Abbildungen 1 und 2 sind die Kalibrationsplots (Referenzwerte versus NIR-Vorhersagewerte) für die beiden genannten Glucosinolate dargestellt. Die Anzahl der verwendeten Spektren (n) sowie die ermittelten Werte für  $R^2$  und RMSECV können ebenfalls den beiden Abbildungen entnommen werden. Der Wertebereich für Glucobrassicin liegt zwischen 0,78 und 4,29  $\mu\text{mol/g}$  Trockensubstanz, der Wertebereich für Sinigrin zwischen 1,53 und 6,99  $\mu\text{mol/g}$  Trockensubstanz. Die Bestimmtheitsmaße für beide Kalibrationsplots können als gut bezeichnet werden, so dass davon ausgegangen werden

kann, dass eine brauchbare spektroskopische Vorhersage der beiden Glucosinolate in gefriergetrocknetem Kohlmaterial zuverlässig durchgeführt werden kann.

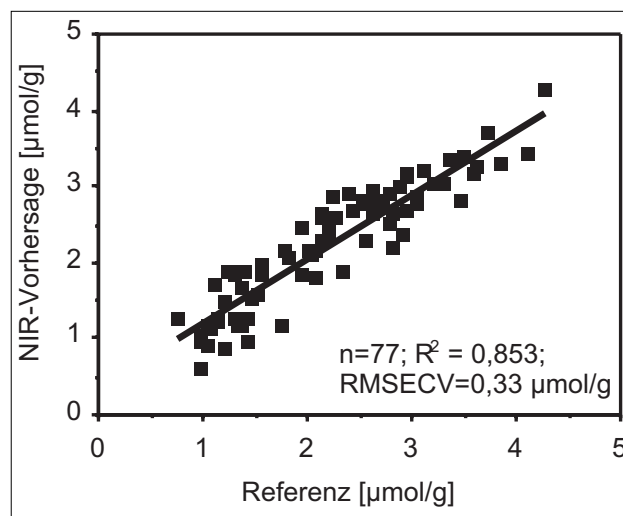


Abb.1: Kalibrationsplot für die NIR-S-Bestimmung von Glucobrassicin in Lagerkohl.

Fig. 1: NIR-S calibration plot for glucobrassicine in store-cabbage.

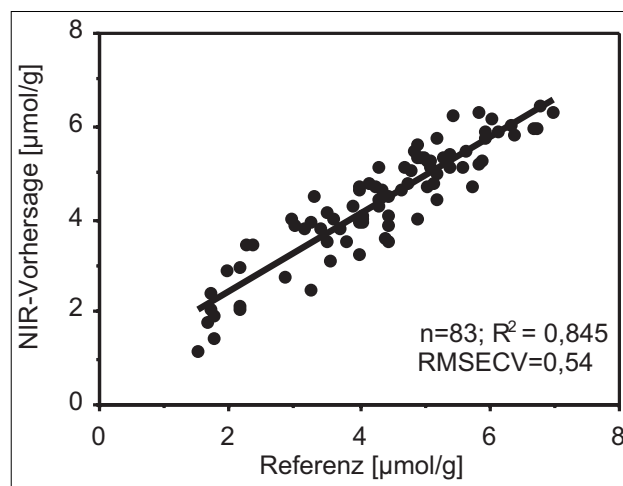


Abb.2: Kalibrationsplot für die NIR-S-Bestimmung von Sinigrin in Lagerkohl.

Fig. 2: NIR-S calibration plot for sinigrine in store-cabbage.

#### Abstract:

Near infrared spectrometrical investigations were performed on 106 samples of different *Brassica* varieties in the reflection mode. The material was freeze-dried and powdered. The reference data (contents of glucobrassicine and sinigrine) were determined by HPLC measurements. Based on the received averaged NIR spectra simultaneous predictions (applying the PLS algorithm) of glucobrassicine ( $R^2=0.853$ ,  $\text{RMSECV}=0.33 \mu\text{mol/g}$ ) and sinigrine contents ( $R^2=0.845$ ,  $\text{RMSECV}=0.54 \mu\text{mol/g}$ ) can be reliably performed in less than 30 seconds.

(BAZ-1223)

## 2.5. Ontogenese wasserlöslicher und fettlöslicher Vitamine in keimenden Pflanzensprossen.

### Ontogenesis of water and fat soluble vitamins in sprouting plant seeds.

Schütze, W. ; Schulz, H.

Zielstellung / Aim:

Entwicklung spezieller Analysenmethoden zum Nachweis fettlöslicher und wasserlöslicher Vitamine ( $\alpha$ - und  $\beta$ -Carotin, Tocopherole/Tocotrienole, Ascorbinsäure, Thiamin, Riboflavin und Pyridoxin) in 8 verschiedenen Pflanzenarten (Luzerne, Sesam, Weizen, Bockshornklee, Sonnenblume, Kürbis, Brokkoli, Senf). Im Falle der beiden Brassicaceen sind zusätzlich der Glucosinolatgehalt sowie die Veränderung des Glucosinolatprofils während der frühen Ontogenese-Stadien zu erfassen.

The aim of the study is to develop special analysis methods for the quantification of fat- and water - soluble vitamins ( $\alpha$ - and  $\beta$ -carotene, tocopherols, tocotrienols, ascorbic acid, thiamin, riboflavin and pyridoxin) in 8 different plant species (alfalfa, sesame wheat, fenugreek, sunflower, pumpkin, broccoli, mustard). Additionally, the glucosinolate content and profile of the two mentioned brassica species varying during early stages of the ontogenesis will be characterized.

Es wurden im Berichtszeitraum zwei HPLC-Methoden zur Bestimmung von fettlöslichen und wasserlöslichen Vitaminen erarbeitet und am Beispiel verschiedener Pflanzensprosse erprobt.

#### 1.1 Fettlösliche Vitamine:

Es wurde eine Methode zur Extraktion von  $\alpha$ -Tocopherol,  $\beta/\gamma$ -Tocopherol und  $\delta$ -Tocopherol, von Tocotrienolen sowie von Carotin aus keimenden Weizen-, Luzerne-, Bockshornklee- und Brokkolikeimpflanzen unter Einsatz der Festphasenextraktion (SPE, polare Extraktion mit CN-Säulen) und anschließender HPLC-Trennung erarbeitet. Dabei wurden jeweils HPLC-Schnellmethoden zur quantitativen Bestimmung von Carotin (Analysendauer: 3 min) und von Tocopherolen (Analysendauer: 6 min) auf einem „System 1100“ mit DAD von HP entwickelt und anschließend auf eine HPLC-Anlage der Fa. „Jasco“, mit UV- und Fluoreszenzdetektor in Reihenschaltung, übertragen. Die Detektion von  $\beta$ -Carotin erfolgt bei 450 nm, die fluorimetrische Detektion der Tocopherole bei 206 nm (Anregung)/340 nm (Emission). Des Weiteren wurde eine Bestimmung der Glucosinolate in den Brokkolikeimpflanzen durchgeführt. Die Carotingehalte bewegten sich für Brokkoli zwischen 19 – 43  $\mu\text{g/g}$  TS, Bockshornklee 1,5 – 14  $\mu\text{g/g}$  TS, Luzerne 16 – 107  $\mu\text{g/g}$  TS und Weizen <1 – 202  $\mu\text{g/g}$  TS. Tabelle 1 gibt eine Übersicht über die Gehalte an Tocopherolen in den einzelnen Kulturarten.

Tab. 1: Tocopherolgehalte ( $\mu\text{g/g}$  TS) in den Pflanzensprossen der bisher untersuchten Kulturarten.

Table 1: Tocopherol contents ( $\mu\text{g/g}$  dry matter) in sprouting plant seeds of presently analyzed cultivated species.

	$\alpha$ -Tocopherol	$\beta/\gamma$ -Tocopherol	$\delta$ -Tocopherol	$\Sigma$
Brokkoli	10 - 85	15 - 60	0,5 - 3	30 - 150
Bockshornklee	8 - 40	<1	<1	10 - 40
Luzerne	15 - 115	1,5 - 4	0	20 - 120
Weizen	0,1 - 8	7 - 28	<1	8 - 35

#### Aufgetretene Probleme

- Es sind teilweise erhebliche Matrixeffekte bei Weizen-, Brokkoli-, Luzerne- und Bockshornkleekeimen zu beobachten, die offensichtlich auch in Abhängigkeit des jeweiligen Keimungszustandes unterschiedlich stark zum Ausdruck kommen. Dadurch gestaltet sich insgesamt die Probenaufarbeitung der Pflanzensprosse erheblich aufwändiger.
- Durch mehrfachen Phasenwechsel zwischen polar/unpolar (Einengung der Proben bis zur Trockne) wird der Probendurchsatz erheblich reduziert (ca. 10 Proben/Tag in Doppelbestimmung).
- Auf Grund der geringen Konzentration der zu detektierenden Verbindungen im Probenmaterial erweist sich die Empfindlichkeit des eingesetzten DAD als zu gering. Eine Aufkonzentrierung der Analytlösung stellt sich auf Grund der starken Matrixeffekte allerdings als problematisch für die Trennsäule dar.
- Da erhebliche Konzentrationsunterschiede bezüglich des Gehaltes der zu detektierenden Verbindungen zu

beobachtet sind, ist es erforderlich, Kalibrationen über einen Bereich von drei Zehnerpotenzen zu entwickeln.

Zur Absicherung der HPLC-Methoden wurden für die einzelnen fettlöslichen Vitamine die jeweiligen Wiederfindungsraten ermittelt:

	Wiederfindungsrate (%)	Standardfehler (%)
$\alpha$ -Tocopherol	91,3	2,25
$\beta+\gamma$ -Tocopherol	97,6	1,35
$\delta$ -Tocopherol	98,4	0,71
$\alpha+\beta$ -Carotin	89,1	3,44

Eine Quantifizierung der Tocotrienole ist z. Z. auf Grund fehlender Standards nicht möglich. Unter den gegebenen Analysenbedingungen (RP 18-Säule) erfolgt keine Trennung von  $\beta$ - und  $\gamma$ -Tocopherol.



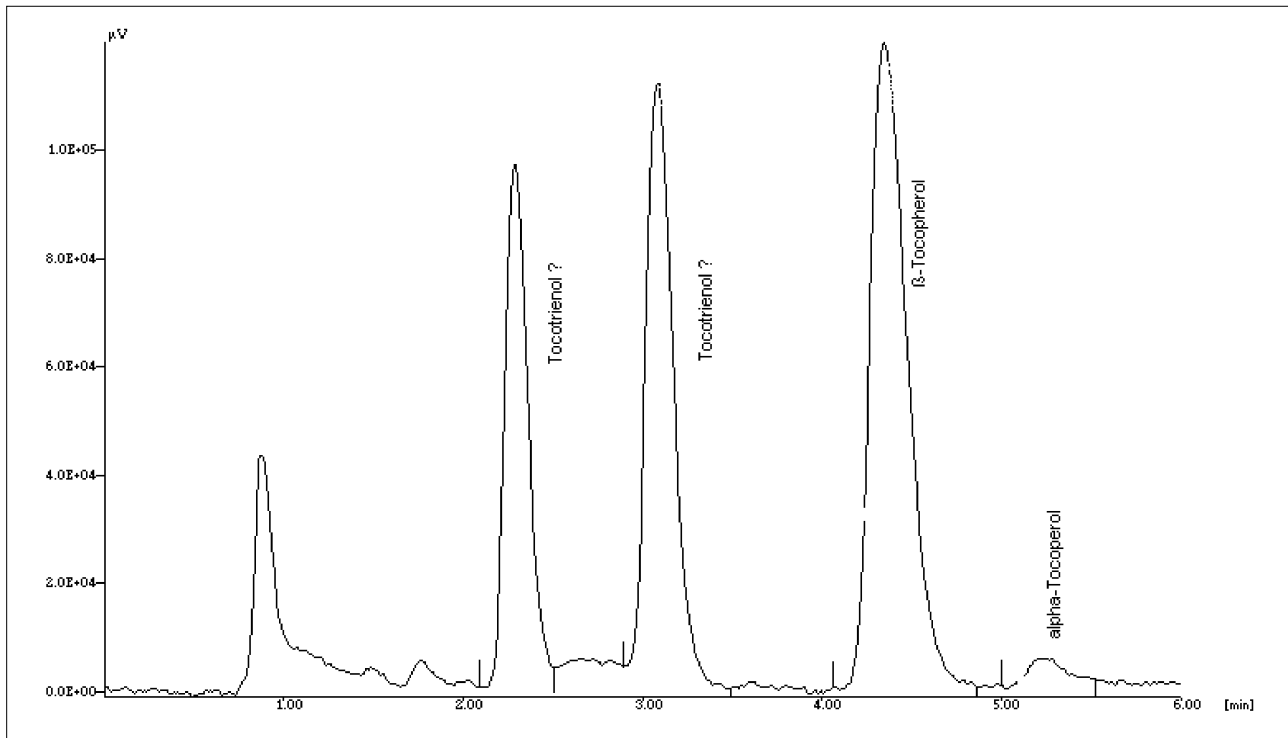


Abb. 1: Fluoreszenz – Chromatogramm einer Weizenprobe. Bei den mit „unknown“ bezeichneten Peaks handelt es sich sehr wahrscheinlich um Tocotrienole.

Fig. 1: Fluorescence chromatograms of a wheat sample. The „unknown“ peaks are most probably tocotrienols.

### 1.2 Wasserlösliche Vitamine:

Es wurde eine Methode zur HPLC-Bestimmung von Ascorbinsäure (Vitamin C), Vitamin B<sub>1</sub> (Thiamin), Vitamin B<sub>2</sub> (Riboflavin) und Vitamin B<sub>6</sub> (Pyridoxin) in keimenden Weizen-, Luzerne-, Bockshornklee- und Brokkoli-keimpflanzen unter Einsatz der Festphasenextraktion (unpolare Extraktion mit Phenyl-Säulen) erarbeitet. Dabei wurde jeweils eine HPLC-Schnellmethode zur quantitativen Bestimmung von Vitamin C (Analysendauer: 3 min) und den B-Vitaminen (Analysendauer: 13 min) etabliert.

### Detektionswellenlängen und Wiederfindungsraten wasserlöslicher Vitamine nach SPE

Ascorbinsäure:	244 nm	85 %
Pyridoxin:	290 nm	95 %
Thiamin:	244 nm	81 %
Riboflavin:	268 nm	95 %

### Ergebnisse:

Es traten sehr starke Matrixeffekte (Weizen, Brokkoli, Luzerne, Bockshornklee) auf, die offensichtlich auch abhängig von der Keimungsphase sind. Wie aus der Literatur bekannt ist, erfolgt die Freisetzung der in den Pflanzen an Proteine gebundenen B-Vitamine nur durch eine Kombination von Säure- und enzymatischer Hydrolyse. Hierbei sind für jedes Vitamin unterschiedliche Bedingungen (z.B. für jedes B-Vitamin separate Probenaufarbeitung) erforderlich. Daraus resultiert ein hoher Aufwand bei der Probenvorbereitung, so dass sich eine Serienanalytik nur äußerst schwierig durchführen läßt. Die Gehalte der in

den Pflanzen zu detektierenden Verbindungen liegen für die entsprechenden Vitamin-Standards im Bereich der Nachweisgrenze des DAD. Matrixeffekte der Pflanzenextrakte verhindern darüber hinaus durch weitgehende Absorption den Nachweis zugesetzter Standards, so dass diese innerhalb des o.a. Konzentrationsbereiches nicht mehr eindeutig nachweisbar sind.

Der Materialbedarf für die Analyse eines B-Vitamins liegt nach Literaturangaben bei 5-30 g TS (eine Doppelbestimmung ist dabei in jedem Fall erforderlich!). Da im Rahmen der zu bearbeitenden Studie jedoch nur ca. 3-5 g Probenmaterial für die Analyse aller Vitamine (wasser- und fettlösliche) zur Verfügung stehen, muß im Hinblick auf die gesetzten Anforderungen noch eine weitere Verbesserung/Adaption der vorliegenden Methodenvorschrift erfolgen. Außerdem sind für den Teil der Probenvorbereitung (Säurehydrolyse/enzymatische Spaltung der proteingebundenen B-Vitamine) noch weitere Optimierungsschritte erforderlich.

### Abstract:

The aim of the study was the development of special analysis methods for the quantification of fat- and water-soluble vitamins ( $\alpha$ - and  $\beta$ -carotene, tocopherols, tocotrienols, ascorbic acid, thiamin, riboflavine and pyridoxin) in 8 different plant species (alfalfa, sesame, millet, fenugreek, sunflower, pumpkin, broccoli, mustard). Two fast HPLC-methods for the quantification of carotene (retention time (t) = 3 min,  $\lambda$ =450 nm) and tocopherols (t = 6 min, fluorescence detection (ex: 206 nm/ em: 340 nm)) including a clean-up by SPE technique were developed. The

recovery was found to be between 89.1% (carotene) and 98.4% ( $\delta$ -tocopherol). The problems of the applied sample preparation are discussed.

Two fast HPLC-methods for the quantification of ascorbic acid (retention time (t) = 3 min,  $\lambda$ =244 nm) and B vitamins (t = 13 min, vitamin B<sub>1</sub>: $\lambda$ =244 nm, vitamin B<sub>2</sub>: $\lambda$ =268 nm, vitamin B<sub>6</sub>: $\lambda$ =290 nm) including SPE clean-up steps were developed. The recovery of standards after SPE was found to be between 81% (vitamin B<sub>1</sub>) and 95% (vitamins B<sub>2</sub> and B<sub>6</sub>). The problems occurring with sample preparation techniques are discussed. Additionally, the glucosinolate content and profile of the two mentioned brassica species varying during the early ontogenesis is characterized.

Wir danken dem Rephyna e.V., Magdeburg für die Finanzierung des Projektes.  
(BAZ-1223)

### 3. Medizinal und Gewürzpflanzen Medicinal and Spice Plants

#### 3.1. Entwicklung charakterisierter zum Anbau geeigneter Mohnformen (*Papaver somniferum* L.) und molekulare Analyse der Vererbung ihres Alkaloidgehaltes. Development of characterized arable poppy forms (*Papaver somniferum* L.) and molecular analysis of the genetics of their alkaloids.

Straka, P.; Nothnagel, Th.; Colditz, D.

Zielstellung/Aim:

Das Ziel des Forschungsprojektes besteht in der Entwicklung von charakterisiertem Basismaterial für die Züchtung und den Anbau von morphinarmem Schlafmohn, *Papaver somniferum* L. in Deutschland. Die molekulare Analyse der Vererbung von spezifischen Alkaloiden erfolgt durch Markeranalyse und den Nachweis spezifischer cDNAs, die mit hohem bzw. niedrigem Gehalt bestimmter Alkaloide korrelieren.

The goal of the research project consists in development of characterized basic material for plant breeding and cultivation of low morphine poppy, *Papaver somniferum* L. in Germany. The molecular analysis of the genetics of alkaloid contents is performed by marker analysis and identification of cDNAs in single plants with high or low content of different alkaloids.

Ergebnisse:

Der Schlafmohn, *Papaver somniferum* L., enthält als Hauptalkaloid Morphin. Das Auftreten anderer Chemotypen, d.h. von Mohnformen mit extrem unterschiedlichen Alkaloidspektren, ist in der Vergangenheit immer wieder beschrieben worden. Die Züchtung bestimmter Chemotypen, wie Thebain- oder Codein-Typen, erscheint auf Grund großer Unterschiede im Spektrum der Alkaloide verschiedener Sorten durchaus möglich. Viele Autoren beschrieben verschiedene Chemotypen bei Schlafmohn, es gelang jedoch nicht, stabile Nachkommen dieser Pflanzen zu erhalten. Derartige Variationen im Alkaloidmuster von Pflanzen können zur Identifizierung spezifischer Gene nutzbar gemacht werden. Es ist deshalb von großem Interesse, Formen zu selektieren, die sich bei gleichem genetischen Hintergrund in wenigen bzw. möglichst einem Merkmal voneinander unterscheiden.

Im Rahmen des oben genannten Forschungsprojektes gelang es, durch wiederholte Einzelpflanzenselektion stabile morphinarme Mohnlinien zu erhalten. Im Berichtszeitraum konzentrierten sich die Arbeiten auf die Entwicklung von Linien mit stabil exprimierten weiteren Chemotypen. Im Ergebnis eines umfangreichen Screening- und Kreuzungsprogrammes wurden vier Populationen *Papaver somniferum* L. ausgewählt und analysiert. Die erhaltene große Variation im Gehalt spezifischer Alkaloide, insbesondere von Noscapin, Thebain und Papaverin, war die Grundlage für den Beginn einer Einzelpflanzenselektion zur Linienentwicklung. Die ausgewählten Einzelpflanzen repräsentierten folgende Chemotypen: noscapinreich-NR, noscapinarm-NA, thebainreich-TR, thebainarm-TA, papaverinarm-PA (Tab.1).

Tab. 1: Alkaloidgehalt der Ausgangspflanzen

Table 1: Alkaloid content of the starting plant material

Ausgangspflanze	Alkaloidgehalt der Ausgangspflanze (% TM)*	Chemotyp*	Nachkommen-schaften
13/98-1	0,749 (N)	NR	20/99
13/98-2	0,536 (N)	NR	21/99
15/98-2	0,216 (T)	TR	27/99
15/98-6	0,008 (T)	TA	28/99
19/98-13	0,005 (P)	PA	51/99
22/98-19	0,045 (N)/ 0,0161(T)	NA/TA	52/99
22/98-20	0,060 (N)/ 0,000 (P)/ 1,084(T)	NA/PA/TR	53/99

\* N-Noscapin, T-Thebain, P-Papaverin, NR/ NA-noscapinreich/-arm, TR/ TA- thebainreich/-arm, PA-papaverinarm, TM-Trockenmasse= trockene Kapsel.

Die Alkaloidgehalte der Einzelpflanzennachkommenschaften sind in der Tabelle 2 dargestellt. Die Ergebnisse zeigen, daß auch in den Nachkommenschaften eine große Variation vorhanden ist. Der Selektionserfolg war in den einzelnen Linien unterschiedlich. Für die Nachkommenschaften (20/99, 21/99) der noscapinreichen Chemotypen konnte der hohe Noscapingehalt der Ausgangspflanzen nicht nachgewiesen werden. Gleiches gilt für die Nachkommenschaften (27/99, 53/99) der thebain-reichen Pflanz-

zen, die zumeist im Thebaingehalt unter dem der Ausgangsform lagen. Während der hohe Gehalt an Noscapin bei keiner der Einzelpflanzen der Nachkommenschaften (20/99, 21/99) erreicht worden war, wiesen die beiden Nachkommenschaften (27/99, 53/99) der thebainreichen Pflanzen jedoch Typen auf, die annähernd soviel bzw. höhere Thebaingehalte besaßen wie die Ausgangsform. Damit könnten sie für eine weitere Selektion thebainreicher Pflanzen genutzt werden.

Tab. 2: Alkaloidgehalt (% TM\*) der Nachkommenschaften  
Table 2: Alkaloid content (% dry matter\*) of the progenies

Chemotyp*	Nachkommen-schaften	Pflanzen-anzahl n	Alkaloidgehalt (% TM*)									
			Papaverin			Thebain			Noscapin			
			Mittelwert	Max.	Min.	Mittelwert	Max.	Min.	Mittelwert	Max.	Min.	
NR	20/99	20	–**	–	–	–	–	–	–	0,133	0,260	0,020
NR	21/99	21	–	–	–	–	–	–	–	0,110	0,190	0,005
TR	27/99	11	–	–	–	0,155	0,691	0,009	–	–	–	–
TA	28/99	9	–	–	–	0,178	0,350	0,060	–	–	–	–
PA	51/99	6	0,004	0,020	0,000	–	–	–	–	–	–	–
NA/TA	52/99	10	–	–	–	0,040	0,231	0,002	0,030	0,050	0,020	0,020
NA/PA/TR	53/99	9	0,003	0,007	0,000	0,250	0,960	0,020	0,030	0,050	0,020	0,020

\* NR/ NA-noscapinreich/-arm, TR/ TA-thebainreich/-arm, PA-papaverinarm, TM-Trockenmasse=trockene Kapsel.

\*\* Ergebnisse nicht dargestellt.

Bei den zwei Nachkommenschaften (52/99, 53/99) der NA-Typen war der Noscapingehalt bei allen ähnlich bzw. geringer als der der jeweiligen Ausgangspflanze. Dies kann als Hinweis für das Erfassen einer genetischen Determinierung des Noscapingehaltes im Ergebnis des durchgeführten Selektionsschrittes gewertet werden. Das Material scheint für eine weitere Selektion gut geeignet. In einer der beiden thebainarmen Nachkommenschaften (28/99) wurde generell ein Thebaingehalt über dem der Ausgangsform nachgewiesen. Sieben der zehn untersuchten Nachkommen (52/99) der anderen hatten geringere Thebaingehalte als ihre Mutterpflanze.

Die Nachkommenschaften (51/99, 53/99) der papaverinarmen Einzelpflanzen hatten durchschnittlich einen höheren bzw. ähnlichen Papaveringehalt, wobei aber etwa für die Hälfte der untersuchten Pflanzen kein Papaverin bzw. ein geringerer Gehalt als in der Ausgangspflanze nachgewiesen wurde.

Die Ergebnisse deuten an, daß das erwünschte Ziel der Selektion, einen bestimmten Chemotyp stabil in einer Linie zu erhalten, bei den beiden Nachkommenschaften der noscapinarmen Einzelpflanzen im ersten Selektionsschritt erreicht werden konnte. Genaue Aussagen dazu können jedoch erst nach weiteren Untersuchungen erfolgen. Fünf Linien, die die Chemotypen thebainreich, thebainarm und papaverinarm repräsentieren, sind für eine weitere Selektion geeignet.

Abstract:

For development of plants with specific alkaloid pattern

(chemotypes) single plant selection based on four different populations of poppy, *Papaver somniferum* L., was performed. The alkaloid content of the progenies of seven plants with different chemotypes ('high noscapine'-NR, 'low noscapine'-NA, 'high thebaine'-TR, 'low thebaine'-TA, 'low papaverine'-PA) were analysed by HPLC. In the progenies a large variation of alkaloid content was observed. It seems, that only the two 'low noscapine' poppy lines have a stable chemotype after the first selection step. These results must be verified by additional investigations. Five lines with the chemotypes 'high thebaine' and 'low thebaine' and 'low papaverine' are suitable for further selection.

Dieses Projekt wird gefördert durch das Land Sachsen/Anhalt (FKZ-2482A/0086G).

(BAZ-1232)

### 3.2. Analyse unterschiedlicher Alkaloide in Sorten- und Linienmaterial von *Papaver somniferum* L. Analysis of different alkaloids in samples of *Papaver somniferum* L. varieties and lines.

Straka, P.; Nothnagel, Th.; Colditz, D.

Zielstellung/Aim:

Gegenstand der Forschungsarbeiten war die Analyse von Alkaloiden in grünem Pflanzenmaterial unterschiedlicher Sorten/Linien bei Schlafmohn, *Papaver somniferum* L. Ziel

war es, eine Sorte/ Linie mit einem möglichst hohen Morphingehalt im Stadium der Milchreife zu identifizieren.

The alkaloid content of green poppy plants, *Papaver somniferum* L., are analysed to identify a variety or line with a high morphine content during the early stage of plant development.

#### Ergebnisse:

Der Schlafmohn, *Papaver somniferum* L., dient neben der Verwendung als Backmohn zur Herstellung pharmazeutischer Präparate. In diesem Zusammenhang ist der Gehalt an Alkaloiden in grünem Pflanzenmaterial, welches als Basis zur Herstellung ethanolischer Rohextrakte dient, von Bedeutung.

In einem zweijährigen Vergleichsanbau 2000 und 2001 wurden folgende vier verschiedene Schlafmohn-Sorten und -Linien in vier Wiederholungen auf Parzellen angebaut: 'Cosmos', 'Lasur', 'Quedlinburger' und die in der BAZ selektierte Linie 'RMR' (Tab. 1). Das Saatgut der Sorte 'Lasur' erhielten wir von der polnischen Saatzucht-firma Hodowla Roslin Strzelce aus Poznan. Das Saatgut der anderen Sorten wurde uns dankenswerter Weise von der Deutschen Saatveredlung, Lippstadt sowie der Genbank in Gatersleben zur Verfügung gestellt.

Geerntet wurden alle oberirdischen Pflanzenteile ab 20 cm über dem Erdboden im Stadium der Milchreife. Es wurde die Frisch- und Trockenmasse pro Parzelle bestimmt. Die ethanolischen Extrakte aus den gehäckselten Pflanzenteilen wurden zur Analyse der fünf Hauptalkaloide des Schlafmohns mittels HPLC verwendet (Morphin, Codein, Thebain, Papaverin, Noscapin).

Tab. 1: Erntezeitpunkte der einzelnen Mohnsorten

Table 1: Harvest time of the individual poppy varieties

Sorte/Linie	Herkunftsland	Erntezeitpkt. 2000/Tage n. der Aussaat	Erntezeitpkt. 2001/Tage n. der Aussaat
Cosmos	Ungarn	76	80
Lasur	Polen	90	91
Quedlinburger	Deutschland	90	129
RMR	Deutschland	90	125

Die erhaltenen Messdaten wurden mit parameterfreien Verfahren, dem Kruskal-Wallis-Test und dem Median-Test, statistisch bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 95% ausgewertet (=95%).

Es konnten Unterschiede im Frischmasseertrag zwischen den Sorten in beiden Versuchsjahren nachgewiesen werden. Dieses Merkmal war unter den vorliegenden Bedingungen sortenabhängig. Die Unterschiede im Frischmasseertrag der Sorten/ Linie des ersten Versuchsjahres wurden aber im zweiten Versuchsjahr nicht reproduziert. Insbesondere die beiden Sorten 'Lasur' und 'Quedlinburger', die die höchsten Frischmasseerträge 2001 und 2000 aufwiesen, sind in ihren Erträgen der beiden Versuchsjahre signifikant unterschiedlich. Dies deutet darauf hin, dass

Umweltfaktoren dieses Merkmal erheblich beeinflussen. Die Analysen der Trockenmasse (%) ergaben für alle Sorten/ Linie mit Ausnahme von 'Lasur' sehr ähnliche Werte. Das deutet darauf hin, dass sich das Probenmaterial, welches für die Alkaloidanalysen genutzt wurde, weitgehend im gleichen Reifestadium befand.

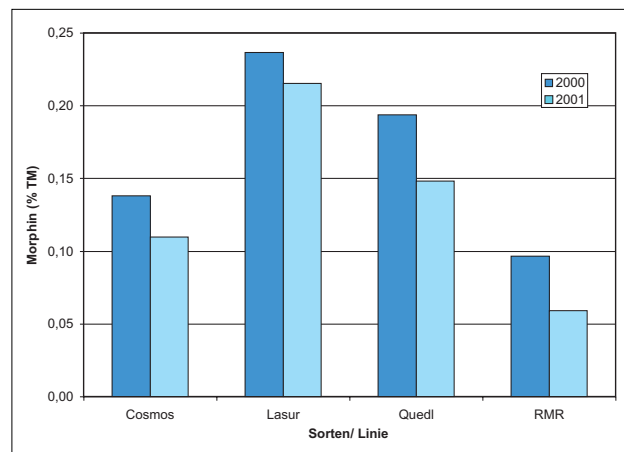


Abb. 1: Morphingehalt von grünem Pflanzenmaterial bei verschiedenen Sorten/ Linien von Schlafmohn (*Papaver somniferum* L.)

Fig.1: Morphine content of green plant material in different varieties/ lines of poppy (*Papaver somniferum* L.)

Von den vier analysierten Sorten/Linien wies die Sorte 'Lasur' unter den gegebenen Versuchsbedingungen den höchsten Gehalt an Morphin auf. Die Sorte 'Quedlinburger' war im Morphingehalt etwas geringer, danach folgten 'Cosmos' und die Linie 'RMR'. Diese Ergebnisse waren in ihrer Reihenfolge in beiden Versuchsjahren 2000 und 2001 gleich (Abb. 1).

Der Gehalt an den vier weiteren analysierten Alkaloiden lag um mindestens eine Zehner-Potenz unter dem Gehalt an Morphin. Die Auswertung ergab in beiden Jahren signifikante Unterschiede zwischen den Sorten/ Linien. Bei der Beurteilung der Daten musste beachtet werden, dass in einigen Fällen mittels der angewandten HPLC-Methode keine Alkaloide, z.B. Papaverin oder Noscapin, nachweisbar waren. Der Vergleich der Codeingehalte zwischen den Jahren 2000 und 2001 ergab signifikante Unterschiede für die Sorten/ Linie 'Cosmos', 'Quedlinburger' und 'RMR'. Die Sorte 'Lasur' unterschied sich in ihrem Gehalt an Codein im Jahr 2000 nicht signifikant von ihrem Codeingehalt in 2001.

Ein signifikanter Unterschied zwischen dem Gehalt an Papaverin im Jahr 2000 und dem im Jahr 2001 wurde für die Sorte 'Quedlinburger' nachgewiesen. Die Sorte 'Cosmos' war in ihren Papaveringehalten der Jahre 2000 und 2001 unter den gegebenen Bedingungen weitestgehend stabil. Für 'Lasur' und 'RMR' konnte sowohl 2000 als auch 2001 kein Papaverin nachgewiesen werden. Der Gehalt an Thebain in den Sorten 'Cosmos' und 'Lasur' im Jahr 2000 unterschied sich von den entsprechenden Thebaingehalten 2001 signifikant. Die Sorten/Linie 'Quedlinburger' und 'RMR' wiesen keine signifikanten Unterschiede

de in ihren Thebaingehalten zwischen den Jahren auf. Bezüglich des Gehaltes an Noscapin waren alle Unterschiede zwischen den einzelnen Sorten/ Linien 'Cosmos', 'Quedlinburger' und 'RMR' in den beiden Versuchsjahren statistisch gesichert. In der Sorte 'Lasur' wurde in beiden Jahren kein Noscapin nachgewiesen. Die Ergebnisse deuten auf die bekannte Umweltabhängigkeit der Alkaloidgehalte im Schlafmohn (*Papaver somniferum* L.) hin.

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass im Ergebnis der Forschungsarbeiten die Sorte 'Lasur' für einen Anbau im Sinne der Aufgabenstellung am geeignetsten erscheint.

**Abstract:**

Significant differences in the content of different alkaloids in green plant material of four varieties/lines were determined. The variety 'Lasur' presented the highest morphine content in two years of investigations.

Wir danken der Firma Pharma Wernigerode für die Finanzierung dieses Projektes.

(In Ergänzung zu BAZ-1232)

**3.3. Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe in diversen Medizinal- und Gewürzpflanzen mittels Nah Infrarot-Spektroskopie (NIRS) und Aufbau eines NIR-Netzwerkes für Arznei- und Gewürzpflanzen**  
**Determination of bioactive components in various medicinal and aromatic plants by near-infrared spectroscopy (NIRS) and development of a NIRS network for medicinal and spice plants**

S. Pfeffer; B. Steuer; H. Schulz; H. Krüger

**Zielsetzung/Aim:**

Auch in diesem Jahr wurden wieder verschiedene Medizinal- und Gewürzpflanzen untersucht, um objektive Aus-

gen bzgl. der Machbarkeit von NIR-spektroskopischen Untersuchungen für die Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe anstellen zu können. Außerdem wurden bestehende NIR-Methoden durch zusätzliche Kalibrationsproben weiter verbessert. Des Weiteren war der für den Aufbau eines NIR-Netzwerkes erforderliche Spektren-transfer eines der vorrangigen Forschungsaufgaben.

Also this year several medicinal and spice plants were analysed to obtain objective criteria with regard to the application of NIR spectroscopic studies for the determination of valuable components. Furthermore, existing NIR methods were improved recognising additional calibration samples. Another topic of research was the spectra transfer, which is a basic precondition for the development of a new NIR network for medicinal and aromatic plants.

**Ergebnisse:**

Mit Hilfe der NIR-Spektroskopie ist es möglich, die wertgebenden Komponenten in Medizinal- und Gewürzpflanzen ohne aufwendige Probenvorbereitung zu bestimmen. Außerdem kann die Bestimmung wesentlich schneller und kostengünstiger als mit den klassischen Analyseverfahren (HPLC und GC) durchgeführt werden. Im Berichtszeitraum konnte gezeigt werden, dass für verschiedene ätherische Öle (Oregano, Basilikum und Schafgarbe) eine Bestimmung der wertgebenden Komponenten mit Hilfe der NIR-Spektroskopie prinzipiell möglich ist (Tabelle 1-3). Außerdem gelang es, den Harpagosidgehalt in Teufelskrallen-Extrakten zuverlässig zu bestimmen ( $R^2=0,987$  und  $SECV=9,67$ ). Eine weitere Anwendung ist die Bestimmung des ätherischen Ölgehaltes ( $R^2=0,968$  und  $SECV=0,054$ ) in Schafgarbendroge (getrocknete, oberirdische Pflanzenbestandteile). Besonders bemerkenswert ist die gute Vorhersage der unterschiedlichen Alkaloide (Morphin, Codein, Papaverin, Thebain und Noscapin) in gemahlene Mohnkapseln, da die Gehalte der Wertkomponenten hier meist deutlich unter einem 1% liegen.

Tab. 1: Statistische Parameter für die NIR-Vorhersage von Schafgarbenöl-Inhaltsstoffen  
 Table 1: Statistical parameters for the NIR-prediction of milfoil oil substances

Ölkomponenten	Bereich	R <sup>2</sup>	SECV (%)
Sabinen	0,22 – 11,65	0,995	0,2
β-Pinen	0,42 – 16,63	0,995	0,4
1,8-Cineol	0,31 – 25,30	0,998	0,4
Artemisia-Keton	0,21 – 30,47	0,999	0,3
Campher	0,32 – 28,54	0,995	0,7
Borneol	0,56 – 13,36	0,974	0,5
Anethol	0,25 – 69,61	0,999	0,4
Chamazulen	0,26 – 18,69	0,993	0,6

Tab. 2: Statistische Parameter für die NIR-Vorhersage von Basilikumöl-Inhaltsstoffen  
 Table 2: Statistical parameters for the NIR-prediction of basil oil substances

Ölkomponenten	Bereich	R <sup>2</sup>	SECV (%)
1,8-Cineol	0,36 – 27,70	0,987	1,2
Linalool	0,20 – 90,26	0,999	0,9
Estragol	0,55 – 98,09	1,000	1,0
Thymol	0,23 – 44,88	0,996	1,4
Eugenol	0,25 – 66,41	0,999	0,7
Eugenolmethylether	0,30 – 83,44	0,999	0,9
α-Bergamoten	0,26 – 8,86	0,918	0,8
β-Caryophyllen	0,36 – 47,89	0,995	0,8

Tabelle 3: Statistische Parameter für die NIR-Vorhersage von Oreganoöl-Inhaltsstoffen  
 Table 3: Statistical parameters for the NIR prediction of oregano oil substances

Ölkomponenten	Bereich	R <sup>2</sup>	SECV (%)
Sabinen	0,25 – 24,94	0,9982	0,3229
Myrcen	0,60 – 2,80	0,9143	0,1768
α-Terpinen	0,40 – 6,93	0,9932	0,1830
p-Cymen	0,26 – 18,61	0,9973	0,2906
Ocimen	0,29 – 16,11	0,9946	0,4125
γ-Terpinen	1,58 – 33,14	0,9997	0,2222
Linalool	0,21 – 7,74	0,9584	0,3970
Terpinen-4-ol	0,42 – 16,04	0,9957	0,3426
Thymol	0,57 – 65,73	0,9996	0,5712
Carvacrol	0,21 – 42,00	0,9992	0,4144
α-Caryophyllen	0,98 – 21,77	0,9939	0,5342
α-Humulen	0,23 – 3,59	0,9869	0,1115

Erstmals war es möglich, den Bisabololgehalt in Kamilleblüten zuverlässig zu bestimmen. Es wurden in diesem Zusammenhang Kalibrationen für frische, luftgetrocknete und homogenisierte Kamilleblüten erstellt. Die Güte der jeweils erhaltenen Kalibration steigt erwartungsgemäß mit zunehmender Homogenisierung der Proben und geringerem Feuchtanteil an. Allerdings konnte die Vorhersage bei Kamille bis jetzt nur für eine Sorte (Mabamille) zu einem Erntezeitpunkt erfolgreich vorgenommen werden. Hier sind unbedingt noch weiterführende Untersuchungen erforderlich, um die anderen störenden Einflussgrößen besser kennen zu lernen.

Die bereits bestehende NIR-Kalibration zur Vorhersage des Echinacosidgehaltes in den Wurzeln des Roten Sonnenhutes (*Echinacea angustifolia*, *Echinacea pallida*) konnte weiter optimiert werden (R<sup>2</sup>=0,935 und SECV=0,2028). Die nun vorliegende Kalibration ist geeignet, die bisherige sehr kostenintensive HPLC-Bestimmung des Echinacosidgehaltes (ca. 250 DM je Analyse) weitgehend zu ersetzen.

Auch die Robustheit der vorliegenden Kalibrationen für Thymiandroge wurde weiter verbessert. Indem die Spektren der Ernten aus dem Jahre 1999 und 2000 zusammengefasst wurden, ergab sich eine Verbesserung der Vorhersagegüte, so dass nunmehr eine simultane Bestimmung

des ätherischen Ölgehaltes, sowie des Thymol- und Carvacrolgehaltes in der Droge relativ unabhängig von erntebedingten Einflussgrößen möglich ist.

Kritisch muss allerdings angemerkt werden, dass bei der Anwendung der NIR-Spektroskopie einige grundlegende Dinge zu beachten sind. So ist z.B. der Trocknungsgrad der Droge von entscheidender Bedeutung für die Intensität der erhaltenen Spektren. Dies ist exemplarisch im Bild 1 am Beispiel der Kamilledroge dargestellt.

Um die Grenzen eines Kalibrationstransfers zu bestimmen, wurde versucht, einen Transfer zwischen einem Gittergerät (Wellenlängenbereich 1100-2500 nm; spektrale Auflösung 2 nm) und einem Dioden-Array-Gerät (Wellenlängenbereich 948-1710 nm; spektrale Auflösung 6 nm) durchzuführen. Dabei wurde festgestellt, dass für ein Netzwerk möglichst baugleiche Geräte (entweder Gitter-Spektrometer oder Dioden-Array-Spektrometer) verwendet werden sollten. Zumindest sollte aber der Wellenlängenbereich und die optische Auflösung etwa identisch sein, da ansonsten zuviel spektrale Information verloren geht. Um diese Aussage zu bestätigen, wurden verschiedene pflanzliche Proben (Mohn, Echinacea, Kamille, Teufelskrallen-Extrakt und Oreganoöl) auf einem Dioden-Array-Gerät (Wellenlängenbereich 1100-2500 nm; spektrale Auflösung

4 nm) vermessen. Die Kalibrationen der auf beiden Geräten aufgenommenen Spektren sollen in einem alternativen Statistikprogramm (GRAMS) ausgewertet werden. Dadurch sollte ein qualitativer Vergleich der verschiedenen Kalibrationen möglich sein. Auf die hierbei resultierenden Ergebnisse wird im nächsten Jahresbericht ausführlich eingegangen werden.

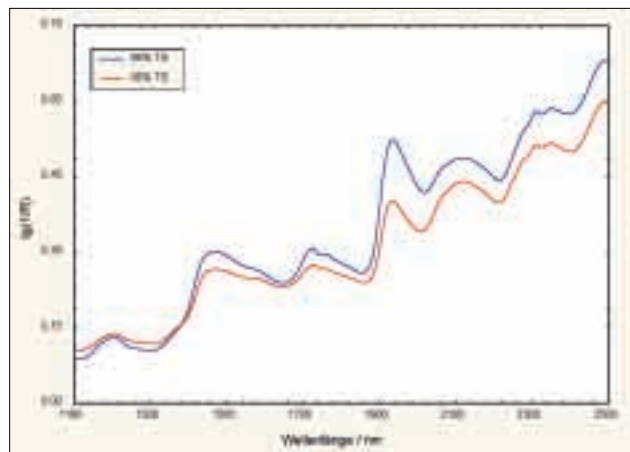


Abb. 1: NIR-Spektren von Kamilleblüten mit unterschiedlichem Trockensubstanz (TS) -gehalt

Fig. 1: NIR spectra of camomile flowers with different dry matter content

#### Abstract:

Several new NIR calibrations for various valuable compounds occurring in medicinal and aromatic plants were developed. The different alkaloids (morphine, codeine, papaverine, thebaine and noscapine) were reliably determined in ground poppy capsules although the content of these bioactive substances is comparatively low. Furthermore, good results were obtained to predict the bisabolol content in fresh, dried and homogenised camomile flowers. Attempts have also been made to describe possible transfer algorithms for NIR spectra between different spectrometer systems. In this context similar sample sets were analysed on different spectrometer types and the resulting calibration equations were compared by the same statistical tools.

### 3.4. Spektroskopische Inhaltsstoffbestimmungen an Rosmarin, Kamille und Sonnenhut mittels ATR-FT-IR Methoden.

#### Spectroscopic determination of valuable components in rosemary, chamomile and echinacea by ATR-FT-IR methods.

Schulz, H., Quilitzsch, R.

#### Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe der Diamant-ATR-Technik (abgeschwächte Totalreflexion) sollen spektroskopische Messungen an flüssigen und pulverförmigen Heil- und Gewürzpflanzenproben durchgeführt werden. Auf Basis der referenzanalytischen Daten sollen für die jeweiligen Pflanzeninhaltsstoffe Kalibrationsgleichungen entwickelt und die erhalte-

nen statistischen Leistungsparameter entsprechend bewertet werden.

Spectroscopic measurements on liquid and powdered medicinal and spice plants will be performed applying diamond ATR technology. Based on reference analysis data calibration equations have to be performed for individual plant substances and the obtained statistic parameter will be interpreted.

#### Ergebnisse:

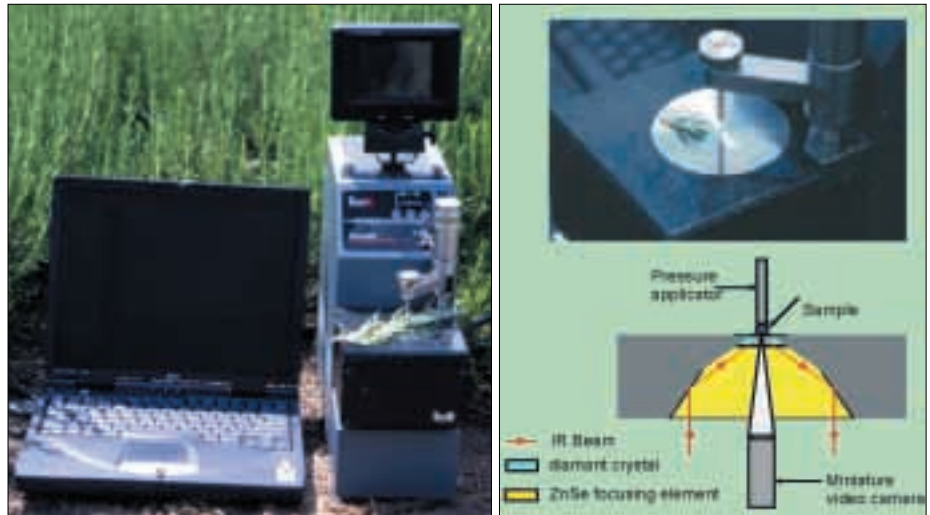
In Betrieben der pharmazeutischen Industrie wie auch in der Lebensmittelindustrie sind schnelle Wareneingangs- und ausgangskontrollen bezüglich bestimmter Inhaltsstoffgehalte notwendig. Für diesen Zweck können spektroskopische Methoden gegenüber chromatographischen Trennmethoden wie GC (Gas-Chromatographie) und HPLC (Hochleistungs-Flüssigkeits-Chromatographie) einen bedeutenden Zeitvorteil liefern. In den letzten zehn Jahren haben sich besonders NIR-Methoden als schnelle Kontrollmessungen etabliert. Eine effiziente Probenpräparation und Messung im mittleren Infrarot (MIR) mittels der ATR-Technik war dagegen lange Zeit nur mit flüssigen Proben möglich. Weil die Spektren im MIR bedeutend mehr Informationsgehalt als NIR-Spektren aufweisen und daher für chemometrische Auswertungen ein höheres Bestimmtheitsmaß erwarten lassen, ist es erstrebenswert, den MIR-Bereich auch für pflanzliche Proben (frisch, getrocknet und pulverisiert) zu erschließen. Dies konnte nunmehr durch Kombination der Diamant-ATR-Technik mit FT-IR-Spektrometer-Systemen erreicht werden.

Das Untersuchungsmaterial bestand aus 96 Proben gepulverter Sonnenhutwurzeln (*Echinacea angustifolia*) der Fa. Martin Bauer, Vestenbergsgreuth, Deutschland, deren Echinacosidgehalte zuvor mittels HPLC bestimmt worden waren sowie aus 180 pulverförmigen Proben von getrockneten Rosmarinblättern (*Rosmarinus officinalis* L.), deren Carnosolsäuregehalte ebenfalls mittels HPLC ermittelt worden waren. Darüber hinaus wurden 55 kommerziell verfügbare Kamillenöle, von denen die wichtigsten Inhaltsstoffe mittels Gaschromatographie zuvor analysiert worden waren, MIR-spektroskopisch untersucht.

Die spektroskopischen Messungen im mittleren Infrarot (MIR) wurden an einem Gerät des Typs „Travel-IR“ der Resultec Analytic Equipment (Garbsen, Deutschland) durchgeführt (Abb.1a). Es handelt sich dabei um ein Fourier-Transform (FT-IR)-Spektrometer mit fest montierter Diamant-ATR-Vorrichtung und einem Mikro-Video-System zur Probenbeobachtung (Abb. 1b). Bei der Diamant-ATR-Vorrichtung sind ein Diamant- und Zinkselenidkristall so zusammengesetzt, daß an der freien Oberfläche des Diamantkristalls die Totalreflexionsbedingung für Infrarotstrahlung erfüllt ist. Dort werden die Proben (flüssig oder fest) aufgebracht. Im Falle von festen oder pulverförmigen Proben werden diese zur Verbesserung der Aufnahmebedingungen durch eine Anpressvorrichtung mit definiertem Druck auf den Kristall gepresst. Der Anpressdruck kann in acht Stufen eingestellt werden.

Abb. 1: Messungen in einem Rosmarinbestand mit Hilfe eines transportablen MIR-Spektrometersystems (links) und schematischer Aufbau des Diamant-ZnSe-Komposit-Systems (rechts).

Fig. 1: On-site measurements of rosemary plants with a portable MIR spectrometer system (left) and schematic of the diamond/ZnSe composite system (right).



Die Fläche des Diamantkristalls beträgt ca. 1,8 mm<sup>2</sup>, so daß Probenmengen von 2 bis 5 µl für die Registrierung eines Spektrums ausreichen. Die Reflexionsspektren wurden im Wellenzahlenbereich 650 – 4000 cm<sup>-1</sup> mit einer spektralen Auflösung von 2 cm<sup>-1</sup> registriert. Die Auswertung der Spektren erfolgte zum größten Teil mit dem Programm Opus/Quant 2.0 (Fa. Bruker, Karlsruhe, Deutschland). Es handelt sich dabei um ein multivariates statistisches Spektrenauswerteprogramm (PLS), welches die gemessenen Spektren von Proben mit den analysierten Inhaltsstoffgehalten der gleichen Proben zum Zwecke einer Kalibrierung verknüpft. Die Güte der Vorhersage wird durch zwei statistische Maße angegeben: das Bestimmtheitsmaß R<sup>2</sup> und den Vorhersagefehler RMSECV (root mean square error of cross validation = mittlerer quadratischer Fehler der Kreuzvalidierung).

Erwartungsgemäß sind die Spektren der 55 Kamillenölproben sehr gut strukturiert. Sie entsprechen den Ergebnissen, wie sie auch mit einer konventionellen horizontalen ATR erzielt werden können. Der Vorteil der Diamant-ATR liegt hier allerdings in dem sehr geringen notwendigen Probenvolumen von minimal zwei Mikrolitern. Im Wellenzahlenbereich von 650 bis 1800 cm<sup>-1</sup> treten eine größere Zahl von scharf definierten Banden auf, die von den einzelnen Ätherisch-Ölkomponenten herrühren. Für die chemometrischen Berechnungen wurden die Spektren zusam-

men mit den Konzentrationswerten für sieben Inhaltsstoffe von jeder Kamillenölprobe eingesetzt. Für jeden der sieben Kamillenölinhaltsstoffe wurde eine Kreuzvalidierungsrechnung (Opus/Quant 2.0 – Software) durchgeführt, bei der als Ergebnis ein Kalibrationsplot (Referenzdaten versus MIR-Spektraldaten) erhalten wurde. In Tabelle 1 sind diese Parameter zusammen mit den Konzentrationsbereichen für die untersuchten sieben Kamillenölkomponenten zusammengefasst. Für alle sieben Analyte werden demnach sehr gute Vorhersagen erhalten.

Tab.1: Konzentrationsbereich und Gütewerte der PLS-Statistik für Kamillenölinhaltsstoffe

Table1: Range of concentrations and quality values of PLS-statistics for substances of chamomile oil.

Ölkomponente	Bereich (%)	R <sup>2</sup>	RMSECV (%)
α-Bisabolol	1,41 - 55,51	0,982	2,0
Bisabololoxid	0,31 - 14,10	0,907	1,1
Chamazulen	1,91 - 16,84	0,963	0,9
cis-Spiroether	2,03 - 14,47	0,986	0,5
α-Farnesen	0,20 - 10,23	0,953	0,8
β-Farnesen	3,07 - 54,15	0,983	2,3
β-Cubeben	0,28 - 4,94	0,951	0,3

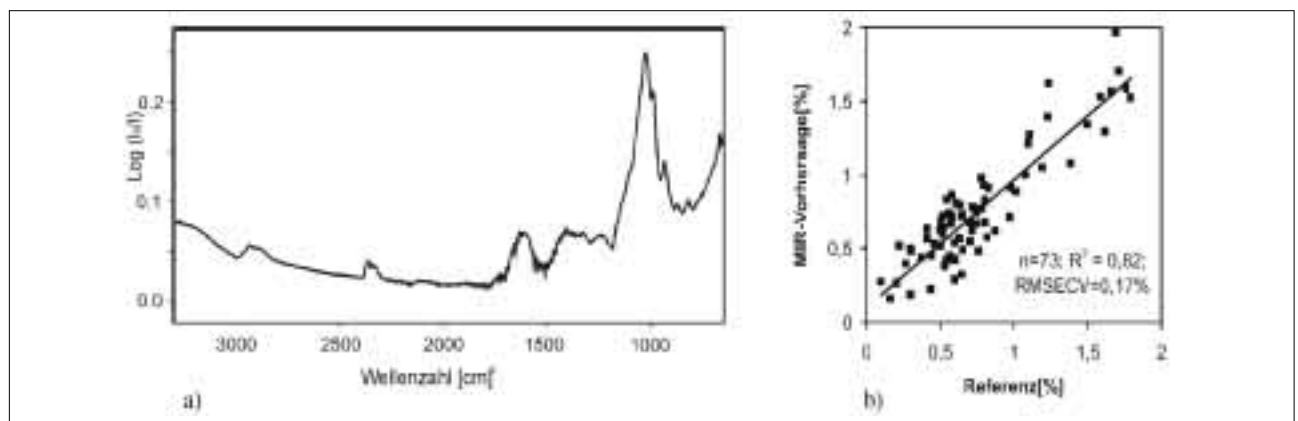


Abb. 2: Spektrum (a) und Kalibrationsplot (b) für die ATR-IR-Bestimmung von Echinacosid in *Echinacea* roots.

Fig. 2: Spectrum (a) and calibration plot (b) for ATR-IR determination of echinacoside in *Echinacea* roots.



Besonders für die Hauptbestandteile  $\alpha$ -Bisabolol,  $\beta$ -Farnesen und *cis*-Spiroether liefert die Statistik sehr gute Resultate. Damit bietet die MIR-Spektroskopie eine schnelle und preisgünstige Alternative, um die zeitaufwendige chromatographische Untersuchung von Kamillenölen zumindest teilweise zu substituieren. Die Spektren der gepulverten Sonnenhutwurzeln haben im Wellenzahlenbereich 850 – 1800  $\text{cm}^{-1}$  breite Banden, die von zahlreichen Signalen geringerer Intensität überlagert sind (Abb. 2a). Die Abbildung 2b zeigt den Kalibrationsplot für Echinacosid in gepulverten Echinacea-Wurzeln; demnach läßt sich die Methode sehr gut verwenden, um Herkünfte mit einem Echinacosidgehalt von mindestens 0,5 % zu charakterisieren.

Die Kalibriergerade wird durch eine inhomogene Werteverteilung bestimmt. Man sieht, daß für die meisten Proben der Echinacosidgehalt im Bereich von 0,2 % bis 1,0 %

liegt. Das Bestimmtheitsmaß für die Vorhersage kann als ausreichend bezeichnet werden.

Das Material der pulverisierten Rosmarinblätter liefert Spektren mit ebenfalls breiten Banden im Bereich 850 – 1800  $\text{cm}^{-1}$ , die im Bereich 1300 – 1800  $\text{cm}^{-1}$  mit zahlreichen schmalen Signalen geringerer Intensität überlagert sind (Abb. 3a). Für die quantitative Auswertung im Hinblick auf den Carnosolsäuregehalt ergab die Kreuzvalidierung den in Abb. 3b dargestellten Kalibrationsplot mit den dazu gehörigen statistischen Güteparametern. Die Kalibriergerade wird durch eine ziemlich homogene Werteverteilung bestimmt. Das Bestimmtheitsmaß von 0,87 kann als sehr befriedigend für eine spektroskopische Schnellbestimmung des Carnosolsäuregehaltes an getrockneten Rosmarinblättern (gepulvert) bezeichnet werden. Es sollten daher auf jeden Fall Pflanzen noch unterschieden werden können, deren Blätter im Carnosolsäuregehalt um zumindest 1 % differieren.

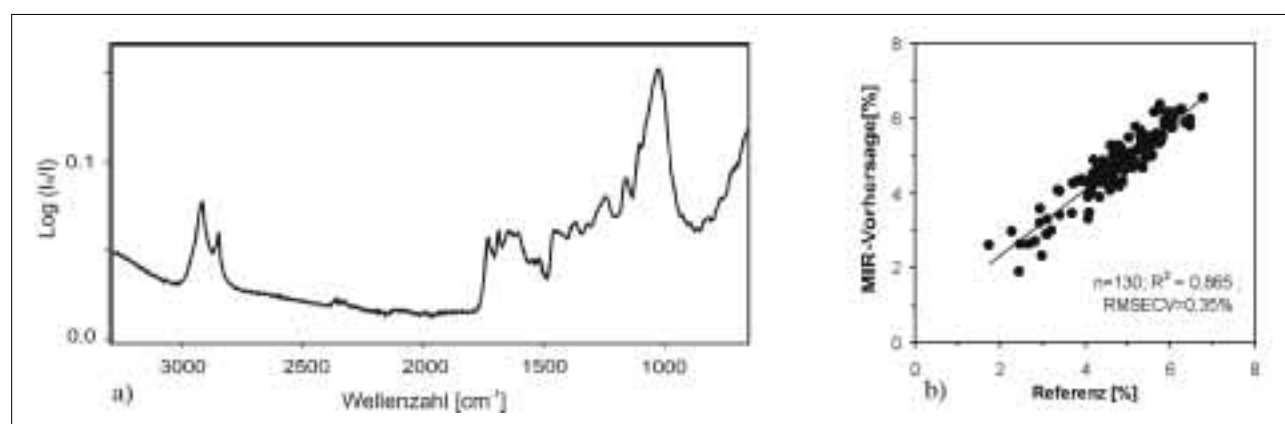


Abb. 3: Spektrum (a) und Kalibrationsplot (b) für die ATR-IR-Bestimmung von Carnosolsäure in Rosmarinblättern.  
Fig. 3: Spectrum (a) and calibration plot (b) for ATR-IR determination of carnosic acid in rosemary leaves.

Zusammenfassend kann gesagt werden, daß nach den bisher vorliegenden Ergebnissen die Diamant-ATR-Technik zusammen mit den chemometrischen Auswerteverfahren zur schnellen spektroskopischen Bestimmung der Hauptinhaltsstoffe von Drogen und ätherischen Ölen sehr gut geeignet ist.

#### Abstract:

In principle rapid MIR spectroscopic measurements on powdered samples of medicinal and spice plants are possible when the new diamond ATR technique (attenuated totally reflection) is applied. Studies performed at various samples of *Echinacea* roots (*E. angustifolia* and *E. pallida*), rosemary leaves (*Rosmarinus officinalis* L.) as well as chamomile oils demonstrate that fast quantitative predictions of valuable components can be easily obtained. In order to predict the individual components, a chemometrical model is applied. The developed calibration equations show very high coefficients of determination in the range of 0.82 - 0.98.

### 3.5. Die Variabilität von Enantiomeren in den ätherischen Ölen ausgewählter Arznei- und Gewürzpflanzen.

#### Variability of enantiomers occurring in the essential oils of selected medicinal and spice plants.

Krüger, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Die physiologische Wirkung chiraler Verbindungen wird oft nur durch ein Isomer bestimmt. Es ist daher interessant zu wissen, ob das Isomerenverhältnis durch Züchtung beeinflusst werden kann. Notwendige Voraussetzung hierfür sind Kenntnisse, inwieweit eine Variabilität innerhalb eines Antipodenpaares existiert und ob eine genetische Fixierung dieses Sachverhaltes festzustellen ist. Beide Fragen sollten mit Hilfe einer Petersilienkollektion untersucht und exemplarisch beantwortet werden.

The physiological effect of chiral compounds is often determined by only one isomer. Therefore, it is interesting to know, whether the enantiomer ratio can be influenced by breeding. Pre-condition for this is to answer the questions, how far a variability inside of a isomer pair is existing and whether a genetical fixing of this fact can be establis-

hed. Both problems should be investigated with the aid of a parsley collection and an answer should be framed exemplarily.

#### Ergebnisse:

Eine Petersilienkollektion, in welcher das Resistenzpotential gegenüber *Septoria petroselini* untersucht wurde (Projekt BAZ-1128), wurde gleichzeitig für die Bestimmung der Enantiomerenverhältnisse der optisch aktiven Terpene  $\alpha$ -Pinen und Limonen herangezogen. Bisherige Publikationen zur Konzentration von Enantiomeren in pflanzlichem Material stützen sich auf Untersuchungen an Einzelproben unterschiedlicher Herkunft und lassen kaum Verallgemeinerungen bzgl. der Variabilität innerhalb der Art bzw. innerhalb der Individuen zu. Nunmehr liegen Ergebnisse aus insgesamt 5 Ernten der Jahre 2000 und 2001 vor, wobei die Schnittmenge von beiden Jahren 26 Akzessionen enthält, insgesamt wurden in beiden Jahren jeweils ca. 60 Prüfglieder untersucht.

Zur Trennung von flüchtigen Enantiomeren werden gewöhnlich  $\beta$ -Cyclodextrinphasen heran gezogen, welche in letzter Zeit soweit verbessert wurden, dass auch Trennungen nicht chiraler Verbindungen mit hinreichender

Selektivität erzielt werden konnten, so dass man auf sonst notwendige Säulenschaltungen weitgehend verzichten kann. Gleichwohl, und dies zeigte sich auch bei der Untersuchung der Petersilienextrakte, kann es zu Trennproblemen kommen, z.B. für die  $C_6$ -Kohlenwasserstoffe (-)-Limonen und Cymen. Wenn durch Optimierung der Trennbedingungen diese nicht behoben werden können und, wie in unserem Falle, eine Säulenschaltung nicht zur Verfügung steht, lassen sich Fehler nur durch eine zweite, achirale Chromatographie korrigieren.

Was die Enantiomerenvariabilität in Petersilie betrifft, lässt sich feststellen, dass die Isomerenverhältnisse von --Pinen und Limonen in den Ernten einer Herkunft nicht konstant sind, die Schwankungsbreiten aber stets viel kleiner sind als jene der gesamten Kollektion, welche für das Isomerenpaar (-/+)- $\alpha$ -Pinen (Abb. 1) zwischen 40 : 60 und 90 : 10 sowie für (+/-)-Limonen zwischen 42 : 58 und 90 : 10 liegen. Dies weist deutlich darauf hin, dass einerseits die Isomerenverhältnisse in den einzelnen Herkünften genetisch weitgehend fixiert sind, andererseits aber eine hinreichend große Schwankungsbreite innerhalb der Kollektion vorhanden ist, um als Basis für die Selektion interessanter Typen dienen zu können.

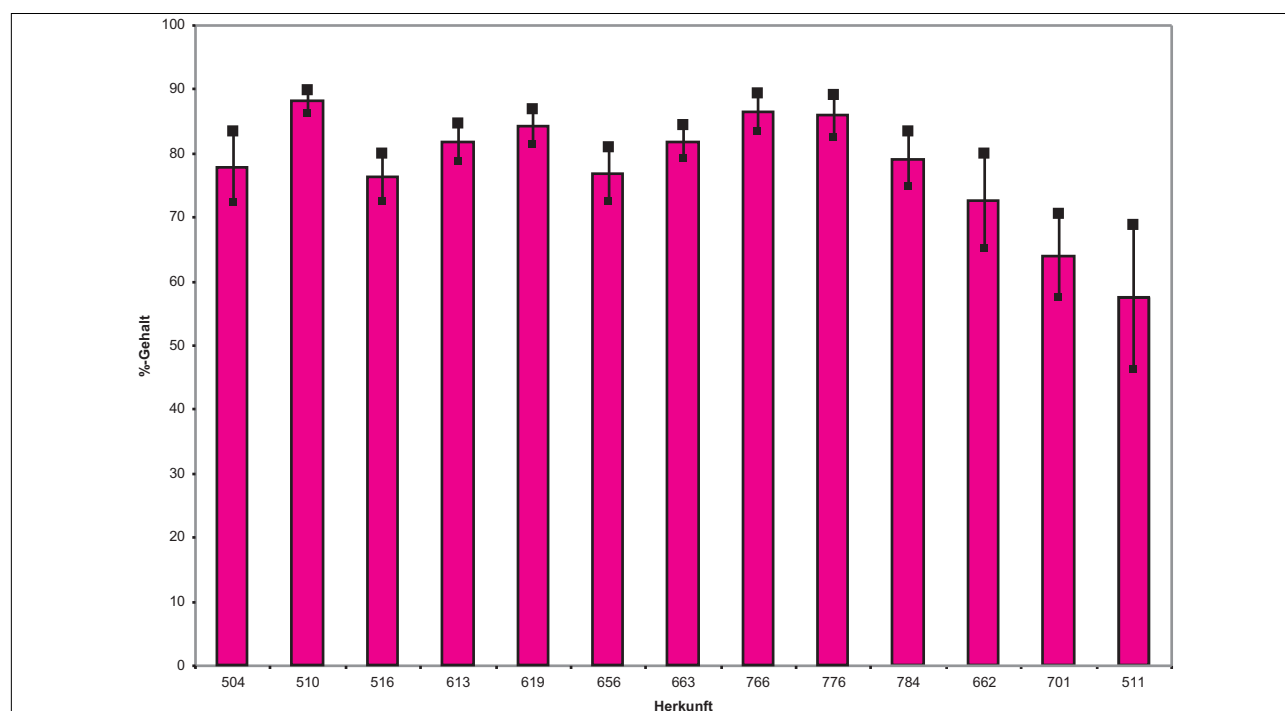


Abb.1: Prozentualer Anteil von (-)- $\alpha$ -Pinen am Gesamt- $\alpha$ -Pinengehalt ätherischer Blattöle von Petersilienherkünften. Die Säulen sind Mittelwerte aus 5 Ernten mit zwei Wiederholungen der Jahre 2000 und 2001 versehen mit den zugehörigen Standardabweichungen

Fig. 1: Individual percentages of (-)- $\alpha$ -pinene related to the total  $\alpha$ -pinene content occurring in essential leaf oils of various parsley accessions harvested in 2000 and 2001. The bars represent the average of 5 harvests with two replications of the years 2000 and 2001 including the individual standard deviations.

#### Abstract:

The variability of the enantiomer isomer ratio of  $\alpha$ -pinene and limonene in essential leaf oils of a parsley collection is higher than in five harvests of individual plants. Relating to this finding it can be assumed, that there is a different genetic background for the biosynthesis of both enantio-

mers in the analysed single plants. This study is the first approach to perform breeding activities in the near future which will be focused on selection of distinctive enantiomers in individual medicinal and spice plants. (BAZ-1229)

# Arbeitsgruppe EDV

## Data processing

### Quedlinburg

In vielen Bereichen der modernen Züchtungsforschung kann die gezielte Nutzung der Informationstechnologie vorhandene Möglichkeiten erweitern und neue eröffnen. In der Arbeitsgruppe EDV der BAZ werden datenbankgestützte Lösungen entwickelt, mit deren Hilfe das Management der in der Forschung anfallenden Informationsmengen optimiert werden soll.

In zunehmendem Umfang müssen Daten zwischen Arbeitsgruppen und Instituten ausgetauscht werden oder ist ein Zugriff auf Daten Dritter notwendig. Darüberhinaus gewinnen übersichtliche Aufbereitung, datenbankübergreifende Recherchen und Präsentation von Daten im Internet an Bedeutung. In einer 2001 neu gebildeten BAZ-Arbeitsgruppe „Datenmanagement“ wurde damit begonnen ein zentrales Datenmanagement für alle Forschungsdaten in der BAZ zu planen. Alle laufenden Aktivitäten sollen weiterentwickelt und später Teil des Gesamtprojektes mit einem zentralen Datenbanksystem als Kern einer verteilten Datenbank werden.

Unter Berücksichtigung dieser Vorgaben wurden die in der Arbeitsgruppe EDV bearbeiteten Projekte weiter bearbeitet.

In many fields of modern breeding research, the purposeful application of information technologies can help to enhance existing means and to provide new ones. BAZ is developing database concepts with the aim to optimize the management of the large data volumes produced in research.

There is a growing need of exchanging data between work groups or institutes or of having access to external data. In addition, more attention is given to clear structures in data management, searching in interlocked database networks, and to the presentation of data via internet.

The new Data Management work group established at BAZ in 2001 began to draft a central concept of data management for all research data of BAZ. These activities will be continued and, later, integrated into a central database management system.

The specific projects of the DP Unit in the period under review were closely connected with the establishment of this central information system.

#### **1. Entwicklung eines Datenmodells und Implementierung einer Client-Server-Datenbanklösung zur Abbildung der Arbeiten an Material der Gattung *Brassica* einschließlich aller anfallenden Daten auf Einzelpflanzenbasis**

##### **Development of a data model and establishment of a client-server-database to illustrate research on genus *Brassica*, a data preparation per single plant included**

Kecke, S.; Marthe, F.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Klocke, E.; Schütze, W.

##### Zielsetzung/Aim:

Mit Hilfe eines zu entwickelnden Datenmodells und einer darauf aufbauenden Client-Server-Datenbanklösung soll eine Work-Flow-Lösung für die institutsübergreifend in mehreren Arbeitsgruppen anfallenden Daten an Pflanzen der Gattung *Brassica* geschaffen werden. Die Daten sind unterschiedlichster Art und werden mit unterschiedlichen Methoden erzeugt. Die Lösung wird eine Dokumentation der laufenden und der abgeschlossenen Arbeiten der beteiligten Arbeitsgruppen sowie die Speicherung aller Einzelergebnisse ermöglichen. Mit Methoden des 'Data.Mining'

werden Algorithmen entwickelt, die eine übergreifende Bereitstellung und Auswertung der Daten bis hin zur Rekonstruktion von Stammbäumen einzelner Pflanzen ermöglichen.

A data model will be developed as a basis for a client-server-database. The database contains different kinds of data of genus *Brassica* which are collected in several BAZ work groups and through different methods. This work flow allows for a documentation of current and completed research of the work groups involved as well as for a storage of all single results. Algorithms developed by methods of 'Data.mining' make a comprehensive data preparation and assessment possible which also applies to the reconstruction of pedigrees of single plants.

##### Ergebnisse:

Um das Ziel einer Projektion der realen Lebenswege der Pflanzen von der Entstehung bis zum Tod in ein Datenmodell zu erreichen wurde die Vorgehensweise in folgende Schritte zerlegt:

1. Analyse und Diskussion der Arbeitsabläufe und Datenstrukturen in den einzelnen beteiligten Arbeitsgruppen,

um ein möglichst exaktes Abbild für die Modellierung zu erhalten (Abb. 1)

2. Abgleich der Einzelergebnisse zwischen den Arbeitsgruppen
3. Entwurf einer ersten Datenbankstruktur
4. Beginn der Implementation und Test des Programmes (Teil 1: Dateneingabe) sowie Aufbau der Nutzerstruktur und der damit verbundenen Rechte
5. Implementation von Datensichten, die den Bearbeitern eine Dokumentation der Arbeitsabläufe und der Daten liefern und bisherige heterogene Dokumentationen ersetzen
6. Analyse und Formulierung möglicher Fragestellungen an das System
7. Implementation von Abfrage- und Analysemodulen in Abhängigkeit von Schritt 6

Nachdem im Jahr 2000 die Schritte 1 bis 4 bearbeitet wurden, konnte 2001 der 5. Schritt für fünf der bisher sechs beteiligten Arbeitsgruppen realisiert und die Testphase eingeleitet werden. Zwei Arbeitsgruppen arbeiten inzwischen bereits im Produktionsbetrieb.

Während der Programmierung und des Tests der Module war es immer wieder erforderlich, das Datenmodell zu erweitern.

So stellt sich das Modell zum jetzigen Zeitpunkt wie in Abb. 2 gezeigt dar.

Ein Schwerpunkt der Arbeiten ist die Gestaltung der Nutzerschnittstellen zur Dateneingabe. Wegen der zum Teil großen Datenmengen wurden die Eingabedialoge gemeinsam mit den Nutzern optimiert und mehrfach angepasst. Für die Arbeitsgruppe „Virusresistenz“ wurde eine Möglichkeit des direkten Einlesens der Daten aus dem ELISA-Reader geschaffen. Derartige Schnittstellenmodule, die flexibel an weitere Analysegeräte angepasst werden können, sind für alle Arbeitsgruppen in Arbeit bzw. vorgesehen.

In einer Reihe von Reports können erste zusammengefasste Ergebnisse von Versuchen abgefragt werden.

Abstract:

Last year, the modules of the various work groups involved in the project could be realized and a test run started. First database reports are available.

(BAZ-9001)

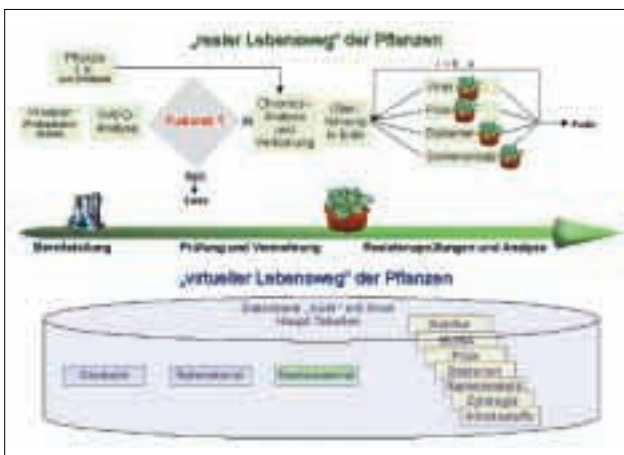


Abb. 1: Abbildungsmodell Pflanze - Datenbank

Fig. 1: Model „plant \_ database“

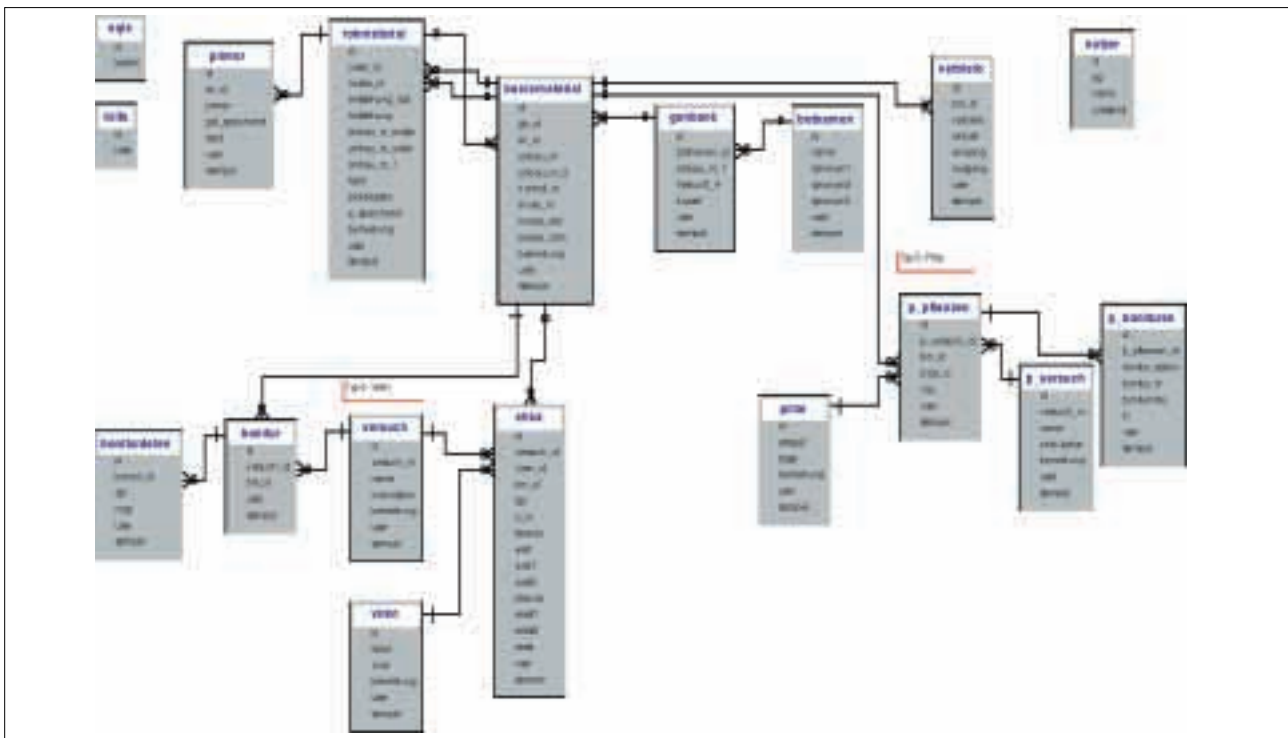


Abb. 2: Datenmodell

Fig. 2: Datamodel

# Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof

## Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof

### Sieboldingen

Die Anfänge der Rebenzüchtung auf dem Geilweilerhof in Sieboldingen gehen auf Landwirtschaftsrat Peter Morio zurück, der hier 1926 bis 1952 ein umfangreiches Kreuzungsprogramm durchführte. Einige der heute im Weinbau etablierten Sorten, wie z.B. 'Bacchus' oder 'Morio Muskat', sind das Ergebnis seiner Zuchtarbeit. 1946 kam Prof. Husfeld, der Leiter des nach dem Krieg aufgegebenen Kaiser-Wilhelm-Instituts für Rebenzüchtungsforschung in Müncheberg, zum Geilweilerhof und gründete das „Forschungsinstitut für Rebenzüchtung“. Nach Zwischenphasen mit wechselnder Finanzierung des Institutes erfolgte 1966 die Übernahme als „Bundesforschungsanstalt für Rebenzüchtung (BFA)“ in den Geschäftsbereich des Bundesministers für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten. Während seiner langjährigen Tätigkeit am Geilweilerhof hat Prof. Husfeld die in Müncheberg eingeleitete Resistenzzüchtung gegen Reblaus und Mehltaukrankheiten mit großem Elan fortgesetzt. Aus seinen Zuchtarbeiten gingen die in der Geschichte der Resistenzzüchtung bedeutungsvollen Sorten 'Siegfriedrebe', 'Aris' und 'Pollux' hervor.

Mit der Übernahme der Leitung der BFA für Rebenzüchtung durch Prof. Alleweldt im Jahre 1970 wurde das Zuchtziel noch stärker auf die Resistenz gegenüber Pilzkrankheiten fokussiert und die Züchtung auf Reblausresistenz an der Wurzel zurückgestellt. In seiner Amtszeit bis 1995 ist es gelungen, neue, weitgehend resistente Qualitätssorten, wie z. B. 'Phoenix' oder 'Regent', zu entwickeln. Erstmals in der Nachkriegsgeschichte der Resistenzzüchtung wurden in den Jahren 1994 und 1996 pilzresistente Neuzüchtungen für den allgemeinen Anbau in einigen Weinbaugebieten zugelassen. Nach der Klassifizierung dieser Sorten weitete sich in allen Weinbaugebieten die Akzeptanz resistenter Neuzüchtungen aus. Die Sorte 'Regent' besitzt als erste pilzresistente Neuzüchtung den „Gemeinschaftlichen Sortenschutz“ in der EU. Heute stellt 'Regent' mit ca. 600 ha die am weitesten verbreitete pilzresistente Neuzüchtung dar, die seit dem Jahr 2000 in allen deutschen Weinbaugebieten klassifiziert ist. Als Anerkennung für die jahrzehntelangen Anstrengungen des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof auf dem Gebiet der Züchtung neuer Rebsorten mit hoher Pilzresistenz wurde dem Institut der 'Umweltpreis der Stadt Landau (Pfalz) 1996' verliehen.

Im Jahre 1991 wurde die BFA für Rebenzüchtung Geilweilerhof mit der BFA für gartenbauliche Pflanzenzüchtung in Ahrensburg zusammengefasst. Diese neu gegründete Bundesanstalt hatte jedoch nur kurze Zeit Bestand. Die Wiedervereinigung Deutschlands führte zur Errichtung der „Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen“ mit Zentrale in Quedlinburg; dieser Anstalt gehört das Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof seit 1993 an. Auch nach dieser Neugliederung werden im Rahmen der Aufgaben des Institutes folgende Schwerpunkte bearbeitet:

- Entwicklung von krankheitsresistenten Keltertraubensorten unter Beachtung der Sortenvielfalt des deutschen Weinbaus mit dem Ziel einer nachhaltigen und umweltverträglichen Weinbergsbewirtschaftung: pilzwiderstandsfähige Rebsorten tragen durch verminderten Pflanzenschutz Aufwand erheblich zum Aufbau von Nützlingspopulationen bei und damit zu einer Verbesserung des ökologischen Systems der Weinberge.
- Erarbeitung von Selektionsmethoden zur Steigerung der Züchtungseffizienz bei der Erfassung wertbestimmender Eigenschaften.
- Resistenzforschung gegenüber biotischen und abiotischen Stressfaktoren (z.B. Schaderreger bzw. Klimastress).
- Sicherung und Verbesserung der Qualität von Most und Wein durch Erfassung und Bewertung von Aroma- und Geschmacksstoffen.
- Erarbeitung der genetischen Grundlagen züchterisch wertvoller Eigenschaften.
- Sicherheitsforschung im Kontext der Verbesserung traditioneller Rebsorten.
- Sammlung, Erhaltung und Evaluierung der genetischen Ressourcen der Rebe.
- Dokumentation der Weinbauforschung: Erfassung und Auswertung der wissenschaftlichen Litera-

tur der Weinbauforschung im Rahmen der Agrardokumentation und –information.

- Pflege der Datenbanken: die Reben-Genbank VITIS – International Variety Catalogue und die Europäische VITIS-Datenbank sowie die Literatur-Datenbank VITIS-VEA.
- Seit 45 Jahren Herausgabe der Fachzeitschrift VITIS unter Beteiligung nationaler und internationaler Wissenschaftler sowie der „Viticulture and Enology Abstracts“ mit Zusammenfassungen der relevanten Wein- und Weinbauliteratur.



### Züchtung

Seit Jahrzehnten ist die Züchtung ausschließlich auf die Entwicklung pilzresistenter Keltertraubensorten fokussiert. Die aus dieser Zuchtrichtung stammende Rebsorte ‘Regent’ ist zwischenzeitlich im praktischen Weinbau etabliert und zählt derzeit zu den am häufigsten gepflanzten Sorten in Deutschland. Sie stand nach ‘Dornfelder’, ‘Spätburgunder’ und ‘Ruländer’ auf Platz 4 aller 2001 veredelten Rebsorten. Einschließlich der Pflanzung im Jahr 2001 hat sie mittlerweile eine Fläche von ca. 600 ha erreicht. Für drei weitere Zuchtstämme aus der Resistenzzüchtung wurde in der Zwischenzeit die Anbaueignungsprüfung eingeleitet.

### Züchtungsforschung

Im Zuge der Untersuchungen zur Plasmoparasistenz der Weinrebe gelang es erstmals im Northern Blot nachzuweisen, dass ein potenzielles Resistenzgen VR1 bei einer resistenten Rebsorte als Antwort auf eine Infektion schnell und hoch induziert wird, während das gleiche Gen in einer anfälligen Sorte nur langsam und geringfügig

aktiviert wird. Der Unterschied zwischen Resistenz und Anfälligkeit scheint somit in der unterschiedlichen Regulation von Genen zu liegen, die prinzipiell bei resistenten und anfälligen Sorten gleichermaßen vorhanden sind. Zur Klärung der zugrunde liegenden Resistenzen dienen Kartierungsuntersuchungen, deren Datengrundlagen im Berichtsjahr erheblich gewachsen sind. Danach sind die Resistenzen für den Echten und den Falschen Mehltau auf unterschiedlichen Chromosomen lokalisiert. Weitere Eigenschaften konnten statistisch abgesichert in die genetische Karte projiziert werden. Mit dem Ziel einer Differenzierung zwischen empfindlichen und widerstandsfähigen Rebsorten gegenüber Sonnenbrand-Schäden wurden erstmals an Weinbeeren die Zusammenhänge zwischen der Nutzung der Sonnenstrahlung in Primärprozessen der Photosynthese, der Abgabe überschüssiger (Wärme-) Energie und den Lichtschutzmechanismen im Carotinoidstoffwechsel in einzelnen Stadien der Beerenentwicklung bei roten und weißen Sorten untersucht.

### Genetische Ressourcen der Rebe

Das EU-Projekt Genres CT96 No81 mit 19 europäischen Partnern läuft Ende Februar 2002 ab. Schwerpunkte des fünfjährigen Projekts waren der Aufbau der Europäischen *Vitis*-Datenbank, die Beschreibung und Evaluierung alter, bedrohter Rebsorten und die Nutzung von STMS-Markern für die Sortenidentifikation. Dank des EU-Projekts erhielt die Erhaltung und Wertschätzung alter Rebsorten einen neuen Stellenwert. Mit der offiziellen Anerkennung als Arbeitsgruppe *Vitis* innerhalb des „European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks“ (ECP/GR) im Okto-

ber 2001 wird die Fortführung der Aktivitäten zur Erhaltung der rebgenetischen Ressourcen in Europa unterstützt.

It was Peter Morio who started his comprehensive cross breeding programme at Geilweilerhof in 1926, and some of the established varieties, like ‘Bacchus’ and ‘Morio Muskat’, are the outcome of his breeding work. In 1946, Professor Husfeld founded the “Research Institute for Grapevine Breeding”, which was adopted in 1966 by the Federal Ministry of Food, Agriculture and Forestry and named “Federal Research Centre for Grapevine Breeding”. Husfeld’s breeding goals, i.e. resistance to phylloxera and *Plasmopara* were continued and his breeding success may be demonstrated by varieties, like ‘Siegfriedrebe’, ‘Aris’ and ‘Pollux’. From 1970 to 1995, Professor Alleweldt continued the institute’s breeding efforts, focussing on the development of new cultivars, resistant to fungus diseases. Out of the numerous new grapevine cultivars, ‘Phoenix’ and ‘Regent’ give evidence of his success. Meanwhile ‘Regent’ is grown on ca. 600 ha in Germany. In 1992, the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants was created and in 1993 Geilweilerhof was united with this Centre, and named Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof. The institute mainly concentrates on the:

- Development of disease-resistant wine grape varieties respecting the diversity of varieties in German viticulture, with the aim to establish an ecologically compatible, sustainable viticultural management: Fungus-resistant grapevine varieties allow a lowering of chemical plant protection measures and, thereby, contribute to increase the number of beneficial organisms and to improve the ecological system of vineyards.
- Development of selection methods to improve breeding efficiency in determining quality-related characters.
- Research on resistance to biotic and abiotic stress factors, e.g. parasites and climatic stress.
- Maintenance and improvement of must and wine quality by determining and evaluating aroma- and taste-specific compounds.
- Investigation of the genetic basis of characters important for breeding.
- Safety research with regard to the improvement of traditional grapevine varieties.
- Collection, maintenance and evaluation of genetic resources of grapevine.
- Publication of the international periodical „VITIS – Journal of Grapevine Research“ and „Viticultural Enology Abstracts“.
- Documentation of viticultural research: Collection and evaluation of scientific literature in the field of viticultural research within the frame of an agricultural documentation and –information system.
- Maintenance and development of databanks: the grapevine-genebank ‘Vitis – International Variety Catalogue’ and the ‘European VITIS-Databank’ as well as the literature-databank ‘VITIS-VEA’.

### Breeding

For decades, breeding activities of the institute focus on the development of fungus resistant vine varieties. Meanwhile the new fungus resistant variety ‘Regent’ is established in German viticulture. At the moment this is one of the most widely planted varieties in Germany. Including the plantings in 2001 ‘Regent’ covers an area of about 600 ha. The supply of viticulture with phytosanitarily tested, valuable plant material has high priority. Three new fungus resistant breeding lines are tested for their suitability in co-operation with growers.

### Breeding research

In the context of studies on resistance of grapevine to *Plasmopara viticola* we were able to show for the first time on RNA level that in a resistant variety a potential resistance gene *VR1* is quickly and efficiently induced in response to infection, while the same gene is barely activated in a susceptible variety. The major difference between resistant and susceptible varieties therefore seems to rely on differences in regulation of genes principally present in both, susceptible and resistant varieties.

To differentiate between varieties which are sensitive or insensitive to 'sunburn' of berries for the first time the relationships between utilization of radiation in primary processes of photosynthesis, dissipation of excess thermal energy and photoprotective mechanisms within the carotenoid metabolism of white and red varieties were assessed in the course of berry development.

The genetic resources of *Vitis*

The EU-project Genres CT96 No81 is drawing to a close in February 2002. The focal points of the five project years were the establishment of the European *Vitis*-Database, the description and evaluation of ancient endangered cultivars and the utilisation of STMS-markers for variety identification. Owing to the EU-project, the maintenance and the appreciation of ancient grapevine varieties gained more attention. To ensure continuing network activity on grapevine genetic resources in Europe a formal Working Group on *Vitis* within the "European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks" (ECP/GR) was acknowledged in October 2001.

## 1. Resistenzforschung Research on resistance of grapevines

### 1.1. Untersuchungen zur Interaktion von *Plasmopara viticola* mit toleranten und anfälligen Rebsorten Investigation of the interaction of *Plasmopara viticola* with tolerant or susceptible grapevine cultivars

Kortekamp, A.; Zyprian, E.

Zielsetzung/Aim:

*Plasmopara viticola*, der Falsche Mehltaupilz, ist nach wie vor einer der wichtigsten Krankheitserreger im deutschen Weinbau. Durch Züchtungsanstrengungen gelang es, neue feldresistente Rebsorten zu erzeugen. Die dabei beteiligten Resistenzmechanismen sind jedoch noch ungeklärt. Daher ist es das Ziel dieser Arbeit, die grundlegenden Resistenzantworten aufzuklären.

*Plasmopara viticola*, the downy mildew fungus, is still one of the most important pathogens in German viticulture. Breeding efforts resulted in new field-resistant grapevine varieties. However, very little knowledge exists about the involved resistance mechanisms. Therefore, the aim of this project is the elucidation of the molecular basis of the resistance response.

Ergebnisse:

Nachdem in vergleichenden cytologischen Studien an anfälligen und resistenten Rebsorten über den Verlauf der Plasmoparainfektion eine erhöhte Peroxidaseinduktion bei resistenten Weinreben und eine als „hypersensitive Reaktion“ bekannte Abwehrreaktion gezeigt worden waren, wurden bei Infektion spezifisch induzierte Transkripte untersucht. Die Ergebnisse zeigten, dass u.a. Gene, welche für PR („Pathogenesis related“-)Proteine kodieren, während der Abwehrreaktion früh im Infektionsverlauf bei resistenten Sorten aktiviert werden. Dies konnte für das Gen *VR1*, welches eventuell in der Pathogenerkennung eine Rolle spielt, auf der Ebene der RNA im Northern-Blot gezeigt werden (s. Abb. 1). Dieses Gen wird in der resistenten Sorte 'Gloire de Montpellier' bei Pathogenbefall schnell

und deutlich induziert, während es in der anfälligen Sorte 'Riesling' basal weniger exprimiert und wesentlich schwächer bei Infektion aktiviert wird.

Darüber hinaus wurde in Kooperation mit der Arbeitsgruppe von Prof. Deising in Halle (Saale) nachgewiesen, dass *Plasmopara viticola* während des Infektionsverlaufs in der Wirtspflanze Chitin synthetisiert, obwohl den Pilzen dieser Gruppe der Oomyceten/Peronosporales Cellulose und Glucane als wesentliche Zellwandsubstanzen zugeschrieben werden. Es wurden zwei verschiedene *CHS* (Chitinsynthase)-gene kloniert, die zwei Klassen mit unterschiedlichen Expressionsmustern angehören (Werner *et al.*, 2001; s. auch Projekt 5115).

Projektförderung: Deutsche Forschungsgemeinschaft

Abstract:

After comparative cytological studies during the infection of *Plasmopara viticola* in resistant and susceptible grapevines had shown an early and intense activation of peroxidase together with a hypersensitive reaction, transcripts specifically induced upon infection were studied. The results indicated that genes encoding PR proteins are among those activated early during infection in resistant varieties. For the genetic fragment *VR1* it could be shown by Northern blotting experiments that this gene, possibly involved in pathogen recognition, is clearly induced during the early stages of infection in the resistant variety 'Gloire de Montpellier', while it is less expressed at basic level and activated much more slowly in the susceptible variety 'Riesling' (cf. Fig. 2).

Furthermore we were able to show in cooperation with the group of Prof. Deising (Halle/Saale) that the oomycete fungus *Plasmopara viticola* synthesises chitin during *in planta* growth, while this group of fungi is thought to contain cellulose and glucans as the principal cell wall components. Two different *CHS* (chitinsynthase)-genes were cloned and found to represent two classes with differing expression patterns.

Funding: Deutsche Forschungsgemeinschaft

In Zusammenarbeit mit: Teilaspekte mit Prof. Deising, Halle  
(BAZ-5130)



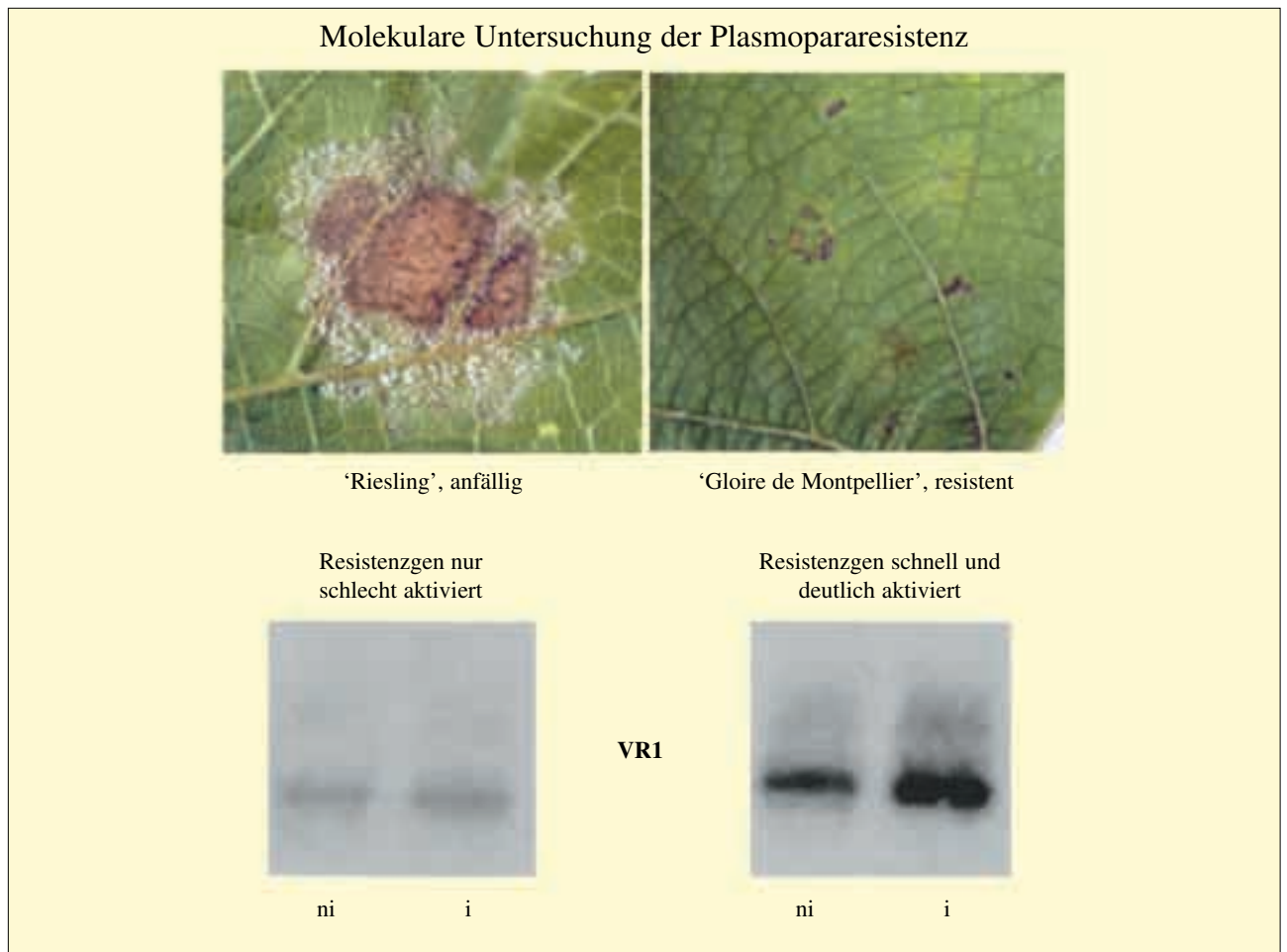


Abb. 1: Oberer Teil: Nekrotische Reaktion auf Infektion mit *Plasmopara viticola* bei der anfälligen Rebsorte 'Riesling' (links) und hypersensitive Reaktion bei der resistenten Sorte 'Gloire de Montpellier' (rechts).

Unterer Teil: Northern Blot Hybridisierung von RNA aus der anfälligen Rebsorte 'Riesling' (links) und der resistenten Rebsorte 'Gloire de Montpellier' mit einer Sonde aus dem genetischen Fragment VR1.  
ni = nicht infiziert; i = 12 Stunden nach Infektion.

Fig. 1: Upper part: Necrotic lesions caused by *Plasmopara viticola* infection of the susceptible grapevine variety 'Riesling' (left) and hypersensitive reaction obtained with the resistant variety 'Gloire de Montpellier' (right). Lower part: Northern blot hybridisation with RNA from the susceptible variety 'Riesling' and the resistant variety 'Gloire de Montpellier' probed with the genetic fragment VR1.  
ni = non-infected, i = 12 hours after infection.

## 2. Stressphysiologie Stress physiology

### 2.1. Untersuchungen zur Trockentoleranz von Rebsorten Studies on drought tolerance of grapevine varieties

Düring, H.

Zielsetzung/Aim:

Wassermangel führt bei Reben zu einer Beeinträchtigung der Qualitätsbildung in den Weinbeeren. Da in Deutschland eine Bewässerung, abgesehen von wenigen Ausnahmen, nicht erlaubt ist, sollen zur Sicherung einer hohen Most- und Weinqualität trockenintolerante Sorten zum Anbau gelangen. Zu ihrer Identifizierung werden Methoden entwickelt, die das sortenspezifische Widerstandsvermögen gegenüber Trockenstress erkennbar machen.

Drought has a negative influence on processes leading to a high quality of grape berries. Since irrigation, with a few exceptions, is not permitted to produce "quality wine" the maintenance of high must and wine quality under drought conditions has to be achieved by drought-tolerant varieties. To identify drought-tolerant varieties methods are developed by which the variety-specific strategy of drought tolerance can be characterised.

Ergebnisse:

Wie bereits in früheren Jahren war auch im Berichtszeitraum eine sommerliche Trockenperiode verbunden mit sehr hohen Temperaturen und hohen Strahlungswerten Ende Juli/Anfang August festzustellen. Als Folge dieser Wetterkonstellation wurde „Sonnenbrand“ an Weinbeeren festgestellt, wobei vor allem die Sorten Helfensteiner, Bacchus und Faber betroffen waren. Beim „Sonnenbrand“

sind die Beeren anfänglich auf der Sonnenseite leicht gebräunt, später welken sie, um schließlich gemeinsam mit den Beerenstielen gänzlich einzutrocknen. Messungen des Blattwasserstatus und, hiervon abgeleitet, des Bodenwasserstatus, ergaben leicht erhöhte, jedoch keine extreme Wassermangelsituation bei den Reben zur Zeit der Maximaltemperaturen (38 °C im Schatten). Erstmals wurden zum besseren Verständnis der Energienutzung bzw. der thermalen Dissipation von Strahlungsenergie Untersuchungen der Chlorophyllfluoreszenz an Weinbeeren während ihrer Entwicklung durchgeführt. Bestimmungen an sonnen- bzw. schattenadaptierten Beeren verschiedener Sorten ergaben eine Zunahme der photosynthetischen Strahlungsnutzung (Zunahme der Elektronentransportrate, ETR) und der thermalen Dissipation von Strahlung (non-photochemisches Quenching, NPQ) im Verlaufe der ersten, raschen Wachstumsphase der Beeren. Mit dem Einsetzen der Reifungsphase nahmen beide Parameter ab. Diese Abnahmen waren allerdings nur bei weißen Sorten nachweisbar, da bei roten Sorten wegen der fortschreitenden Pigmentbildung (Anthozyane) Messungen in der Reifungsphase nicht mehr möglich waren. Bei den 6 untersuchten Sorten hatten sonnenlichtadaptierte Beeren von Trauben an der Außenseite der Laubwand jeweils höhere ETR-Werte als schattenadaptierte Beeren im Inneren der Laubwand; entsprechend lagen die ETR-Werte der sonnenlichtexponierten Beerenseiten über denen der schattenexponierten Beerenseite. In Laborversuchen nahmen sowohl ETR als auch NPQ ab, wenn die Weinbeeren bis zu 2 h Temperaturen von >40 °C ausgesetzt waren. Starklicht führte zu einer vorübergehend massiven Abnahme der potentiellen Lichtnutzung des Photosystems II mit Erholungsreaktionen nach 20-30 Minuten.

#### Abstract:

A drought-period in mid-summer associated with high temperature and high light intensity led, again, to symptoms of sun-burn of grape berries and subsequently to wilting and drying of unshaded berries. A moderate water deficiency, high temperatures (up to 38 °C in shade) and high irradiance are supposed to have caused this disorder. To study light utilization and dissipation of thermal energy more in detail chlorophyll fluorescence parameters of shade- and sun-adapted berries were determined in the course of berry development. Various grape varieties indicated increases of photosynthetic light utilization (increase of the electron transport rate, ETR) and thermal dissipation of radiation (nonphotochemical quenching, NPQ) in the first period of rapid berry growth. At the end of this stage both parameters declined in white varieties; in red varieties measurements were stopped due to increasing amounts of anthocyanins. Light-adapted berries from the outside of the canopy had higher ETR values than shade-adapted berries from the inner part and ETR values of sun-exposed parts of single berries exceeded those of shaded parts. Exposure of berries for up to 2 h to temperatures >40 °C led to a decline of ETR and NPQ. High light caused transient reductions of the potential quantum yield of photosystem II; recovery was observed after 20-30 minutes.

In Zusammenarbeit mit: CSIRO, Division of Plant Industry; Waite Univ. Adelaide, Australien, Loveys, B.R.; Dry, P.R. (BAZ-5108)

### 3. Methodenforschung Methodological research

#### 3.1. Entwicklung molekularer Marker für Pilzresistenz und andere züchterisch wertvolle Eigenschaften der Weinrebe, Kartierung und Genomanalyse

##### Development of molecular markers for fungal disease resistance and other agronomically important traits, mapping and genome analysis

Zyprian, E.; Fischer, B.; Salakhutdinov, I.; Akkurt, M.; Eibach, R.; Töpfer, R.

#### Zielsetzung/Aim:

Unter den wirtschaftlich bedeutenden Risikofaktoren im Weinbau sind Pilzinfektionen nach wie vor an erster Stelle zu nennen. Der damit erforderliche regelmäßige Einsatz von Fungiziden belastet jedoch die Umwelt. Deshalb ist es ein wichtiges Ziel der modernen Rebenzüchtung, neue resistente Qualitätssorten zu erzeugen. Molekulare Marker, welche mit züchterisch relevanten Eigenschaften wie der Resistenz korrelieren, erlauben eine frühe Einschätzung des genetischen Potentials für die zielgerichtete Auswahl geeigneter Pflanzen im Zuchtgang. Diese „Marker-gestützte Selektion“ kann die Arbeit des Züchters künftig effizienter gestalten. Zugleich bieten solche Marker die Möglichkeit, über positionsgestütztes Klonieren zu den entsprechenden Genen zu kommen, um diese in ihrem Wirkmechanismus zu verstehen und mit Hilfe biotechnologischer Verfahren in klassische, anfällige Rebsorten einführen zu können.

Fungal infections still represent the major economic risk factors in viticulture. Regular protective treatments are indispensable for most classical cultivars but cause environmental problems. Thus the production of new resistant high quality varieties represents the most important objective of modern grapevine breeding. Molecular markers correlating with inheritable traits such as resistance allow early evaluation of the genetic potential, focussing laborious scoring procedures on promising plant material (marker-assisted selection). In addition, such molecular markers provide experimental access to analyze the corresponding genes by positional cloning, which is a prerequisite for elucidation of their functions and their use in biotechnological applications to improve traditional grapevine cultivars.

#### Ergebnisse:

Die Entwicklung und Kartierung molekularer Marker erfolgt schwerpunktmäßig an der Testpopulation aus der Kreuzung von 'Regent' x 'Lemberger'. Hierbei handelt es sich um die Kreuzungsnachkommenschaft der im Feld

mehrfach pilzresistenten Sorte 'Regent' mit dem anfälligen Parentaltyp 'Lemberger' (syn. 'Blaufränkisch'). Insbesondere die Resistenzen gegen den Erreger des Falschen Mehltaus, *Plasmopara viticola*, sowie gegen den Echten Mehltau, *Uncinula necator*, spalten in der Nachkommenschaft aus 155 Einzelindividuen deutlich als quantitative Merkmale auf. Darüber hinaus liegen Felddoniturdaten aus vier Beobachtungsjahren zu insgesamt 95 phänotypisch variierenden Merkmalen von agronomischer Bedeutung vor. Die Kartierungspopulation wurde im Jahr 1998 um 28 Individuen erweitert. Eine reziproke Kreuzung 'Lemberger' x 'Regent' lieferte 101 Individuen.

Die Entwicklung molekularer Marker wurde fortgeführt. Speziell bezüglich der Resistenz gegen *Uncinula necator* wurden fünf RAPD Primerkombinationen neu getestet und verrechnet, welche nach den bisherigen Daten mit QTLs für die Resistenz gegen dieses Pathogen korrelieren. Zudem wurden zwei Primer untersucht, welche nach den Ergebnissen einer anderen Arbeitsgruppe an genetisch unterschiedlichem Kreuzungsmaterial (AG Bruce Reisch, Universität Cornell, Dissertationsarbeit M. Dalbo, 1998) mit *Uncinula*-Resistenz in Korrelation stehen. Insgesamt befinden sich derzeit 1105 Marker in der Verrechnungsmatrix. Es handelt sich im Einzelnen dabei um 448 AFLP, 342 SSR, 33 CAPS, 270 RAPD, 6 SCAR sowie 3 eventuell mit Pilzresistenz in Verbindung stehende Fragmente aus einem inzwischen abgeschlossenen „Differential-Display“-Projekt (Kortekamp, A. und Zyprian, E.; BAZ 5130). 329 der 1:1 segregierenden Marker konnten mit guter statistischer Absicherung 'Regent' zugeordnet werden, 273 der 1:1-Marker entfallen auf 'Lemberger'. Auf einer kombinierten Karte beider Eltern konnten 581 Marker angeordnet werden, es wurden durch dieses Vorgehen weitere Marker als gekoppelt erfasst. Anhand dieser „Projektionskartei“ mittels codominanter Marker und 3:1-verteilter Marker war bei den getrennt erstellten Karten beider Kreuzungseltern das Fusionieren einzelner Kopplungsgruppen zu größeren Chromosomensegmenten möglich. So ergeben sich nach der Zuordnung über Ankerloci abzüglich der Gruppen mit nur zwei Markern für 'Regent' 19, für 'Lemberger' 21 Kopplungsgruppen. Die aus den Vorjahren ermittelten „Quantitative Trait Loci“ (QTLs) konnten bezüglich ihrer Assoziation mit molekularen Markern bestätigt werden. Ein Fortschritt ergab sich auch hier durch die Fusionierung von Kopplungsgruppen. Die Resistenz gegen den Falschen Mehltau (*Plv*) ist mit starker Ausprägung auf zwei Kopplungsgruppen lokalisiert. Eine dieser Kopplungsgruppen enthält zudem Bereiche, die für die Ausbildung der Beerenhautfarbe relevant sind sowie eine Region, die gut erkennbar mit Botrytistoleranz korreliert. Die Resistenz gegen den Echten Mehltau ist interessanterweise mit drei Kopplungsgruppen assoziiert, die keinen Zusammenhang zur *Plv*-Resistenz zeigen. Mit dem Erwerb der Software „JoinMAP3.0“ ist eine unmittelbare Auswertung codominanter Markerinformation sowie eine alternativ zu „Mapmaker“ durchführbare QTL-Analyse ermöglicht worden, welche die mit dem Programm „Mapmaker“ erhaltenen Ergebnisse bislang bestätigt hat. Acht eng QTL-korrelierte AFLP-Markerbanden wurden isoliert

und sequenziert, von denen zur Zeit SCAR-Primer abgeleitet und getestet werden. Ein Fragment, das vom weiblichen Elter 'Regent' stammt liegt im Scheitelpunkt eines *Uncinula*-Resistenz-QTLs. Informative AFLP-Primersets wurden über das Kartierungsprojekt hinaus an anderen Sorten getestet.

Um die Kartierung von „anonymen“ molekularen Markern auf funktionelle Gene hin auszuweiten, wurden ESTs (expressed sequence tags) aus cDNA Bibliotheken der Weinrebe gewonnen. Derzeit liegen drei verschiedene cDNA-Banken der Weinrebe vor. Davon wurden 1100 Klone der Sequenzanalyse unterzogen (davon 932 Klone in Kooperation mit R. Velasco, ISMAA San Michele, Italien). Die erhaltenen Sequenzen wurden in Datenbankrecherchen abgeglichen, um den ESTs mögliche Funktionen zuzuordnen. Anschließend wurden alle Zuordnungen in einer Datenbank am IRZ Geilweilerhof erfasst. Diese Daten aus Sequenzanalysen können sowohl für die Kartierungsarbeiten als auch für Expressionsstudien eingesetzt werden. ESTs können durch verschiedene Techniken wie Heteroduplexanalyse, SSCP (single strand conformational polymorphism) und CAPS (cleaved amplified polymorphic sequence) auf spaltende Polymorphismen überprüft und in Segregations-/Rekombinationsanalysen kartiert werden.

Für die Kartierungsarbeit wurden bisher 39 Sequenzen benutzt. 18 Sequenzen aus der NCBI Datenbank am National Institute of Health in USA enthalten die kodierenden Regionen von verschiedenen Genen der Weinrebe. 21 Sequenzen aus EST-Analysen am IRZ Geilweilerhof besitzen Regionen von Genen, die potentiell eine Rolle in der Resistenz für verschiedene abiotische und biotische Faktoren spielen. Auf Basis dieser Sequenzen wurden 39 Primerpaare zur spezifischen Amplifikation entwickelt.

Um zunächst eine CAPS-Analyse durchzuführen, wurden die Parentaltypen und Individuen aus der Testpopulation 'Regent' x 'Lemberger' durch PCR (Polymerasekettenreaktion) mit den Gen-spezifischen Primern der ausgewählten 39 funktionellen Genen analysiert. Die Amplifikationsprodukte der spezifischen PCR wurden mit geeigneten Restriktionsenzymen geschnitten. Insgesamt wurden 32 polymorphe CAPS Marker für 10 funktionelle Gene identifiziert. Davon konnten bisher fünf funktionelle Gene kartiert werden.

Zusätzlich zu den Studien an der Kreuzungspopulation 'Regent' x 'Lemberger' wird die Kreuzungsnachkommenschaft von 'Gf.Ga-47-42' x 'Villard blanc' untersucht. Diese Population mit 153 Einzelindividuen spaltet phänotypisch für Pilzresistenzen und Aromakomponenten sowie weitere agronomische Merkmale auf. Die Segregation von 178 AFLP Markern, 45 RAPDs und 32 SSR Markern ist derzeit erfasst. Von diesen 239 Markern wurden mit Hilfe des Programms JoinMAP3.0 in Kopplungs-/Rekombinationsanalysen 161 Marker (67%) kartiert. Genetisch sind 755 cM mit einem mittleren Markerabstand von 4.7 cM in 20 Kopplungsgruppen (integriert für beide Parentaltypen) dargestellt. Erstmals wurden in dieser spaltenden Population an 77 Einzelpflanzen eine Vielzahl von Aromastoffen aufgenommen. Zudem liegen 60 Boniturdaten aus drei

Beobachtungsjahren über die Resistenz gegen den Falschen sowie den Echten Mehltau und andere agronomische Merkmale vor. Die Verrechnung der Daten zur QTL-Analyse (Programm MapQTL 4.0) ergab die Lokalisation der Resistenzen gegen *Plasmopara viticola* (Falschen Mehltau) und *Uncinula necator* (Echten Mehltau) hier im Wesentlichen auf einer Kopplungsgruppe, im Gegensatz zu den Ergebnissen aus 'Regent' x 'Lemberger', wo beide in unterschiedlichen Chromosomen zu liegen scheinen. Projektförderung: Deutsche Forschungsgemeinschaft und Universität Ankara (Stipendium für M. Akkurt)

#### Abstract:

Development and mapping of molecular markers is mostly performed with a testpopulation obtained from the crossing of 'Regent' x 'Lemberger'. The progeny comprising 155 individuals represents the F1 population of the multiply fungal disease-resistant variety 'Regent' crossed with the susceptible 'Lemberger' (synonymous 'Blaufränkisch'). Resistances to downy mildew (*Plasmopara viticola*) and powdery mildew (*Uncinula necator*) segregate as quantitative traits within this population. A total of 95 agronomically important phenotypic traits has been scored through four years. The population was enlarged by 28 additional individuals in the year 1998 and a reciprocal cross ('Lemberger' x 'Regent') was performed that yielded 101 individuals.

Development of molecular markers genetically linked to interesting traits was pursued. With regard to the resistance to powdery mildew (*Uncinula necator*), five RAPD primers in correlation with QTLs for resistance according to our previous data were re-analysed. In addition, two primers found to be correlated to *Uncinula*-resistance in a completely different genetic background as described by the group of B. Reisch (M. Dalbo, Dissertation 1998, Cornell University) were applied.

Currently, 1105 DNA markers have been sorted into the database, explicitly 448 AFLP, 342 SSR, 33 CAPS, 270 RAPD, 6 SCAR and 3 sequence-tagged fragments with putative relation to fungal disease resistance from a differential display project (Kortekamp, A. and Zyprian, E.; cf. BAZ 5130). 329 of the 1:1 segregating markers formed a map of 'Regent' with good statistical significance, 273 of the 1:1 segregating markers were ascribed to 'Lemberger'. 581 markers could be placed on a combined map of both parents to the effect that even more markers could be scored as linked. With the help of this „projected“ map, with codominance information and 3:1 segregating markers from both parents, fusions of linkage groups to larger chromosome segments became feasible. Thus, with the grouping by anchor loci accomplished, the 'Regent' map consisted of 19, the 'Lemberger' map of 21 linkage groups. Previously obtained QTL data have been confirmed and could be better defined by benefit of the group fusions. Resistance to *Plasmopara viticola* resides on 2 linkage groups, one of which contains regions associated with berry colour and *Botrytis* tolerance. With the acquisition of updated „JoinMAP“ software, codominant information can be immediately evaluated. „JoinMAP“ was

also used to confirm results obtained with „Mapmaker“ software.

Eight closely trait-linked AFLP marker fragments were rescued and sequenced. SCAR primers for these regions are currently being developed and evaluated. One fragment derived from 'Regent' is located in the apex of a QTL for *Uncinula* resistance. Acquired knowledge of informative AFLP primer sets was further employed to study polymorphisms in selected applications in other cultivars.

The mapping of „anonymous“ molecular markers should be supplemented by the localization of functional genes. To this purpose we analyzed ESTs (expressed sequence tags) from cDNA libraries of grapevine. Currently there are three different cDNA libraries available. 1100 clones thereof were sequenced (932 in cooperation with R. Velasco at ISMAA, San Michele, Italy). The sequences were compared to the information in data bases to assign putative functions to individual clones. All assignments were collected in an Access based data base. The data may be used for mapping as well as for future expression studies. ESTs may be genetically mapped after scoring their segregating polymorphisms in heteroduplex analyses, SSCPs (single stranded conformational polymorphisms) or CAPS (cleaved amplified polymorphic sequences) approaches.

For genetic mapping, 39 sequences were employed so far. 18 of these sequences were obtained from the NCBI database at the National Institute of Health in USA and cover the coding regions of various genes reported in grapevine. Another 21 sequences were selected from the EST data at Geilweilerhof for their potential involvement in defense reactions to abiotic and/or biotic stress situations. Based on those sequences, 39 gene-specific primer pairs for PCR amplification were developed.

For a first trial using CAPS analysis the parental types and some individuals from the testpopulation derived from 'Regent' x 'Lemberger' were PCR-amplified with the 39 specific primer pairs. The amplification products were subjected to restriction with suitable restriction enzymes. 32 polymorphic CAPS markers could be identified for 10 functional genes. Five of those are currently mapped.

In addition to the model population derived from the cross of 'Regent' x 'Lemberger' we studied the progeny of a cross performed with 'Gf.Ga-47-42' and 'Villard blanc'. This population comprises 153 individuals and segregates phenotypically for fungal disease resistances as well as compounds involved in flavour and other agronomic traits. Segregation of 178 AFLPs, 45 RAPDs and 32 SSR markers has been scored. From these 239 molecular markers 161 (67 %) could be mapped by linkage/recombination analysis employing the program JoinMAP3.0. 755 cM were genetically covered with an average marker distance of 4.7 cM in 20 linkage groups integrated for both parental types. For the first time 77 individuals of this population were used to record their profiles of a large variety of flavour compounds. Another 60 traits are available as data from three scoring years including the resistances to downy and powdery mildew and agronomic traits. Data processing through QTL analysis (software MapQTL4.0) showed the localization of the resistance to downy mildew

(*Plasmopara viticola*) and powdery mildew (*Uncinula necator*) basically in the same linkage group, a result contrasting the situation in 'Regent', were both resistances seem to reside in different chromosomes.

Funding: Deutsche Forschungsgemeinschaft and University of Ankara (Fellow ship for M. Akkurt)

In Zusammenarbeit mit: ISMAA, San Michele, Italien, Velasco, R.  
(BAZ-5115)

### **3.2. Entwicklung experimentell stabiler Marker zur Differenzierung von Unterlagssorten der Weinrebe Development of experimentally stable molecular markers for the differentiation of rootstock varieties** Zyprian, E.; Dettweiler, E.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Seit der Reblauskrise im letzten Jahrhundert werden Kulturreben auf reblausfeste Unterlagen gepfropft. Diese sind aus Kreuzungen amerikanischer Wildarten hervorgegangen und haben heute als Pflanzgut erhebliche wirtschaftliche Bedeutung erlangt. In ihrer Handelsform und nach der Pflanzung in Weingärten stehen hier jedoch kaum morphologische Merkmale zur Verfügung, die eine sichere Identifizierung erlauben würden. Daher ist es besonders für diese Unterlagssorten wünschenswert, eindeutige und in der Praxis leicht einsetzbare molekulare Marker zur Verfügung zu haben.

Since the Phylloxera crisis during the last century scion cultivars of grapes are grafted onto Phylloxera-resistant rootstocks. These are derived from crosses of American wild species of grapevine and have pronounced economic importance today. For the commercial use of the propagation material or after planting in the vineyard, these rootstocks merely possess morphological characteristics allowing their identification. For this reason, stable and easily applicable molecular markers are required.

Ergebnisse:

Die Analysen zur Differenzierung der Unterlagen wurden auf die Untersuchung der Polymorphismen an Mikrosatellitenloci (STMS, „Sequence tagged microsatellite sites“) konzentriert. 43 Unterlagssorten waren bereits 1998/99 erstmalig an 16 SSR („Simple sequence repeats“) Loci charakterisiert worden. Diese Daten wurden im Jahr 2000 an Hand neu durchgeführter, unabhängiger DNA Extraktionen aus ampelographisch überprüfem Material verifiziert. Damit konnte ein Katalog der genotypischen Profile häufig verwendeter Unterlagssorten erstellt werden. Zur Absicherung der Datensätze wurden diese Wiederholungen im Jahr 2001 abgeschlossen. Zudem wurde von 20 der 43 Unterlagssorten Referenzmaterial des Bundessortenamts ampelographisch überprüft und an den sechs informativsten Mikrosatellitenloci mit dem Pflanzenmaterial aus der Sammlung des IRZ Geilweilerhofs im Profil verglichen.

Abstract:

Assays aiming at the differentiation of rootstock varieties were focussed on investigations of the polymorphisms at microsatellite (STMS, sequence tagged microsatellite sites) loci. A sample set of 43 different rootstock varieties had been characterized initially at 16 SSR („simple sequence repeats“) loci in the years 1998/99. The genotypic profiles obtained were verified during the year 2000 using independently prepared DNA extractions from ampelographically confirmed collection material. This verification was completed in 2001. In addition, 20 out of the 43 rootstock varieties under investigation were obtained as reference material from the Federal Variety Office and ampelographically characterized. This material was profiled at the six most informative out of 16 SSR loci in the study in order to compare the genotypes in both collections and confirm the variety-specific profiles.

(BAZ-5135)

### **3.3. Erzeugung von embryogenem Gewebe über die Antherenkultur Production of embryogenic tissue from anther culture** Harst, M.

Zielsetzung/Aim:

Embryogenes Gewebe ist für zahlreiche biotechnologische Fragestellungen ein geeignetes Ausgangsmaterial und ist, verbunden mit einer hohen Induktionsrate und langanhaltenden embryogenen Kompetenz der Explantate, daher für ein funktionsfähiges Regenerationssystem eine wichtige Voraussetzung. Über Blattscheibenexplantate ist bislang keine oder eine ungenügende Regeneration von *Vitis vinifera*-Genotypen via somatischer Embryogenese möglich, hingegen können zahlreiche Genotypen über die Antherenkultur regeneriert werden. Für erfolgreiche Gentransferuntersuchungen an weinbaulich wichtigen Rebsorten ist somit eine ausreichende Menge an embryogenem Ausgangsmaterial erforderlich. Vorteilhaft wäre dabei die saisonal unabhängige Verfügbarkeit von Gescheinen, um die witterungsbedingte und daher zeitlich begrenzte Periode der Entnahmezeit von Antheren im geeigneten Entwicklungsstadium zu verlängern.

For many biotechnological examinations embryogenic tissue is a well suited starting material. High induction rates and a long-term embryogenic competence are important prerequisites for a functional regeneration system. With leaf-disc techniques no or only insufficient regeneration of genotypes of *Vitis vinifera* by somatic embryogenesis is found whereas many genotypes can be regenerated by anther culture. For successful genetransfer studies of viticulturally important grapevines large amounts of embryogenic starting material are necessary. A method for a seasonable independent availability of inflorescences for anther excision would be a great benefit to obtain large amounts of embryogenic material throughout the year.

Ergebnisse:

Die im Vorjahr ausgetesteten Varianten zur Anzucht von Vieraugenstecklingen als saisonal unabhängiges Ausgangsmaterial für die Antherenkultur konzentrierten sich im Zeitraum der Berichterstattung auf die Anzucht im Gewächshaus ohne Sprühnebeleinrichtung, jedoch mit einer Zusatzbeleuchtung von 14 Stunden bei der Rebsorte 'Riesling'. Zudem erbrachte die Zusatzbeleuchtung einen Zeitgewinn für die Gescheinsinduktion an den Stecklingen von etwa 3 Wochen im Vergleich zu einer Stupferanzucht ohne Beleuchtung, bei der mit einer 5-6wöchigen Anzuchtphase gerechnet werden muss. Dies bedeutet, dass bereits 3 Wochen nach Anzuchtbeginn die Infloreszenzen im geeigneten physiologischen Zustand für eine Antherenentnahme waren. Die Embryogeneseraten an Antheren der Rebsorte 'Riesling' konnten im Durchschnitt aller Versuchsansätze des Jahres um weitere 4 % gesteigert werden. Eine weitere Optimierung des Kulturverlaufs wurde durch die Umstellung von halb- auf vollkonzentriertes MS-Basalmedium in allen Kultivierungsschritten und durch reduzierte Hormonbehandlungen über die vierwöchige Induktionsphase hinaus in den beiden nachfolgenden Subkulturschritten erzielt. Das Protokoll wurde für 'Riesling' dahingehend modifiziert, dass in den ersten 4 Wochen der Antherenkultur eine Hormonapplikation von BAP und 2,4-D erfolgte, die in den beiden nachfolgenden Subkulturschritten jeweils um den Faktor 10 reduziert wurde. Nach dieser Hormonbehandlung wurden die Explantate auf hormonfreiem Basalmedium, das in vierwöchigen Intervallen gewechselt wurde, weiterkultiviert. In Abhängigkeit zur Herkunft der Antheren wurde dabei eine Steigerung der Embryogeneseraten bei Entnahme der Antheren von Vieraugenstecklingen von 7 %, bei mehrjährigen Gewächshausreben von 18 % und bei Freilandreben von 10 % im Vergleich zu den Versuchsansätzen des Vorjahres ermittelt.

Abstract:

For a seasonable independent initiation of anther culture four-node-cuttings were cultivated in the greenhouse with an additional illumination for 14 hours. Anthers of the grapevine cv. 'Riesling' could be excised after a cultivation period of 3 weeks. The explants were cultured for the first four weeks on full-strength MS medium supplemented with BAP and 2,4-D. In the following two subcultivation steps phytohormones were reduced 10-fold. Further cultivation was carried out on hormone-free medium. Following this protocol embryogenesis could be increased depending on the origin of anther explants.

(BAZ-5116)

### 3.4. Erweiterung der genetischen Basis von Sorten- und Zuchtmaterial durch Gentransfer *Agrobacterium tumefaciens*-mediated genetic transformation of grapevine

Bornhoff, B.-A.; Harst, M.; Zyprian, E.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Die Transformation mit *Agrobacterium tumefaciens* stellt eine der am häufigsten angewandten Methoden zur Herstellung transgener Pflanzen dar. Dieses Verfahren bietet sich für die Rebe, eine natürliche Wirtspflanze von Agrobakterium an, um Fremd-DNA in weinbaulich interessante Rebsorten einzuschleusen. Das Ziel ist, eine Methode zur Übertragung von Genen in Explantate verschiedener Rebsorten und der Regeneration transformierter Pflanzen zu etablieren.

*Agrobacterium*-mediated plant transformation is the most frequently used method to obtain transgenic dicotyledonous plants. In grapevine as a natural host, *Agrobacterium tumefaciens* causes crown gall tumors. However, transformation remains a problem due to the difficulties in plant regeneration. A protocol for *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation of grapevine explants and plant regeneration after bacterial inoculation will be established.

Ergebnisse:

Die im Vorjahr angesetzten Versuche zur Übertragung des bei 'Riesling' etablierten Transformationsprotokolls konnten bei den Rebsorten 'Dornfelder' und 'Müller-Thurgau' fortgeführt werden. Für die Transformation wurden embryogene Suspensionskulturen mit dem Agrobakterienstamm LBA4404 für 2 d inokuliert. Dazu wurde die Genkombination Chitinase/Glucanase mit Kanamycinresistenz als Selektionsmarker verwendet. Bei 'Müller-Thurgau' konnten keine, bei 'Dornfelder' bislang 100 Keimlinge, die auf Kanamycin (50 mg/L) selektiert wurden, angezogen werden. Es zeigte sich, dass die Konversion der Keimlinge zu intakten Pflanzen bei beiden Genotypen im Regenerationsverlauf eine problematische Entwicklungsstufe darstellt.

Zudem sollten weitere Genkonstrukte mit LBA4404 übertragen werden. Es wurden bei 'Riesling', 'Müller-Thurgau' und 'Dornfelder' verschiedene Versuche mit den Genen GFP und Kanamycinresistenz, auch in Kombination mit T4Lysozym, angesetzt. Ziel der Untersuchungen ist die Austestung von GFP im Vergleich zu Kanamycin als Selektionsmarker. Die bisherigen Beobachtungen erlauben noch keinen deutlichen Rückschluss auf die Eignung von GFP zur Selektion. Weitere Ansätze für einen Antibiotik ersatz zur Selektion wurden mit 2-DOG (2-desoxyglucose) vorgenommen. Bereits bei der Erstellung einer „killing curve“ für 2-DOG in den Konzentrationen 50, 100, 250 und 500 mg/L zeigte sich kein eindeutiger Selektionseffekt bei Embryonen der Rebsorten 'Riesling' und 'Dornfelder'. Als Alternative zur Transformation mit *Agrobacterium tumefaciens* wurden in Kooperation mit der AG Steinbiß, Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung Köln, als Genübertragungsmethode particle-gun-Ansätze mit 'Ries-

ling' durchgeführt. Somatische Embryonen verschiedener Entwicklungsstadien wurden mit zwei verschiedenen Größen an Goldpartikeln (0,8-1,5 µm, 1,3-2,5 µm) beschossen. Die Partikel wurden mit der Genkombination  $\beta$ -Glucuronidase-Gen und Kanamycinresistenzen beladen. Anschließend wurden die Embryonen auf kanamycinhaltigem Medium selektiert. Die Weiterdifferenzierung der Embryonen erfolgte in Abhängigkeit zur Größe der Goldpartikel. So konnte nur bei der Embryocharge, die mit Goldpartikeln der Größe 0,8-1,5 µm beschossen worden war, eine Konversion zu intakten Pflanzen bei 12 % der Keimlinge ermittelt werden. Bei Beschuss der Embryonen mit 1,3-2,5 µm-Goldpartikeln wurden nur deformierte Keimlinge erhalten. Die Auswertung von durchgeführten GUS-assays ergab keine durchgehende Blaufärbung der Gewebe, so dass bisher nur chimäre Regenerate beobachtet wurden. Auffallend war die Blaufärbung an Wurzeln und einzelnen Blattsegmenten.

Zur Überprüfung der Regenerationsfähigkeit von Antheren aus transgenen Gewächshausreben (Auspflanzung 1999) wurden Antherenkulturen von 'Dornfelder'- und einigen 'Riesling'-Linien angelegt. Bei diesen ersten Ansätzen konnten bei beiden Sorten linienabhängige Embryogeneinduktionsraten festgestellt werden.

#### Abstract:

Transformation experiments were continued with the gene combination chitinase/glucanase and kanamycinresistance as selectable marker. Germinated embryos of cv. 'Dornfelder' could be regenerated to plantlets under selective conditions. Experiments with gene constructs harbouring gene combinations with GFP were initiated to substitute antibiotic selection. Furthermore, killing curves on embryogenic tissues of cvs. 'Riesling' and 'Dornfelder' with 2-DOG were elaborated and proved to be not suited for selection purposes. As an alternative method to *Agrobacterium*-mediated gene transfer particle gun was tested on somatic embryos of Riesling using genes of  $\beta$ -glucuronidase and kanamycinresistance. Regeneration occurred depending on the size of gold particles. GUS-assays showed blue coloration on root and leaf segments.

Investigations with anthers from transgenic and non-transgenic greenhouse-grown grapevines of 'Dornfelder' and 'Riesling' were carried out to determine induction of somatic embryogenesis, showing induction rates depending on the line tested.

In Zusammenarbeit mit: Teilaspekte mit dem Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung Köln, Steinbiß, H.H. (BAZ-5136)

### 3.5. Optimierte binäre Vektoren für die Herstellung transgener Pflanzen ohne unerwünschte Sequenzen Optimized binary vectors for the generation of transgenic plants without undesired sequences

Hausmann, L.; Töpfer, R.

#### Zielsetzung/Aim:

In der Pflanzenzüchtung werden durch die Anwendung gentechnischer Methoden neue Möglichkeiten bezüglich der Verbesserung und Erweiterung des Nutzungspotenzials der Kulturpflanzen erwartet. Besonders vielversprechend sind die Techniken zur Herstellung von transgenen Pflanzen, weil dadurch Gene über Kreuzungsbarrieren hinweg übertragen und somit bisher nicht nutzbare genetische Ressourcen erschlossen werden können. Allerdings werden beim herkömmlichen Gentransfer neben dem zu übertragenden Gen auch DNA-Abschnitte mitübertragen, z. B. aus technischen Gründen Selektionsmarkergene, die später in der regenerierten Pflanze nicht mehr benötigt werden und unerwünscht sind. Um nun markergenfreie Pflanzen ohne unerwünschte DNA-Sequenzen zu erhalten, soll die Methode der Kotransformation angewandt werden, wobei zunächst die dafür benötigten binären Vektoren konstruiert und optimiert werden sollen.

In plant breeding it is expected that the application of gene technology will result in new opportunities for improving and extending the utilization potential of cultivated plants. Especially techniques to produce transgenic plants are promising. They allow the transfer of genes between species which naturally do not exchange genetic material. Therefore, genetic resources not exploitable so far could now be used. However, using standard techniques of gene transfer additional DNA sequences are co-transferred together with the gene of interest, e.g. a marker gene for technical reasons. In the regenerated plant this marker gene is not necessary and undesired. To generate marker-free transgenic plants without undesired sequences the method of co-transformation should be used. The binary vectors needed have to be constructed and optimized.

#### Ergebnisse:

Als Ausgangsplasmid wurden die bewährten binären Vektoren pLH9000 bzw. pLHAB gewählt. Die Optimierung der Vektoren für die Kotransformation erfolgt hinsichtlich verschiedener Aspekte. Für die Verkleinerung der nach wie vor recht großen Vektoren wurden zunächst durch Sequenzanalyse die für die Funktion nicht unmittelbar notwendigen Sequenzabschnitte herausgefunden, die mit Hilfe der PCR eliminiert werden sollen. Ferner wurde für die Kotransformation ein erstes Konstrukt erstellt, das zwei T-DNAs aufnehmen kann (Super-Binary), die beim Transformationsvorgang unabhängig voneinander ins Genom integrieren können. In einer weiteren Strategie wird ein zweiter Vektor, der ein anderes Replikon trägt und deshalb kompatibel zu den pLH-Vektoren ist, auf seine Verwendbarkeit für die Kotransformation getestet. Dieser zweite Vektor soll ebenfalls mit einer T-DNA ausgestattet werden und zusammen mit einem pLH-Vektor zur Trans-

formation eingesetzt werden, so dass genauso wie beim Super-Binary die T-DNAs an unterschiedlichen Stellen des Genoms integrieren können.

Projektförderung: Bundesministerium für Bildung und Forschung.

Abstract:

The binary vectors pLH9000 and pLHAB were chosen for optimization with regard to size reduction and usage for co-transformation. After intense sequence analysis unnecessary sequences of the vectors were described which will be eliminated. For co-transformation constructs two strategies are followed: a super-binary which harbors two T-DNAs and two compatible binary vectors. Both vector systems should allow the independent integration of the T-DNAs into the genome.

Funding: Bundesministerium für Bildung und Forschung.

In Zusammenarbeit mit: BBA Braunschweig, Schiemann, J.; MPI für Züchtungsforschung Köln, Steinbiß, H. H., Sohn, A.; Universität Rostock, Broer, I., Neumann, K.; Bayerische Landesanstalt, Freising-Weihenstephan, Reichmann, M.; Fraunhofer-Institut für Umweltchemie und Ökotoxikologie, Schmallenberg, Frank, W.; IPK, Gatersleben, Puchta, H.; Bioplant, Ebstorf, Tacke, E.; Planta, Einbeck, Kraus, J.; Sun-Gene, Gatersleben, Sonneward, U., Herbers, K. (BAZ-5140)

### **3.6. Einsatz der DNA-Microarray-Technologie zur Identifizierung von Stoffwechsellengpässen in Rapspflanzen mit veränderter Speicherlipidzusammensetzung**

**Use of DNA microarray technology to identify metabolic bottlenecks in rapeseed with modified storage lipids**

Hausmann, L.; Töpfer, R.

Zielsetzung/Aim:

Im Hinblick auf die züchterische Verbesserung qualitativer und quantitativer Merkmale von Sorten ist es wichtig zu wissen, welche genetischen Faktoren begrenzend wirken. Um die Kausalzusammenhänge über die Genaktivität im komplexen Netzwerk von Stoffwechselwegen einer Pflanze und dem jeweiligen Phänotyp aufzudecken, eignet sich besonders die DNA-Microarray-Technologie. Diese Methode ermöglicht die gleichzeitige Analyse der Genexpression einer Vielzahl von Genen in unterschiedlichsten Geweben verschiedener Pflanzenlinien. Die resultierenden Ergebnisse liefern daher direkt Informationen über die Korrelation von Merkmalen und Genaktivitäten. Als Teil eines größeren Verbundvorhabens sollen innerhalb dieses Projekts an vorhandenen transgenen Rapspflanzen und klassischen Mutanten mit Hilfe der DNA-Microarray-Technologie die genetischen Ursachen von Stoffwechsellengpässen des Lipidmetabolismus analysiert werden.

To improve qualitative and quantitative traits of cultivars by breeding it is important to know the limiting genetic

factors. The DNA microarray technology is especially suitable to analyze the causal relation of gene activities within the complex net of pathways of an individual plant and its phenotype. This method allows the simultaneous analysis of the expression level of many genes in various tissues of different plants. The results provide therefore directly informations about the correlation of traits and gene activities. Within this project, that is part of a larger cooperation, the genetic bottle-necks of the lipid metabolism should be analyzed using the DNA microarray technology and already existing transgenic and classical mutant rapeseed plants.

Ergebnisse:

Voraussetzung für die Aufgabenstellung ist zunächst ein Microarray (Unigene-DNA-Filter), eine Membran mit möglichst vielen einzigartigen, von ihrer Sequenz her bekannten Sequenzen, DNA, in gerasteter Form. Dafür wurde als erstes eine cDNA-Bank aus reifenden Rapsamen hergestellt. Als Vektor für diese cDNA-Bank wurde ein Plasmid-Vektor benutzt. Die Insertgröße der cDNA-Klone nach Restriktionsanalyse ergab eine durchschnittliche Länge von etwa 1 kbp. Ein Teil der Klone wurde in Mikrotiterplatten gerastert und nach Plasmid-Präparation vom 5'-Ende ansequenziert. Nach Editierung der DNA-Sequenzen erfolgte die Sequenzanalyse durch Datenbankvergleiche mit dem HUSAR-Programmpaket (BLAST). Die Ergebnisse dieser Auswertung wurde als Annotierung zu den Sequenzen in eine eigene Datenbank eingespeist, so dass ein schneller Zugriff auf die wesentlichen Informationen gewährleistet ist.

Parallel dazu wurde ein Test-Filter für die Etablierung der Microarray-Technik angefertigt, auf dem DNA von etwa 2000 Klonen aufgespottet ist. In diesen enthalten sind auch eine Vielzahl von Kontrollklonen, die als Positiv- oder Negativkontrolle dienen und die teilweise in transgenen Pflanzenlinien enthalten sind (z. B. 35S-Promotor, nptII, gusA, etc.).

Projektförderung: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe.

Abstract:

A cDNA library of immature seeds from rapeseed was constructed using a plasmid as vector for EST sequencing. The average size of the inserts of the library clones was about 1 kb. A part of the clones was transferred into microtiter plates and the 5' end of the clones sequenced after plasmid preparation. The sequences were analyzed and stored in an Access-based data base. In parallel, a first pilot filter was generated to establish the microarray technique. The DNA of approximately 2000 clones was spotted onto this filter including specific control DNAs (e. g. 35S promoter, nptII, gusA, etc.).

Funding: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe.

In Zusammenarbeit mit: Universität Giessen, Friedt, W., Lühs, W.; BAZ Groß Lüsewitz, Sonntag, K.; Universität Hamburg, Heinz, E.; RWTH Aachen, Frentzen, M., Weier, D.; NPZ Hohenlieth, Leckband, G.; DSV Lippstadt, Oertel. (BAZ-5141)



### 3.7. Isolierung und Charakterisierung von Genen der Wachsesterbiosynthese

#### Isolation and characterization of genes of the biosynthesis of wax esters

Diefenbach, J.; Hausmann, L.; Töpfer, R.

#### Zielsetzung/Aim:

Weinbeeren bestimmter Sorten zeichnen sich durch eine wasserabstoßende dicke Wachsschicht auf ihrer Oberfläche aus. Diese Wachsschicht wird durch die epidermalen Zellen aufgebaut und besteht aus einer Reihe verschiedener hydrophober Komponenten, darunter Fettalkohole, Fettaldehyde, Fettsäuren und Wachsester. Sehr ähnliche Wachsester sind auch als wesentliche Bestandteile des hochwertigen Jojobaöls bekannt. Ziel des Projektes ist es deshalb, die Gene der Oberflächenwachsestersynthese aus der Weinrebe zu isolieren und für eine samenspezifische Expression in Raps bereitzustellen, um in den Samen Wachsester zu synthetisieren. Die Genisolierung soll dabei durch eine EST-Sequenzierung erfolgen, der eine epidermisspezifische cDNA-Bank zu Grunde liegt.

Grape berries of certain cultivars show a thick water repellent wax layer on their surface. Epidermal cells produce this waxy layer that consists of various hydrophobic compounds among them are fatty alcohols, fatty aldehydes, fatty acids and wax esters. Very similar wax esters are the main compounds of the seed oil of jojoba. Therefore, the aim of the project is to isolate the genes of the biosynthesis of the surface wax esters from grapevine. These genes should then be prepared for seed-specific expression in rapeseed to synthesize wax esters in the seeds. The strategy for gene isolation will be an EST approach using a cDNA library from epidermal tissue.

#### Ergebnisse:

Die Biosynthese der Oberflächenwachse erfolgt ausgehend von Fettsäuren in drei Reaktionsschritten. Die an CoA gebundene Fettsäure wird zunächst in einen Fettaldehyd und danach zum Fettalkohol reduziert, bevor dieser mit einer weiteren Fettsäure durch die Wachssynthase zum Wachsester verestert wird. Die Reduktion der Fettsäure zum Fettalkohol wird dagegen in Jojoba von einem einzigen Enzym, der Acyl-CoA-Reduktase, in einem Schritt

durchgeführt. Um nun zunächst eine Pflanzenlinie zu generieren, die Wachsester produziert, wurden ausgehend von genomischer DNA aus Blättern von Jojoba über PCR die entsprechenden zwei Gene amplifiziert und kloniert. Bei der Charakterisierung der Genstrukturen wurde festgestellt, dass das Wachssynthasegen intronfrei und etwa 1,4 kb groß ist. Das Acyl-CoA-Reduktasegen dagegen enthält neun, teilweise sehr lange, Introns, so dass das Gen eine Gesamtlänge von über 13 kb aufweist. Mittels PCR wurde durch Introndeletion eine Verkleinerung des Gens auf etwa die Hälfte vorgenommen. Die beiden Gene wurden hinter einen starken samenspezifischen Promotor, der von einem Gen eines Samenspeicherproteins stammt, kloniert und für die Transformation vorbereitet.

Parallel dazu wurden verschiedene Methoden zur Isolierung von RNA aus Weinbeeren zwecks Herstellung von cDNA-Banken getestet. Aufgrund des hohen Säure- und Phenolgehalts erwies sich eine Standardmethode als ungeeignet. Als geeignete Methode erwies sich das Protokoll von Robinson *et al.*

Projektförderung: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe

#### Abstract:

The biosynthesis of surface wax esters is catalyzed in three steps starting from fatty acids via fatty aldehyde to fatty alcohol. The latter is then esterified with an additional fatty acid by a wax synthase to result in wax ester. In jojoba the two reductions are performed by a single enzyme called acyl-CoA reductase. To generate a first transgenic line producing wax esters the two genes from jojoba were cloned using the PCR technique and genomic DNA. The wax synthase gene has no intron whereas the acyl-CoA reductase has nine introns resulting in a overall length of more than 13 kb. Both genes have been cloned under control of a strong seed-specific promotor and prepared for transformation. In parallel, various methods for isolation of RNA from grape berries for the preparation of cDNA-libraries have been tested showing the protocol of Robinson *et al.* to be most favorable.

Funding: Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe

In Zusammenarbeit mit: BAZ, Institut für landwirtschaftliche Kulturen, Groß Lüsewitz, Sonntag, K. (BAZ-5142)

## 4. Qualitätsforschung Quality research

### 4.1. Die Bestimmung von Werteigenschaften bei Rebsorten: Beerenreife

#### Evaluation of valuable characters of grapevine varieties: berry ripening

Düring, H.

#### Zielsetzung/Aim:

Beginn und Dauer qualitätsbildender Entwicklungsprozesse in Weinbeeren sind klima- und sortenabhängig. Zur Beantwortung der Frage, ob neue Sorten unter den gegebenen klimatischen Bedingungen ausreichend hohe Most- und Weinqualitäten zu liefern vermögen, werden phänologische Analysen des Blühzeitpunktes, des Beginns der Beerenreife sowie der Geschwindigkeit der Zuckereinlagerung und des Säureabbaus durchgeführt.

The variety-specific onset and duration of developmental processes in grape berries determine must and wine quality. Whether new varieties are able to produce high must and wine quality under certain climatic conditions strongly depends therefore on phenological data, e.g. date of flowering, onset of ripening, velocity of sugar accumulation and degradation of acidity in berries.

#### Ergebnisse:

Im Jahre 2001 wurde der Blühzeitpunkt (Vollblüte) zwischen dem 18. und 21. Juni ('Riesling': 24.6.) ermittelt, damit lag er später als im Vorjahr. Der Zeitraum Blüte-Reifebeginn (25 °Oechsle) lag wiederum bei den meisten pilzresistenten Neuzüchtungen bei etwa 51 d ('Regent'), nur die Sorte 'Gf. Ga 47-42' durchlief diesen Zeitraum in 47 d, während 'Riesling' 61 d benötigte. Die Dauer der Zuckereinlagerung (25-65 °Oechsle) lag bei den meisten Sorten ähnlich wie im Vorjahr zwischen 19 ('Gf. 86-7-188') und 38 d ('Müller-Thurgau', 'Phoenix'). Die Dauer der Säureabnahme (Säuremaximum minus 20 ‰) differierte im Berichtsjahr wieder erheblich zwischen 13 d ('Gf. 84-21-9' und 'Gf. 86-2-60') und 35 d ('Riesling').

Untersuchungen zur Stielhämempfindlichkeit in der Population 'Gf. Ga-47-42' x 'Villard blanc' ergaben, dass im Jahre 2000 von den 115 untersuchten Genotypen 29 %, darunter auch 'Gf. Ga-47-42', eine geringe bis sehr geringe Xylembildung in bestimmten Bereichen des Traubensstiels aufwiesen, während 71 %, darunter auch 'Villard blanc', eine gute bis sehr gute Xylembildung zeigten. Eine geringe Xylembildung gilt als Indikator einer erhöhten Stielhämefälligkeit. Dieses Screening ist Teil der markergestützten Genanalyse (vgl. BAZ-5115).

#### Abstract:

In 2001, full bloom was observed from June 18 to 21 ('Riesling' June 24), i.e. later than last year. The average duration of the developmental period bloom-veraison was 51 d ('Regent'), that of 'Gf. Ga-47-42' 47 d, 'Riesling' 61 d. The duration of sugar accumulation (25-65 °Oechsle) for most varieties was between 19 ('Gf. Ga-86-7-188') and 38 d ('Müller-Thurgau', 'Phoenix'). The time span for

degradation of acidity (maximum minus 20 ‰) varied between 13 d ('Gf. 84-21-9', 'Gf. 86-2-60') and 35 d ('Riesling'). Estimations concerning the susceptibility to bunch stem necrosis in the population 'Gf. Ga-47-42' x 'Villard blanc' indicate that in 2000 29 % out of 115 genotypes including 'Gf. Ga-47-42' xylem in certain areas of the peduncle was underdeveloped while in 71 % including 'Villard blanc' xylem was normally developed. This screening is part of a marker-assisted gene analysis.

(BAZ-5109)

### 4.2. Untersuchungen über die Aromastoffe des Mostes und Weines: terpenoide Verbindungen, Sortencharakterisierung

#### Investigations on aroma compounds of must and wine: terpene compounds, varietal characterization

Eibach, R.; Töpfer, R.

#### Zielsetzung/Aim:

Im Rahmen der Entwicklung von molekularen Markern für züchterisch relevante Eigenschaften (Weinqualität, sortencharakteristische Aromastoffe) wird die Aromazusammensetzung von Einzelpflanzen aus Kreuzungspopulationen bei einem Reifegrad zwischen 65 und 75 °Oechsle untersucht.

Within the frame of development of molecular markers for relevant characters (wine quality, variety-specific aroma compounds) aroma compounds of single plants from crossing populations were analysed at a certain stage of ripening (65-75 °Oechsle).

#### Ergebnisse:

Die Untersuchungen aus dem Vorjahr zur Ermittlung des Aromaprofils in Kreuzungsnachkommenschaften wurden fortgesetzt und auf die Population aus der Kreuzung zwischen 'Gf. Ga-47-42' x 'Villard blanc' konzentriert (Abb. 1). Die gaschromatographischen Untersuchungen ermöglichen eine Trennung von insgesamt etwa 200 Komponenten in der gesamten Nachkommenschaft einschließlich der Elternsorten. Etwa 50 Komponenten sind hinsichtlich der Segregation in der Nachkommenschaft von besonderem Interesse. Die Identifizierung der in den meisten Fällen noch unbekannt Komponenten mittels GCMS ist in Zusammenarbeit mit dem BAZ-Institut für Pflanzenanalytik in Quedlinburg eingeleitet. Im Rahmen des Projektes BAZ-5115 wird die Population hinsichtlich der Entwicklung molekularer Marker für spezifische Aromakomponenten bearbeitet (s. BAZ-5115).

#### Abstract:

By gaschromatographical analysis in a progeny of the cross 'Gf. Ga-47-42' x 'Villard blanc' about 200 aroma compounds could be separated (Fig. 1). About 50 compounds are of special interest concerning the segregation in the progeny. The identification of the compounds – most of them are still unknown – will be done in co-operation

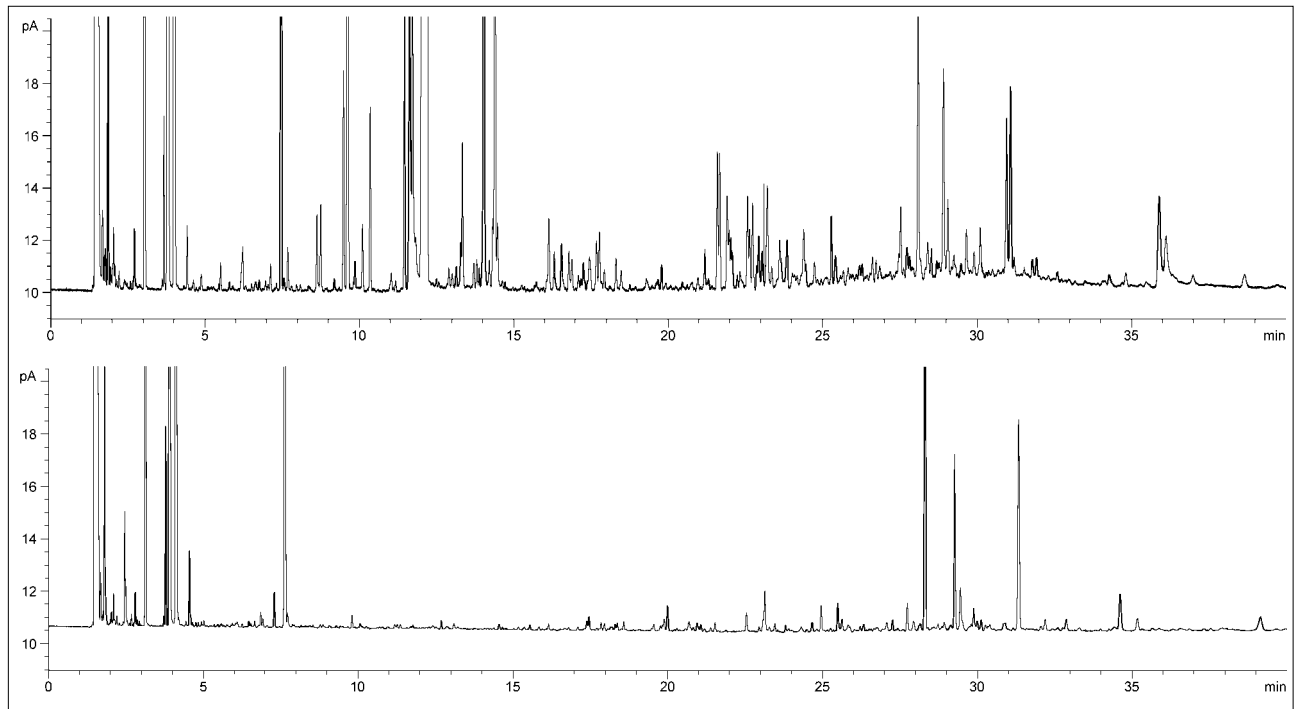


Abb. 1: Aromagramm der Rebsorte 'Gf.Ga-47-42' (oben) und der Rebsorte 'Villard blanc' (unten).  
 Fig. 1: Aromagramme of the cultivar 'Gf.Ga-47-42' (upper part) and the cultivar 'Villard blanc' (lower part).

with the BAZ-institute for plant analysis in Quedlinburg. In the frame of the project BAZ-5115 the population is investigated in order to develop molecular markers for specific aroma compounds.

In Zusammenarbeit mit: BAZ-Institut für Pflanzenanalytik in Quedlinburg (BAZ-5123)

## 5. Züchtung Breeding

### 5.1. Züchtung von Reben mit hoher Resistenz gegen pilzliche Krankheiten (*Plasmopara*, *Oidium*, *Botrytis*) und hoher Qualitätsleistung Breeding of vines resistant to fungus diseases (*Plasmopara*, *Oidium*, *Botrytis*) with high quality Eibach, R.

Zielsetzung/Aim:

Die Entwicklung neuer Rebsorten mit vollständiger oder weitgehender Resistenz, vor allem gegenüber den weinbaulich wichtigsten Mehltaukrankheiten und dem Grauschimmel, führt zu einer wesentlichen Verminderung des Pflanzenschutzmittelaufwandes und eröffnet die Möglichkeit eines umweltschonenden Weinbaues. Zur Steigerung der Züchtungseffizienz werden die im Rahmen der Züchtungsforschung erarbeiteten Methoden und Verfahren in die Züchtung integriert. Neue aussichtsreiche Rebsorten werden in Zusammenarbeit mit dem Bundessortenamt (Sortenschutz, Sortenliste) in der Weinbaupraxis auf ihre Anbaueignung überprüft.

The development of new grapevine varieties with a high degree of resistance to viticulturally important fungal diseases (*Plasmopara*, *Oidium*, *Botrytis*) considerably reduces plant protection measures and thus contributes to an environmentally friendly viticulture. To improve breeding efficiency, the new methods are elaborated and incorporated into the breeding process. Newly developed promising grapevine varieties are officially tested in cooperation with the Federal Variety Office (plant protection, variety list) and the practical viticulture for their suitability.

Ergebnisse:

Im Berichtsjahr wurden insgesamt 79 Kreuzungskombinationen durchgeführt, wovon 70 zu einem Samenansatz und einer Ernte von ca. 30.000 Samen führten. Die verwendeten Elternsorten umfassen vorwiegend eigene Zuchtsorten sowie Genotypen, die im Rahmen der Evaluierungsarbeiten in der am Institut vorhandenen Rebsortensammlung selektiert wurden (s. BAZ-5105, 5106).

Für die Entwicklung molekularer Marker wurden bereits vorhandene Kreuzungskombinationen wiederholt, um Testpopulationen mit breiter genetischer Aufspaltung in ausreichender Größe für entsprechende Untersuchungen zur Verfügung zu haben. Insgesamt konnten hier aus zwei Kreuzungskombinationen ca. 1300 Samen gewonnen werden. Die im Berichtsjahr angezogenen Sämlinge wurden unter entsprechenden Infektionsbedingungen auf ihre Mehltau-Resistenzeigenschaften selektiert. Etwa 800 Sämlinge zeigten keinen bzw. geringen Befall und werden im Folgejahr zur weiteren Prüfung im Freiland aufgepflanzt. Neben der routinemäßigen Selektion dienen die Ergebnisse der Befallserhebungen auch für populationsgenetische Untersuchungen im Hinblick auf die Vererbung der Mehltaure-sistenz und damit zur Optimierung der Auswahl geeigneter

ter Kreuzungseltern.

Aus den Kreuzungen der Vorjahre wurden nach entsprechender Vorselektion auf Oidium- bzw. Plasmoparasistenz ca. 1.300 Sämlinge auf dem Geilweilerhof ausgepflanzt. Unter Berücksichtigung der Resistenzeigenschaften, der Leistungsdaten und weiterer wertbestimmender Eigenschaften wurden 12 neue Zuchtstämme in die Vorprüfung übernommen.

Für drei beim Bundessortenamt angemeldeten Zuchtstämme (1 x rot, 2 x weiß) wurde die Anbaueignungsprüfung in Zusammenarbeit mit der Weinbaulichen Praxis eingeleitet. Die im Vorjahr in Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe EDV der BAZ begonnene Entwicklung einer Datenbankanwendung für die Verwaltung und Auswertung der in großer Menge anfallenden Zuchtdaten wurde im Berichtsjahr weitestgehend abgeschlossen. Damit steht nun eine den individuellen Anforderungen angepasste Software zur Verfügung, die eine effektives Datenbankmanagement der umfangreichen Kreuzungs-, Selektions- und Evaluierungsdaten ermöglicht.

Im Rahmen der bilateralen Kooperation mit der Bayerischen Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau (LWG) werden Frostresistenzprüfungen von aussichtsreichem Zuchtmaterial an hierfür besonders geeigneten Standorten der LWG durchgeführt. In einem weiteren gemeinsamen Projekt mit der LWG sollen molekulare Marker zur Diagnose der Pilzkrankheit Roter Brenner (*Pseudopeziza tracheiphila*) entwickelt werden. Eine entsprechende Sämlingspopulation, die eine genetische Aufspaltung der Resistenz gegenüber Roter Brenner erwarten lässt, wurde teilweise auf den Versuchsflächen der LWG aufgepflanzt, da dort günstige natürliche Infektionsbedingungen gegeben sind.

Die Überprüfung der Reblausresistenz in einer für dieses Merkmal spaltenden Sämlingspopulation mittels einer in Zusammenarbeit mit der LWG und der Universität Hohenheim entwickelten Gewächshausmethode wurde fortgesetzt. Erste Ergebnisse lassen auf einen dihybriden Erbgang für die Reblausresistenz an der Wurzel schließen, bedürfen jedoch der Validierung im Folgejahr. Parallel zu diesem Resistenzscreening wurde mit der Entwicklung geeigneter Resistenzmarker begonnen.

In Zusammenarbeit mit den staatlichen Kreuzungszüchtern wurde mit der Evaluierung von Wildarten insbesondere im Hinblick auf Pilzresistenzigenschaften begonnen (s. BAZ-5137).

Der unter der Obhut des Forschungsringes des Deutschen Weinbaus (FDW) organisierte III. Ringversuch mit pilzweiderstandsfähigen Neuzüchtungen der staatlichen Kreuzungszüchter unter Beteiligung des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof wurde im Berichtsjahr abgeschlossen. Mit den Vorbereitungen für den IV. Ringversuch, der im Jahr 2003 bei den staatlichen Weinbaueinrichtungen gepflanzt werden soll, wurde begonnen.

Abstract:

Emphasis is placed upon the improvement of resistant vines, combined with high wine quality and high performance characteristics. The breeding features aim at a

reduction of plant protection measures, to increase quality and yield reliability and to contribute to environmentally friendly viticulture.

About 30.000 seeds could be harvested from the crossing combinations carried out. Most of the selected parental varieties derive either from the own breeding program or are selected from the existing and evaluated outdoor collection which has been proven to be a very important source. The existing seedlings were screened for their mildew resistance and about 800 proved to have sufficient resistance. Based on the mildew screening results of the previous year about 1.300 seedlings were planted in outdoor field trials. According the performance and resistance characteristics evaluated over several years 12 breeding lines were propagated and subsequently planted for further tests. For three breeding strains (one red variety, two white varieties) for which varietal protection was applied first suitability trials were established in co-operation with private viticulturists.

In Zusammenarbeit mit den Staatlichen Kreuzungszüchtern Alzey, Oppenheim, Freiburg, Geisenheim, Weinsberg und Würzburg (BAZ-5101)

## 5.2. Die Erhaltungszüchtung neuer Rebsorten Maintenance breeding of vine varieties

Eibach, R.; Harst, M.

Zielsetzung/Aim:

Ausgewählte Einzelstöcke von Klonen pilzresistenter Neuzüchtungen werden phytosanitären Tests gegenüber Virus- und Bakterienkrankheiten unterworfen. Pflanzen, die sich als frei von Pathogenen erweisen, werden *in vitro* überführt. Damit ist eine Reinfektion ausgeschlossen und im Bedarfsfall eine rasche Vermehrung gesunden Pflanzguts möglich. Schwerpunktmäßig werden derzeit pathogenfreie Pflanzen der Neuzüchtung 'Regent' sowie weitere neue aussichtsreich erscheinende Zuchtsorten *in vitro* überführt und vermehrt. Das Material dient dem Aufbau von Vermehrungsanlagen.

Selected individual clones of fungus-resistant new varieties are subjected to phytosanitary tests for virus and bacterial diseases. Plants which prove to be pathogen-free, are transferred *in vitro*. This excludes a reinfection and enables a rapid propagation of healthy plant material. *In vitro* propagation is focused on multiplication of pathogen-free plants of the new bred variety 'Regent' as well as other promising new breeding strains. The material will be used for establishing propagation plots.

Ergebnisse:

Die derzeit erfolgreichste aus der Resistenzzüchtung des Instituts hervorgegangene Rebsorte, 'Regent', ist zwischenzeitlich in allen deutschen Weinbaureisenden Bundesländern klassifiziert. Die Nachfrage nach Pflanzgut ist nach wie vor sehr hoch. Mit ca. 2,25 Mio. eingeschul-

ten Pfropfreben wurde die Pflanzgutproduktion im Vergleich zum Vorjahr nahezu verdoppelt. Damit liegt 'Regent' nun an vierter Stelle aller in Deutschland vermehrten Rebsorten. Züchterisch selektioniert und von den entsprechenden Anerkennungsstellen der Länder anerkannt wurden 'Regent'-Vermehrungsflächen von insgesamt ca. 17 ha. Der Aufbau von virusgetesteten Vermehrungsanlagen wurde mit großem Nachdruck weiter verfolgt. In Zusammenarbeit mit privaten Rebveredlern wurde virusgetestetes Basispflanzgut für etwa 1 ha neu zu erstellende Vermehrungsfläche erzeugt.

Die Prüfung von selektionierten Einzelpflanzen pilzresistenter Neuzüchtungen des Instituts wurde fortgesetzt. Für den Aufbau von virusgetestetem Vermehrungsmaterial von drei für den Sortenschutz angemeldeten Neuzüchtungen wurden die nach den gesetzlichen Grundlagen vorgeschriebenen Virustests eingeleitet. Parallel wurden diese Einzelpflanzen über Grünstecklinge *in vitro* überführt. Damit soll einerseits das Material unter pathogenfreien Bedingungen erhalten und zum Anderen eine im Bedarfsfall rasche *in vitro*-Vermehrung für den Aufbau von Vermehrungsanlagen ermöglicht werden.

Abstract:

At the moment 'Regent' is one of the most planted cultivars in Germany, which is derived from the resistance breeding program at Geilweilerhof. About 2,25 million graftings were produced which is about a doubling as compared to the previous year. According to the legislation frame the propagation mother plots (about 17 ha) were subject of phytosanitary and genetic selection. Emphasis was placed on the establishing of new propagation plots with virus tested plants. Other new fungus resistant varieties of our maintenance breeding program are subjected to tests concerning health and performance. Phytosanitary tested single plants of interesting breeding strains were transferred *in vitro* in order to keep them pathogen-free and to allow a rapid propagation in the case of need.

(BAZ-5102)

## 6. Genetische Ressourcen Genetic resources

### 6.1. Die Erhaltung der genetischen Ressourcen der Rebe

#### Maintenance of genetic resources of grapevines

Eibach, R.; Dettweiler, E; Harst, M.; Jung, A.

Zielsetzung/Aim:

Die weltweite Erfassung der Weinbauinstitute, die im Besitz eines Rebsortimentes sind, wurde fortgeführt. Angaben bezüglich geographischer Lage, Klimadaten und Zusammensetzung des Rebsortimentes werden erfasst. Die Datenbank der Rebe mit IPGRI-Passport-Daten von 18.510 Rebarten und Sorten aus mehr als 100 Rebsortimenten wurde fortlaufend aktualisiert und erweitert. Eine recherchierbare Version der Datenbank wurde in Zusam-

menarbeit mit der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information / Institut für Genetische Ressourcen (ZADI / IGR) als „Vitis International Variety Catalogue“ über das Internet zugänglich gemacht (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>). Wertvolle Sorten bzw. Zuchtstämme werden parallel *in vitro* kultiviert. Der weitere Ausbau berücksichtigt vor allem Genotypen mit züchterisch wertvollen Eigenschaften.

Compilation of viticultural institutes (worldwide) with grapevine collections is in progress. Furthermore, addresses, geographic sites, climatic data and composition of the grapevine collections are specified. The database for grapevines at our Institute is provided with the IPGRI-passport data of 18.510 varieties. It is continuously updated. The online retrievable version, The „Vitis International Variety Catalogue“ was elaborated together with the Centre for Agricultural Documentation and Information / Institute for Genetic Resources (ZADI / IGR) and is available on Internet (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>). In parallel, important cultivars or strains are cultivated *in vitro*. A further extension considers all genotypes showing important breeding characteristics.

Ergebnisse:

Die Datenbank der Rebe umfasst derzeit 18.510 verschiedene Rebarten und -sorten, die mit den IPGRI-Passport-Daten versehen sind. Neben den üblichen Aktualisierungen wurde mit der Eingabe detaillierter Abstammungen fortgefahren, um zukünftig Stammbäume generieren zu können und die genetische Breite der heutigen Kultursorten und Neuzüchtungen zu eroieren. In Zusammenarbeit mit ZADI / IGR wurden die Passport-Daten und sortenbeschreibenden Merkmalsdaten (Morphologie, Widerstandsfähigkeit gegenüber Pilzkrankheiten) und Abbildungen (Triebspitze, Blattober- und Blattunterseite und Traube) recherchierbar über Internet zugänglich gemacht (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>). Fortgesetzt wurde die Beschreibung der ca. 300 alten Landrebsorten. Neben der Erfassung der sortentypischen Merkmale (Deskriptoren) des Triebes (7), der Triebspitze (9), der Blätter (42), der Trauben (21) und der Beeren (15) werden zusätzliche züchterische Eigenschaften (6) bewertet, der genetische Fingerabdruck erstellt, die Weine ausgebaut (von 20 Akzessionen), ihre Qualität beurteilt und alte Literaturquellen aufgearbeitet. Außerdem wurde ein über 100-jähriger Weinberg (gemischter Satz) in Handschuhsheim / Heidelberg gepflegt, der kurz vor der Rodung auf das Vorkommen alter Rebsorten untersucht und die darin stehenden Rebsorten beschrieben (auch mittels genetischem Fingerabdruck) und z.T identifiziert werden konnten. Seltene und nicht identifizierte Sorten werden vermehrt und am Geilweilerhof aufgepflanzt. Bei weiteren zwei Weinbergen in Handschuhsheim wurde mit der Beschreibung und Identifizierung begonnen. Mit diesen Maßnahmen wird die genetische Basis der ausschließlich in Rebsortimenten vorkommenden Sorten erweitert. Ziel ist es, robuste Genotypen mit hohen Qualitätseigenschaften aufzufinden, zu erhalten und für die Züchtung nutzbar zu machen.

Zur Ergänzung und Erweiterung der Sammlung genetischer Ressourcen wurden im Jahr 2000 verschiedene Genotypen von Sorten und Wildarten aus Nordamerika eingeführt. Entsprechend den gesetzlichen Bestimmungen wurden die Reben in einer Quarantänestation angezogen und die vorgeschriebenen Tests auf Pathogene gemäß den Quarantänebestimmungen durchgeführt bzw. eingeleitet.

Das Rebsortiment umfasst 3010 Genotypen (davon ca. 1000 *V. vinifera*-Sorten, ca. 1700 Sorten aus sogenannten interspezifischen Kreuzungen und verschiedene *Vitis*-Arten).

Mit der Feststellung der Sortenechtheit wurde im Berichtsjahr fortgefahren. Die Identität wurde durch Vergleich mit herbarisierten Blättern und ampelographischen Publikationen bestimmt. Bisher wurden 1034 der 3010 Akzessionen überprüft. Davon erwiesen sich 940 als sortenecht. Die Identität der übrigen Sorten wird in den nächsten Jahren untersucht.

Im *in vitro*-Sortiment des IRZ werden derzeit unter normalen Wachstumsbedingungen (+ 25 °C, 14 h Licht bei 50 µmol quanta.m<sup>-2</sup>.s<sup>-1</sup>) durchschnittlich 40 Pflanzen von 4 Wildarten, 2 Unterlagssorten, 13 pilzwiderstandsfähige Keltertraubensorten und 15 *Vitis vinifera*-Sorten erhalten.

#### Abstract:

In the grapevine database 18.510 cultivars and *Vitis* species are registered and provided with the IPGRI-passport data. Besides updating, mainly fungus resistant varieties were added. Passport data and cultivar-specific information (morphological and fungus resistance data) are available via Internet (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>). The description of old landraces is continued and includes the recording of the cultivar-specific characteristics of shoots, shoot-tips, leaves, bunches and berries, the evaluation of their breeding aptitudes, genetic fingerprints, wine production, the evaluation of the wine quality and literature studies. There is a continued search for ancient grapevine cultivars to maintain robust cultivars with high quality for breeding purposes. In the grapevine collection, comprising 3010 accessions, checking of the true to typeness was continued. Identity was analysed by comparison with leaf specimen and ampelographical publications. From the 1034 checked accessions, 940 were true to type. The identity of the remaining accessions has to be confirmed in the next years.

In Zusammenarbeit mit: Zentralstelle für Agrardokumentation und -information / Institut für genetische Ressourcen (ZADI / IGR), Bonn (BAZ-5106)

## 6.2. Identifizierung von Rebsorten mit morphologischen Merkmalen und molekularen Markern

### Identification of grapevine cultivars with morphological descriptors and molecular markers

Dettweiler, E.; Jung, A.; Zyprian, E.; Töpfer, R.

#### Zielsetzung/Aim:

Für die Differenzierung von Rebsorten werden neben morphologischen Merkmalen auch molekulare Marker herangezogen. Letztere können zudem auch zur Klärung von Abstammungsverhältnissen und Verwandtschaftsbeziehungen beitragen. Ziel ist die Erarbeitung eines Identifikationsschlüssels, der auf morphologischen Merkmalen basiert und durch molekulargenetische Marker ergänzt wird.

For the differentiation of cultivars morphological features and molecular markers were used. In addition, the molecular markers can contribute to the clarification of the parentages and degrees of relationships. It is aimed to elaborate an identification key, based upon morphological characteristics which can be completed by molecular markers.

#### Ergebnisse:

Zur Unterscheidung und Identifizierung von Rebsorten mit Hilfe morphologischer Merkmale (Trieb, Blätter, Beeren) wurde mit der Datensammlung und -bearbeitung fortgefahren. Es liegt eine mehrortige Beschreibung von ca. 900 verschiedenen Rebsorten vor. Im Rahmen des EU-Projekts GENRES CT96 No81 wurden 47 Sorten (30 einheimische alte Rebsorten, 3 Tafeltraubensorten und 14 pilzfeste Rebsorten) bewertet mit 46 Boniturmerkmalen und 21 ampelometrischen Merkmalen. In Zusammenarbeit mit ZADI / IGR erfolgte die ständige Aktualisierung der EU-*Vitis*-Datenbank, in der die Daten der 19 Projektteilnehmer abgelegt sind. Sie ist im Internet als recherchierbare Datenbank zugänglich (<http://www.dainet.de/eccdb/vitis/>). Die Entwicklung eines Identifikationsverfahrens basierend auf morphologischen Merkmalen und Allellängen (von sog. STMS (sequence tagged microsatellite sites)-Markern, welche durch Amplifikation hochpolymorpher repetitiver Mikrosatelliten-DNA erzeugt werden) ist geplant. Die Zuverlässigkeit dieses Identifikationsverfahrens ist dann gewährleistet, wenn die Untersuchungsergebnisse reproduzierbar sind. Die Arbeiten, die bezüglich der STMS-Marker im Rahmen des EU-Projekts GENRES CT96 No 81 durchgeführt wurden, haben gezeigt, dass Maßnahmen zur Harmonisierung der Ergebnisse notwendig sind. Eine Strategie wurde entwickelt, die den Einsatz von Rebsortenmarkern als Standards vorsieht. Partner aus 7 Ländern beteiligen sich an dem Versuch. Erste Ergebnisse mit 16 Sorten und 6 Mikrosatellitenprimern bestätigten, dass übereinstimmende Ergebnisse möglich sind, unabhängig von Labor, Ausstattung und Verfahrensweise, vorausgesetzt Rebsorten werden als Größenmarker eingesetzt. Die Bestimmung der Allellängen von 19 Unterlagen (= interspezifische Kreuzungen) und 16 *Vitis vinifera*-Sorten ist im Berichtsjahr vollzogen worden. Der Abgleich der Allellängen der verschiedenen Projektteilnehmer ist für

2002 vorgesehen. Mit der Entwicklung von Deskriptoren für STMS-Marker wurde fortgefahren. Da bisher nur Allellängen von *Vitis vinifera*-Sorten übereinstimmend geklärt wurden, sind die Deskriptoren noch als vorläufig einzustufen. Der internationale Vergleich der Allellängen soll 2002 zur endgültigen Definition der STMS-Marker Deskriptoren führen.

Das vom Institut eingerichtete Herbarium umfasst 5700 Exemplare (Blätter, Samen, Triebspitzen) von 1700 verschiedenen Rebsorten.

Abstract:

In addition to the differentiation of grapevine varieties with morphological descriptors the techniques for cultivar identification by molecular markers have been improved. For this purpose, mainly STMS (sequence tagged microsatellite sequences) are used. In order to increase the number of available markers, the institute participated in an international consortium. 15 new markers are currently being tested with several grapevine varieties to determine their informativity.

In the scope of the EU-project GENRES CT 96 No 81 6 STMS-markers were applied on 16 varieties. By using varieties as length markers, allele length of varieties can be compared independantly of laboratories, equipment and protocol. In 2001 another 19 rootstock- and 16 *Vitis vinifera* varieties were analysed. The development of descriptors is underway. The grapevine herbarium comprises 5700 specimens from 1700 different cultivars.

In Zusammenarbeit mit: AG EDV, BAZ Quedlinburg; Kecke, S.; Marx, G.; Vitis Microsatellite Consortium (VMC) und im Rahmen des EU-Projektes GENRES CT96 No81: Abracheva, P., Institute of Viticulture and Enology, Pleven, Bulgarien; Boursiquot, J.-M., UFR Viticulture, ENSAM.N, Montpellier, Frankreich; Sanikidse, R., Tschchartischwili, N., Wissenschaftliches Forschungsinstitut für gartenbauliche Pflanzenzüchtung und Weinbau, Tiflis, Georgien; Mattheou, A., National Agricultural Research Foundation, Agricultural Research Center of Makedonia and Thrake Greek Gene Bank, Themi of Thessaloniki, Griechenland; Pitsoli, D., NAGREF Vine Institute, Lykovrissi, Griechenland; Costacurta, A., Istituto Sperimentale per la Viticoltura, Sez. Ampelografia e Miglioramento Genetico, Susegana, Italien; Grando, S., Istituto Agrario di San Michele all'Adige, Italien; Peterlunger, E., Università degli Studi di Udine, Dipartimento di Produzione Vegetale e Technologie Agrarie, Udine, Italien; Schneider, A., Centro Miglioramento Genetico e Biologica delle Vite, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Grugliasco, Italien; Pejic, I., University of Zagreb, Faculty of Agriculture, Zagreb, Kroatien; Ciutac, N., National Institute for Grape and Wine, Kishinev, Moldavien; Kaserer, H., Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau, Klosterneuburg, Österreich; Eiras Dias, J. Estacção Vitivinícola Nacional, Dois Portos, Portugal; Maigre, D., Station Fédérale de Recherches en Production Végétale de Changins, Pully, Schweiz; Korosec-Koruza, Z., Biotehniška fakulteta, Ljubljana, Slovenien; Garcia de Lujan, A.,

Junta de Andalucia, Consejeria de Agricultura y Pesca, C.I.F.A. Rancho de la Merced, Jerez de la Frontera, Spanien; Ortiz, J., Departamento de Biología Vegetal, Universidad Politecnica de Madrid, E.T.S. Ingenieros Agrónomos, Spanien; Hubácková, M., Research Station for Viticulture, Karlstein, Tschechische Republik; Diofasi, L., FM Zsölézet és Borászati Kutaó, Intézet allomása, Pécs, Ungarn. (BAZ-5126)

### 6.3. Evaluierung der genetischen Ressourcen auf züchterisch wertvolle Eigenschaften

#### Evaluation of the genetic resources with regard to important breeding characteristics

Eibach, R.; Dettweiler, E.

Zielsetzung/Aim:

Die umfangreiche Rebsortensammlung (*Vitis* sp.) des Institutes wird im Hinblick auf züchterisch wichtige Merkmale evaluiert. Dabei stehen vor allem die weinbaulich wichtigen Pilzkrankheiten im Vordergrund. Zur Ermittlung des Resistenzgrades werden für die Mehltaukrankheiten vor allem Freilandhebungen durchgeführt. Die Evaluierung züchterisch wichtiger Eigenschaften durch Literaturrecherchen wird parallel durchgeführt. Die Ergebnisse zur Resistenz von Sorten gegenüber Pilzkrankheiten werden zusammengestellt und veröffentlicht. Sie sind über Internet (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>) zugänglich.

The institute's extensive grapevine field collection is evaluated as to the important characteristics for breeding purposes. At present, priority is given above all to the viticulturally important fungus diseases. To ascertain the degree of infection of mildew diseases field evaluation, combined with *in vitro* tests are used. In parallel, evaluation by literature of important characteristics of cultivars is carried out. The results of variety resistance to fungus diseases are gathered and published. These informations are available via Internet (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis.htm>).

Ergebnisse:

Die Untersuchungen zur Mehltau- und Botrytisresistenz in der Rebsortensammlung am Geilweilerhof wurden fortgesetzt. Seit 1989 wird der Befall mit falschem Mehltau bei den vorhandenen Genotypen verschiedener *Vitis*-Arten sowie den aus sogenannten interspezifischen Kreuzungen hervorgegangenen Rebsorten und Zuchtstämmen (I.C.-Sorten) jährlich ermittelt. Günstige Witterungsbedingungen für den Echten Mehltau ermöglichten im Berichtsjahr ein effektives Screening für diesen Schaderreger in der nicht mit Pflanzenschutzmitteln behandelten Sortensammlung. Die Auswertung der Mehltau-Befallsdaten aus den vergangenen Jahren zeigte, dass es einen relativ hohen Anteil (12 % bis 59 %) von Genotypen gibt, die für einzelne Merkmale (Echter und Falscher Mehltau an Blatt und Beere) einen ausreichenden Resistenzgrad aufweisen. Allerdings zeigte es sich, dass lediglich 3 % aller untersuchten Genotypen für alle vier Resistenzmerkmale

gleichzeitig eine ausreichende bzw. hohe Resistenz aufweisen. Die Daten der Resistenzeigenschaften sind im Zusammenhang mit weiteren Erhebungen zu Leistungs- und Qualitätseigenschaften eine wesentliche Entscheidungsgrundlage für die züchterische Nutzung des Materials. Basierend auf diesen Erhebungen wurden auch im Berichtsjahr neue Genotypen aus der Rebsortensammlung in das Züchtungsprogramm aufgenommen und die genetische Basis damit verbreitert.

Abstract:

The important breeding characteristics of grapevine species and varieties are evaluated in our comprehensive grapevine collection. Main emphasis is placed upon the resistance features to important fungal diseases and other viticulturally essential characteristics. Evaluation data for downy mildew are recorded since 1989. High infection pressure of powdery mildew in this year permitted an effective screening for downy mildew resistance. Concerning the mildews the evaluation of the data collected over the last years show that there is a considerable percentage of genotypes (12 % to 59 %) which show a sufficient degree of resistance for single traits (downy and powdery mildew on leaf and berry). However only about 3 % of the genotypes show a sufficient resistance for all the four characteristics together. Based on these evaluation data and combined with additional evaluated performance and quality characteristics new genotypes were incorporated again into the breeding program in this year which is of importance for broadening of the genetic basis within the breeding program. Data on grapevine cultivars' fungus resistance, found by literature review, are available via Internet (<http://www.dainet.de/genres/idb/vitis>).

(BAZ-5105)

#### 6.4. Evaluierung von *Vitis*-Arten auf Resistenzeigenschaften

##### Evaluation of *Vitis* species on resistance characteristics

Eibach, R.; Zyprian, E.; Agraval, D.\*

Zielsetzung/Aim:

Erschließung der genetischen Ressourcen der Rebe im Hinblick auf die Schaffung einer breiteren genetischen Basis für die Resistenzzüchtung. Zu einer möglichst vollständigen Erfassung der genetischen Variabilität innerhalb der Arten wird Material (Holz, Samen) aus über die *Vitis*-Datenbank zu erschließenden Quellen sowie aus *in situ*-Beständen von verschiedenen Orten des Verbreitungsgebietes gesammelt. Weiterhin werden ausgewählte Genotypen von Wildarten für intraspezifische Kreuzungen zur Schaffung genetischer Variation genutzt. Das Material wird evaluiert und geeignete Formen werden für die Züchtung zur Verfügung gestellt bzw. für genetische Analysen mit dem Ziel einer Isolierung von Resistenzgenen genutzt.

Program objectives focus on collecting and evaluating genetic resources for the use within resistance breeding. Plant material of *Vitis* species (wood, seed) will be collected, basing upon the *Vitis* database regarding sources and *in situ* collections of various native distribution areas. Furthermore selected genotypes of *Vitis* species are used for intraspecific crossings in order to create genetic variability. The material will be evaluated and made available for breeding purposes and isolation of resistance genes within genetic analyses.

Ergebnisse:

Die Charakterisierung von *Vitis* Wildarten ist im Hinblick auf die Gewinnung neuer genetischer Ressourcen für die Züchtung von besonderem Interesse. Bedingt durch die aus der Literatur bekannte gute Pilzresistenz und die verhältnismäßig gute Weinqualität von *Vitis aestivalis* wurde der Schwerpunkt der Materialsammlung und Evaluierungsarbeiten auf diese Wildart gelegt. Aus dem ursprünglichen Verbreitungsgebiet in Nordamerika stammende Samen wurden angezogen und werden im Freiland in den nächsten Jahren auf ihre Variabilität vor allem hinsichtlich züchterisch relevanter Merkmale untersucht. Darüber hinaus wurde von 77 Sämlingen, die auf eine frei abgeblühte Mutterpflanze zurückgehen, genomische DNA präpariert. Mit Hilfe molekularer Marker wird nun die genetische Variabilität innerhalb dieser Population erfasst. Bisher kamen 15 STMS-Marker zur Darstellung der auftretenden Allele an einzelnen genetischen Loci zum Einsatz. Zusätzlich wurden 12 RAPD (Random amplified polymorphic DNA)-Ansätze als Multilocus-Detektionssystem eingesetzt. Die ersten Daten werden zur Zeit ausgewertet.

Abstract:

Characterization of wild *Vitis* species is important for recruitment of new genetic resources in breeding. Due to the known good fungus disease resistance and relatively good vine quality focus was placed on the collection and evaluation of the species *Vitis aestivalis*. Seeds deriving from the original habitat in North America were grown and will be evaluated for their phenotypic variability especially for characteristics important for breeding within the next years. Furthermore from 77 seedlings which can be traced back to one open pollinated mother plant DNA was extracted and started to analyse by molecular marker techniques. So far, 15 microsatellite-flanking primer pairs have been employed to exhibit the variability of allele lengths at the corresponding individual genetic loci. In addition, the multilocus RAPD (Random amplified polymorphic DNA) marker system has been applied with 12 primers. The molecular data are currently being processed.

(BAZ-5137)

\* Gastwissenschaftler: Dr. Dinesh Agraval,  
Plant Tissue Culture Division,  
National Chemical Laboratory,  
Pune 411008, Indien



## 7. Dokumentation der Weinbauforschung Documentation of viticulture

Klenert, M.; Köglmeier, W.

Etwa 300 fachwissenschaftliche Zeitschriften in über 20 Sprachen wurden regelmäßig gesichtet und die relevanten Publikationen (Forschungsergebnisse aus Weinbau, Rebenzüchtung und Kellerwirtschaft) erfasst; dies waren im Berichtsjahr ca. 1500 Arbeiten. Mit jeweils einem englischsprachigen Referat versehen, wurden die bibliographischen Angaben als Dokumentationseinheiten (DEs) in die Literatur-Datenbank VITIS-VEA (VITIS - Viticulture and Enology Abstracts) abgespeichert; parallel hierzu wurden rd. 650 dieser DEs im seit 2000 halbjährlich erscheinenden Beiheft zur Zeitschrift „VITIS - Berichte über Rebenforschung mit Dokumentation der Weinbauforschung“ publiziert.

Daneben wurde die praxisorientierte Weinbau-Literatur aus den rd. 20 deutschsprachigen Fachzeitschriften dokumentiert. Etwa 400 Artikel wurden in gleicher Form wie die wissenschaftlichen in die Datenbank VITIS-VEA abgespeichert - allerdings mit deutschsprachigem Referat versehen - und im vierteljährlich erscheinenden „Informationsdienst praxisbezogener Literatur im Weinbau“ publiziert.

Bei der Anfertigung der Referate unterstützten uns etwa 120 in- und ausländische Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen. Bei Publikationen aus dem osteuropäischen und asiatischen Raum (Indien, China) wurden wir bei der Durchsicht von einheimischen Wissenschaftlern unterstützt. Durch regelmäßige Sichtung von Sekundärliteratur (gedruckte Dienste, Disketten) und gezielte Recherchen in einschlägigen Datenbanken (BIOSIS) konnte die Literaturerfassung vervollständigt werden.

Die Datenbank VITIS-VEA enthält heute nahezu 43.000 DEs. Sie wird durch die ZADI (Zentralstelle für Agrardo-

kumentation und -information) über das DAINet im Internet angeboten und ist unter folgender URL nutzbar: <http://www.fiz-agrar.de/VITIS-VEA>.

Die Nutzerstatistik der ZADI weist weiter steigende Nutzerzahlen aus aller Welt mit zuletzt rund 2.800 Sitzungen pro Quartal auf.

Im Berichtszeitraum wurden über den online-Anschluss zu DIMDI und STN sowie im Internet Recherchen für Wissenschaftler im Hause und für Dritte durchgeführt. Recherchen in der eigenen Datenbank VITIS-VEA wurden bedingt durch deren freie Verfügbarkeit im Internet vor allem noch für das Haus durchgeführt; andere genutzte Datenbanken waren vor allem BIOSIS, CAB, FSTA, Agricola, und Phytomed sowie Chemical Abstracts (bei STN).

Abstract:

The Documentation Centre for Viticulture and Enology has the following main tasks: 1. Screening of ca. 300 journals for collecting scientific and technical articles of the vine and wine field worldwide. 2. Indexing and abstracting (in English language) of the above mentioned articles and storing in the database VITIS-VEA (Viticulture and Enology Abstracts) including the bibliographic data. Annual input is ca. 1,500 literature citations (quarterly updating). VITIS-VEA contains from 1969 to present ca. 43,000 citations. 3. Production of two printed versions of VITIS-VEA: scientific review as supplement to the periodical „VITIS“ and technical review „Informationsdienst praxisbezogener Literatur im Weinbau“ (in German). 4. Online-searching in different literature databases (Worldwide Web and hosts: DIMDI, Köln and STN, Karlsruhe) carried out for scientists on request.

In Zusammenarbeit mit: ZADI (Zentralstelle für Agrardokumentation und -information, Bonn)

## V. Forschungsprojekte 2002\*

### Research Projects 2002

---

Institut für Zierpflanzenzüchtung  
Institute of Ornamental Plant Breeding  
Ahrensburg

Debener, T.

Molekulargenetische Charakterisierung der Wechselwirkung zwischen Rosen und Rosenpathogenen  
Molecular characterisation of interactions between roses and rose pathogens

Beginn: 01.01.1993 Ende: 01.12.2004

BAZ-6113

Debener, T.

Charakterisierung und Isolierung von wirtschaftlich wichtigen Genen aus *Rosa* sp.  
Characterisation and isolation of economically important genes from *Rosa* sp.

Beginn: 01.01.1993 Ende: 01.12.2004

BAZ-6114

Debener, T.

Erschließung neuer Resistenzquellen gegenüber dem Erreger des Sternrußtaus an Rosen  
Evaluation of wild rose species as sources of resistance against black spot

Beginn: 01.01.1996 Ende: 01.05.2002

BAZ-6134

Debener, T.; Fahl, E.

Genetische und molekularbiologische Analyse von Resistenzgenen in *Arabidopsis thaliana* gegen Isolate von *Peronospora parasitica*

Genetic and molecular analyses of resistance genes in *Arabidopsis thaliana* against isolates of *Peronospora parasitica*

Beginn: 01.12.1995 Ende: 01.12.2002

BAZ-6133, gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

Debener, T.; Mattiesch, L.

Genetische und molekularbiologische Charakterisierung der Sternrußtauresistenz aus *Rosa multiflora*  
Genetic and molecular characterization of the blackspot resistance gene from *Rosa multiflora*

Beginn: 01.06.1996 Ende: 01.05.2004

BAZ-6131

Dohm, A.; Ludwig, C.; Debener, T.

Induktion von Resistenzen gegenüber pilzlichen Schaderregern in Rosen durch Transformation  
Induction of resistance against fungal diseases in roses via transformation

Beginn: 01.01.1995 Ende: 01.12.2002

BAZ-6128, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen „Otto v. Guericke“ e.V. (AiF)

Dohm, A.; Ludwig, C.; Debener, T.

Induktion von Resistenzen gegenüber pilzlichen Schaderregern in Rosen durch Transformation  
Induction of resistances against fungal diseases in roses via transformation

Beginn: 01.01.1997 Ende: 31.12.2005

BAZ-6136

---

\* Stand/As of: 31.01.2002

Dunemann, F.

Erstellung einer gesättigten Genkarte beim Apfel als Grundlage für die Entwicklung von effizienten Zuchtverfahren zur Schaffung von qualitativ hochwertigen, krankheitsresistenten Apfelsorten  
Construction of a saturated linkage map in apple as a basis for efficient breeding of high-quality disease resistant varieties

Beginn: 01.01.1993 Ende: 01.12.2004

BAZ-6111, gefördert durch EU

Dunemann, F.

Molekulargenetische Charakterisierung von Resistenzgenen beim Apfel  
Molecular genetic characterisation of resistance genes in apple

Beginn: 01.02.1993 Ende: 01.12.2004

BAZ-6112; gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

Dunemann, F.; Illgner, R.; Stange, I.

Erhöhung der Pathogenresistenz von kultivierten Cyclamen unter Verwendung gentechnischer Methoden  
Enhancement of pathogen resistance of cultivated Cyclamen using gene transfer techniques

Beginn: 01.01.1997 Ende: 01.01.2005

BAZ-6142

Dunemann, F.; Illgner, R.; Stange, I.; Radies, M.

Entwicklung eines Transformationssystems für Rhododendron und Übertragung von Genen zur Erhöhung der abiotischen Stresstoleranz

Development of a transformation system for rhododendron and transfer of genes for raising abiotic stress tolerance

Beginn: 01.01.1998 Ende: 31.12.2004

BAZ-6143

Dunemann, F.; Illgner, R.; Chaanin, A.

Genetische und molekulargenetische Charakterisierung der kalkbedingten Eisenchlorose bei Rhododendron  
Genetic and molecular-genetic characterisation of the lime-induced iron chlorosis in Rhododendron

Beginn: 01.01.1994 Ende: 01.12.2004

BAZ-6126

Dunemann, F.; Urbanietz, A.

Genetische und molekulargenetische Charakterisierung der Mehltresistenz des Apfels  
Genetic and molecular characterisation of powdery mildew resistance in apple

Beginn: 01.01.1997 Ende: 01.01.2004

BAZ-6140

Grunewaldt, J.; Südbeck, H.

Herstellung von Basismaterial für die züchterische Weiterentwicklung von *Dahlia*-Hybriden (*Dahlia x cultorum*)  
Development of basic material for breeding of *Dahlia* hybrids (*Dahlia x cultorum*)

Beginn: 01.01.1995 Ende: 01.12.2004

BAZ-6129, gefördert durch Gesellschaft der Freunde der Fachbereiche Gartenbau und Landespflege der Universität Hannover

Junge, H.; Preil, W.

Steuerung der somatischen Embryogenese in Bioreaktoren: Kinetik von Phytohormonen und Nährstoffen in embryogenen Zellsuspensionskulturen

Control of somatic embryogenesis in bioreactors: Kinetics of phytohormones and nutrients in embryogenic cell suspension cultures

Beginn: 01.01.1993 Ende: 01.12.2002

BAZ-6103

Krüger, J.

Grundlagen zur Züchtung auf Mehltresistenz (*Sphaerotheca pannosa*) bei Rosen  
Basic research on breeding roses for mildew resistance (*Sphaerotheca pannosa*)

Beginn: 01.01.1993 Ende: 01.12.2004

BAZ-6115

Krüger, J.; Gasché, B.; Stielau, E.

Kreuzungen mit *Rosa multiflora* und Auslese auf Resistenz gegen Mehltau (*Sphaerotheca pannosa*)

Crosses with *Rosa multiflora* and selection to mildew resistance (*Sphaerotheca pannosa*)

Beginn: 01.03.1997    Ende: 31.12.2004

BAZ-6145

Preil, W.

Entwicklung von kalktoleranten Genotypen bei wirtschaftlich wichtigen Gattungen der Familie der *Ericaceae*

Development of lime-tolerant genotypes in economically important genera of the *Ericaceae* family

Beginn: 01.11.1994    Ende: 01.10.2002

BAZ-6125, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen „Otto v. Guericke“ e.V. (AiF)

Preil, W.

Grundlagen der Züchtung neuer Zierpflanzen

Principles of breeding new ornamental plants

Beginn: 01.01.1992    Ende: 01.12.2002

BAZ-6107

Preil, W.

Molekulare Identifizierung eines morphogenetisch wirksamen Agens bei der wirtschaftlich bedeutenden Zierpflanze

*Euphorbia pulcherrima*

Molecular identification of an agent influencing the morphology of the economically important ornamental plant

*Euphorbia pulcherrima*

Beginn: 01.01.1996    Ende: 01.12.2002

BAZ-6138, gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

Preil, W.; Krüger, J.

Grundlagen der Züchtung von *Erica gracilis*: Untersuchungen zur Resistenz gegenüber *Cylindrocladium scoparium*

Principles of breeding *Erica gracilis*: Investigations on resistance to *Cylindrocladium scoparium*

Beginn: 01.01.1990    Ende: 01.12.2002

BAZ-6106

Schum, A.

Protoplastenkulturen zur Erweiterung der Zuchtmethodik bei Rosen

Protoplast cultures as modern tools in breeding of roses

Beginn: 01.01.1994    Ende: 01.12.2002

BAZ-6124

Schum, A.; Lietz, C.

Entwicklung von Methoden zur Herstellung von homozygotem Ausgangsmaterial und dessen Integration in die Sortenentwicklung von generativ vermehrten Zierpflanzen

Development of methods for production of homozygous material and its integration in breeding of generatively propagated ornamental species

Beginn: 01.01.1995    Ende: 01.12.2002

BAZ-6135, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik  
Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics  
Aschersleben

Barchend, G.

Untersuchungen zur epidemiologischen Bedeutung von Unkräutern als Überhälter und Infektionsquellen für *Ralstonia solanacearum*

Investigations on the epidemiological importance of weeds as a source for *Ralstonia solanacearum*

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2002

BAZ-2158

Barchend, G.

Analyse der Ursachen der Blattfleckenkrankheit beim Feldsalat (*Valerianella locusta* L.)

Analysis of the cause of the leaf spot disease on corn salad (*Valerianella locusta* L.)

Beginn: 01.03.2001 Ende: 31.12.2003

BAZ-2159

Ehrig, F.

Rasterelektronenmikroskopische Untersuchungen zum Nachweis chemischer Veränderungen in Pflanzenzellen als Antwort auf die Pathogenwirkung bei pflanzenpathogenen Pilzen mit Hilfe der ESEM-Technik und der Röntgenmikroanalyse

Scanning electron microscopic investigations for the detection of chemical modifications in plant cells as a result of pathogenic influence at plant pathogenic fungi using ESEM-technique and X-ray microanalysis

Beginn: 01.07.2000 Ende: 30.06.2002

BAZ-2157

Ehrig, F.; Kühne, T.

Elektronenmikroskopische Untersuchungen der Funktion viraler Nichtstrukturproteine für die Pathogenese und die Interaktion des Virus mit dem pilzlichen Vektor im Pathosystem BaMMV/Gerste

Electron microscopic investigations on the function of non-structural viral proteins for the pathogenesis and the interaction of the virus with the fungal vector in the pathosystem BaMMV/barley

Beginn: 01.07.2000 Ende: 30.06.2003

BAZ-2156

Gabler, J.

Entwicklung von Methoden zur Prüfung von einjährigem Kümmel auf Resistenz gegen *Phomopsis diachenii* und *Alternaria* spp.

Development of methods to screen annual caraway for resistance to *Phomopsis diachenii* and *Alternaria* spp.

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2002

BAZ-2155

Kühne, T.

Untersuchungen zur Biologie von Bymoviren in Getreidearten

Investigations on the biology of bymoviruses in cereal species

Beginn: 01.07.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-2167

Nachtigall, M.

Molekulargenetische Analyse der Resistenz von Kreuzungspopulationen bei Gerste gegen pilzliche Schaderreger

Molecular genetic analysis of crossing populations of barley for resistance to fungi

Beginn: 01.01.1999 Ende: offen

BAZ-2143

Rabenstein, F.

Entwicklung und Optimierung von serologischen und molekularbiologischen Methoden zur Erfassung der Resistenz in Zucht- und Genbankmaterial gegen *Poaceae* (Getreide und Gräser) infizierende Viren.

Development and optimisation of serological and molecular-biological methods for the compilation of resistance in breeding and gene bank material to viruses infecting *Poaceae* (cereals and grasses).

Beginn: 01.07.2000 Ende: 30.06.2004

BAZ-2154

Reiss, E.

Untersuchungen zur Rolle der PR-5 Proteine der Gerste für die Krankheitsresistenz

Studies on the role of PR-5 proteins of barley in the disease resistance

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-2164

Schubert, J.

Molekularer Nachweis des Wheat dwarf geminivirus

Molecular detection of the Wheat dwarf gemini virus

Beginn: 01.04.2001 Ende: 01.04.2004

BAZ-2161

Schubert, J.

Herstellung eines PCR-Klonierungsvektors

Synthesis of a cloning vector for PCR products

Beginn: 01.05.2001 Ende: 01.06.2002

BAZ-2162

Schubert, J.; Fomitcheva, V.

Herstellung von Expressionsklonen des BaYDV

Development of expression clones of BaYDV

Beginn: 01.08.2001 Ende: 31.07.2004

BAZ-2163

Schubert, J.; Mattern, D.

Biologische Sicherheitsforschung an virusresistenten Kartoffeln

Biosafety reseach on virus resistant transgenic potato

Beginn: 01.07.2000 Ende: 31.12.2003

BAZ-2165; gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

## Institut für Epidemiologie und Resistenz

### Institute of Epidemiology and Resistance

Aschersleben

Habekuß, A.; Proeseler, G.

Bewertung der Gerste hinsichtlich Resistenz gegen pilzübertragbare Viren und Toleranz gegen blattlausübertragbare Viren sowie Bereitstellung von Ausgangsmaterial mit verbesserter Resistenz

Evaluation of barley for resistance to fungi-transmitted viruses and tolerance to aphid-transmitted viruses as well as generation of basic material with improved resistance

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-2301

Habekuß, A.; Ruge, B.  
Charakterisierung der Resistenz gegen den Gerstengelmosaikvirus-Komplex (BaMMV, BaYMV-1 + -2) aus *Hordeum bulbosum* nach Übertragung in die Kulturgerste  
Characterization of resistance to barley yellow mosaic viurs-complex (BaMMV, BaYMV-1 + -2) from *Hordeum bulbosum* after transmission in *H. vulgare*  
Beginn: 01.01.2002 Ende: offen  
BAZ-2342

Kopahnke, D.  
Virulenzanalyse und Selektion von resistentem Ausgangsmaterial bei der Wirt/Pathogenkombination Gerste/*Puccinia hordei*  
Virulence analysis and selection of resistant material in the host/pathogen combination barley/*Puccinia hordei*  
Beginn: 01.01.1992 Ende: offen  
BAZ-2302

Kopahnke, D.  
Untersuchungen zur Epidemiologie von *Drechslera teres* an Gerste und Selektion von resistentem Ausgangsmaterial  
Studies on the epidemiology of *Drechslera teres* in barley and screening of barley genotypes resistant to net-blotch  
Beginn: 01.01.1992 Ende: offen  
BAZ-2304

Kopahnke, D.  
Charakterisierung der Resistenz im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes für die Wirt-/Pathogenkombination Winter- und Sommergerste/*Puccinia hordei*  
Determination of resistance in the examination of assortments carried out for the Federal Office of Plant Varieties for the host/pathogen combination winter and spring barley/*Puccinia hordei*  
Beginn: 01.01.1992 Ende: offen  
BAZ-2319

Kopahnke, D.  
Erarbeitung von Methoden und Selektion von resistentem Ausgangsmaterial bei der Wirt/Pathogenkombination Weizen/*Pyrenophora tritici-repentis*  
Development of methods and selection of resistant material in the host/pathogen combination wheat/*Pyrenophora tritici-repentis*  
Beginn: 01.01.1997 Ende: offen  
BAZ-2336

Krämer, I.; Habekuß, A.; Kopahnke, D.  
Molekulargenetische Charakterisierung von Krankheitsresistenzen bei Kultur- und Wildgersten  
Molecular genetic characterization of disease resistance in cultivated and wild barley  
Beginn: 01.01.1997 Ende: offen  
BAZ-2335

Leistner, H.-U.  
Identifizierung und Lokalisierung von Resistenzgenen bei Gerste mittels PCR-gestützter Markeranalyse  
Identification and localisation of resistance genes from barley by means of PCR-assisted marker analysis  
Beginn: 01.01.1999 Ende: offen  
BAZ-2343

Leistner, H.-U.; Schliephake, E.; Habekuß, A.  
Entwicklung molekularer Marker zur Differenzierung von Genotypen der Haferblattlaus (*Rhopalosiphum padi*) und Evaluierung der Aphidenresistenz von Gerstenformen sowie der Übertragung des barley yellow dwarf virus (BYDV)  
Development of molecular markers for the differentiation of genotypes of *Rhopalosiphum padi* and evaluation of the aphid resistance of barley genotypes and barley yellow dwarf virus (BYDV) transmission  
Beginn: 01.01.2000 Ende: offen  
BAZ-2334

Lind, V.

Charakterisierung der Resistenz von Weizen und Triticale gegen *Puccinia triticina* im Rahmen der Wertprüfungen des Bundessortenamtes

Characterization of the resistance of wheat and triticale to *Puccinia triticina* within the scope of the evaluation procedure of the Federal Office of Plant Varieties

Beginn: 01.01.2001 Ende: offen

BAZ-2303

Lind, V.

Virulenzanalyse und Evaluierung genetischer Ressourcen auf Resistenz bei der Wirt/Pathogenkombination Weizen/*Puccinia triticina*

Analysis of virulence and evaluation of genetic resources for resistance within the host/pathogen combination wheat/*Puccinia triticina*

Beginn: 01.01.2001 Ende: offen

BAZ-2305

Lind, V.

Evaluierung von genetischen Ressourcen auf Resistenz gegen *Pseudocercospora herpotrichoides*

Evaluation of genetic resources for resistance to *Pseudocercospora herpotrichoides*

Beginn: 01.01.2001 Ende: offen

BAZ-2307

Proeseler, G.; Graichen, K.

Entwicklung von ertragreichen Winterrapslinien mit stabiler Resistenz gegen das Wasserrübenvergilbungsvirus (Turnip yellows luteovirus, TuYV) für die Gewinnung von nachwachsenden Rohstoffen

Beginn: 01.03.2001 Ende: 28.02.2004

BAZ-2310, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) und Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP)

Richter, K.; Fischer, C.

Virulenzanalyse und Selektion von Genotypen des Obstes mit Resistenz gegen Bakterien

Analysis of virulence and selection of fruit genotypes with resistance to bacteria

Beginn: 01.01.1993 Ende: offen

BAZ-2323

Richter, K.; Fischer, C.

Selektion von Genotypen des Obstes mit Resistenz gegen *Nectria galligena*

Selection of fruit genotypes with resistance to *Nectria galligena*

Beginn: 01.01.1995 Ende: offen

BAZ-2324

Richter, K.; Griesbach, E.

Epidemiologische und Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen-System Pelargonie/*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*

Epidemiological and resistance studies on the host/pathogen system Pelargonium/*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*

Beginn: 01.01.1995 Ende: offen

BAZ-2328

Richter, K.; Griesbach, E.

Epidemiologische und Resistenzuntersuchungen am Wirt/Pathogen-System *Brassica* spp./*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

Epidemiological and resistance studies on the host/pathogen system *Brassica* spp./*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

Beginn: 01.07.1996 Ende: offen

BAZ-2329



Schliephake, E.

Untersuchungen zur Epidemiologie der Aphiden. Registrierung der Flugaktivität von Aphiden mittels Saugfalle und Gelbschale zur Bewertung des natürlichen Befalls von Gersten- und Weizenakzessionen im Freiland  
Investigations of the epidemiology of aphids. Registering of the flight activity of aphids in suction and yellow traps in relation to the natural occurrence of aphids in wheat and barley accessions in the field

Beginn: 01.01.1997 Ende: offen

BAZ-2330

Schliephake, E.

Evaluierung von Weizen- und Gerstenherkünften der Genbank auf Resistenz gegen Getreideaphiden und Untersuchung der Resistenzform selektierter Herkünfte  
Evaluation of wheat and barley accessions from the genebank for resistance to cereal aphids and investigations of the forms of resistance in selected accessions

Beginn: 01.01.1997 Ende: offen

BAZ-2331

Schliephake, E.; Riemer, H.

Entwicklung eines nationalen Evaluierungsprogramms pflanzengenetischer Ressourcen bei Getreide (EVA II)  
Development of a national evaluation programme from plant genetic resources of cereals (EVA II)

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2003

BAZ-2308

## Genbank Gene Bank Braunschweig

Frese, L.

GABI-BEET: Genomanalyse der Zuckerrübe, Teilprojekt 'Spaltende Populationen'  
GABI-BEET: Genome analysis of sugar beet, subproject 'segregating populations'

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2002

BAZ-8009

Frese, L.; Baars-Hibbe, O.

Sammlung, Erhaltung und Austausch pflanzengenetischer Ressourcen  
Collection, maintenance and exchange of plant genetic resources

Beginn: 01.08.1970 Ende: offen

BAZ-8001

Frese, L.; Baars-Hibbe, O.

Evaluierung und Erhaltung genetischer Ressourcen der Gerste zur Verbesserung der Verfügbarkeit für Pflanzenzüchter in Europa

Evaluation and conservation of barley genetic resources to improve their accessibility to breeders in Europe

Beginn: 01.04.1999 Ende: 31.03.2002

BAZ-8005, gefördert durch EU

Frese, L.; Baars-Hibbe, O.

Brassica Sammlungen zur Verbreiterung der landwirtschaftlichen Nutzung einschließlich Nutzbarmachung genetischer Variation in *Brassica carinata* für den Einsatz als Ölpflanze.

Brassica collections for broadening agricultural use including characterising and utilising genetic variation in *Brassica carinata* for its exploitation as an oilseed crop

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2003

BAZ-8006

Frese, L.; Ziegler, D.; Baars-Hibbe, O.  
Deutsch-niederländische Zusammenarbeit bei der Erhaltung pflanzengenetischer Ressourcen  
German-Dutch cooperation on the maintenance of plant genetic resources  
Beginn: 01.10.1974    Ende: offen  
BAZ-8003

Frese, L.; Ziegler, D.; Germeier, C.  
Evaluierung und Verbesserung von Sammlungen der *Beta*-Rübe für die Extensivierung landwirtschaftlicher Produktion  
Evaluation and enhancement of *Beta* collections for extensification of agricultural production  
Beginn: 01.06.1996    Ende: 28.02.2002  
BAZ-8004, gefördert durch EU

Germeier, C.  
Dokumentation und Controlling  
Documentation and controlling  
Beginn: 01.08.1970    Ende: offen  
BAZ-8002

Germeier, C.; Frese, L.; Baars-Hibbe, O.  
Evaluierung und Verbesserung von *Avena*-Landsortensammlungen zur Verbreiterung der genetischen Basis bei *Avena* für die Qualitäts- und Resistenzzüchtung.  
Evaluation and enhancement of *Avena* landrace collections for extensification of the genetic basis of *Avena* for quality and resistance breeding  
Beginn: 01.01.2000    Ende: 31.12.2003  
BAZ-8008

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

Fischer, C.  
Entwicklung von Apfelsorten mit hoher Resistenz gegen *Venturia inaequalis*, *Podosphaera leucotricha*, *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae* und *Panonychus ulmi* in Kombination mit hoher Produktqualität und hoher Verträglichkeit für abiotische Schadfaktoren  
Development of apple varieties with high resistance to *Venturia inaequalis*, *Podosphaera leucotricha*, *Erwinia amylovora*, *Pseudomonas syringae* and *Panonychus ulmi* combined with high product quality and high compatibility for abiotic factors  
Beginn: 01.01.1992    Ende: 30.06.2002  
BAZ-4101

Hanke, V.  
Erstellung transgener Pflanzen bei ausgewählten Apfelsorten und -unterlagen unter Nutzung von Genkonstrukten zur Induktion von Resistenz gegenüber Phytopathogenen  
Creation of transgenic plants of apple scion and rootstock genotype by gene constructs inducing resistance to phytopathogenes  
Beginn: 01.09.1997    Ende: 31.12.2002  
BAZ-4129

Hanke, V.; Flachowsky, H.  
Etablierung männlicher Sterilität und Parthenokarpie in transgenen Kulturapfelsorten zur Verhinderung des vertikalen Gentransfers auf Wild- und Kulturapfel  
Establishment of male sterility and parthenocarpy in transgenic apple plants  
Beginn: 01.05.2001    Ende: 30.04.2006  
BAZ-4105, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Hanke, V.; Reim, S.

Untersuchungen zur Stabilität der Merkmalsausprägung in gentechnisch veränderten Apfelgenotypen und zur Verhinderung des vertikalen Gentransfers

Investigation on stability of traits in transgenic woody plants and on vertical gene transfer in apple

Beginn: 01.08.2001 Ende: 31.12.2003

BAZ-4107, gefördert durch das Land Sachsen

Hanke, V.; Dunemann, F.

Sustainable production of apple and pear in Asia: understanding biology of scab and powdery mildew for developing integrated approaches of disease management (SMADIA)

Beginn: 01.09.2001 Ende: 31.08.2005

BAZ-4109, gefördert durch EU

Höfer, M.; Fischer, C.; Grafe, C.

Charakterisierung der Regeneratpflanzen aus der Haploidenerzeugung beim Apfel

Characterization of regenerants of haploid induction in apple

Beginn: 01.01.1996 Ende: 31.12.2005

BAZ-4124

Boudichevskaja, A.; Boudichevski, N.; Fischer, C.; Schuster, M.

Entwicklung von DNA Markern für Schorf- und Mehlttauresistenzgene in Apfel

Development of DNA markers for resistance genes to scab and mildew in apple

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2002

BAZ-4133

Schuster, M.

Entwicklung ertragreicher Sauerkirschensorten mit hoher Produktqualität und Resistenz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Monilinia* spp., *Blumeriella jaapii* und *Pseudomonas syringae*) sowie Spätfrosttoleranz

Development of productive sour cherry cultivars with high fruit quality and resistance to *Monilinia* spp., *Blumeriella jaapii* and *Pseudomonas syringae* and tolerance to spring frost

Beginn: 01.09.2000 Ende: 31.12.2015

BAZ-4102

Schuster, M.

Entwicklung von Süßkirschensorten mit Selbstfertilität, hoher Produktivität und Toleranz gegenüber pilzlichen und bakteriellen Schaderregern (*Cytospora* sp., *Pseudomonas syringae*)

Development of sweet cherry cultivars with self-fertility, high fruit quality and tolerance to diseases (*Cytospora* sp., *Pseudomonas syringae*)

Beginn: 01.09.2000 Ende: 31.12.2015

BAZ-4121

## Institut für landwirtschaftliche Kulturen

### Institute of Agricultural Crops

Groß Lüsewitz

Darsow, U.

Entwicklung von Basismaterial mit *Phytophthora*-Resistenz (Kraut- und Braunfäule) auf breiter genetischer Basis (*Solanum*-Arten)

Breeding of basic material with resistance to *Phytophthora infestans* (foliage and tubers) using a wide range of *Solanum* species

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3114

Darsow, U.

Genetische Optimierung der Kartoffel als dominierender Stärkelieferant der Bundesrepublik Deutschland durch Züchtung, Zell- und Molekularbiologie

Teilprojekt Groß Lüsewitz: Kombination von relativer Kraut- und Braunfäuleresistenz mit verbessertem Kartoffelstärkegehalt

Genetic optimization of the potato by breeding, cell and molecular biology as main donor of starch in the Federal Republic of Germany

Part: Combination of relative late blight resistance (*Phytophthora infestans*) on foliage and tubers with higher level of starch content

Beginn: 01.09.2000 Ende: 31.08.2003

BAZ-3143, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Darsow, U.; Sonntag, K.; Thieme, R.

Erstellung von Basismaterial mit hoher Nematoden- und Virusresistenz sowie Produktqualität in Form von 24-chromosomigen Kartoffeln unter Nutzung der somatischen Hybridisierung

Breeding of basic material with product quality and high resistance to nematodes and viruses in 24-chromosome potatoes by use of somatic hybridization

Beginn: 01.01.1998 Ende: offen

BAZ-3130

Hackauf, B.

Erstellung definierter Inkompatibilitätsgenotypen bei Roggen

Development of defined self-incompatibility genotypes in rye

Beginn: 01.01.1995 Ende: offen

BAZ-3116

Herrmann, M.

Erstellung von Basismaterial bei Hafer mit Resistenz gegen Echten Mehltau und Gerstengelverzweigungsvirus

Development of new oat germplasm with resistance to powdery mildew and barley yellow dwarf virus

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3118

Herrmann, M.

Schaffung von Basismaterial bei Wintertriticale mit hoher Standfestigkeit, Krankheitsresistenz und Kornqualität

Development of basic material in winter triticale with high lodging resistance, disease resistance and grain quality

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3119

Herrmann, M.

EUCARPIA Triticale Selektionsexperiment

EUCARPIA Triticale Selection Experiment

Beginn: 01.09.2001 Ende: 31.12.2010

BAZ-3147

Herrmann, M.

Quantitativ-genetische Untersuchungen zur Kornqualität an Triticalehybriden und spaltenden Populationen

Investigation of quantitative genetical parameters for kernel quality of triticale hybrids and segregating populations

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-3148

Lellbach, H.

Erarbeitung von Selektionsmethoden und -modellen für Kronenrostresistenz bei *Lolium*-Arten

Development of models and methods for selection of crown rust resistance in *Lolium* species

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3106

- Lellbach, H.  
Erschließung genetischer Variabilität zur Verbesserung der Resistenz gegen *Puccinia coronata* bei *Lolium* spp.  
Investigation of genetic variability for improving resistance to *Puccinia coronata* in *Lolium* species  
Beginn: 01.01.1992 Ende: offen  
BAZ-3110
- Lellbach, H.  
Identifizierung von *Cr*-Genen in *Lolium multiflorum* und *Festuca* ssp.-Introgressionen in *L. multiflorum* mit Hilfe von Spaltungsanalysen  
Identification of *Cr* genes in *Lolium multiflorum* and *Festuca* ssp.-introgressions into *L. multiflorum* by use of genetic analysis  
Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2005  
BAZ-3145
- Lellbach, H.  
Kartierung der gegen den Kronenrost (*Puccinia coronata*) wirksamen Majorresistenzgene *Cr1* und *Cr2* im Deutschen Weidelgras (*Lolium perenne*)  
Mapping of major resistance genes *Cr1* and *Cr2* acting against crown rust (*Puccinia coronata*) in perennial ryegrass (*Lolium perenne*)  
Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2002  
BAZ-3146
- Roux, S. R.  
Erstellung von Basismaterial mit kombinierter Mehltau- und Braunrostresistenz beim Roggen  
Selection of basic material resistant to powdery mildew and leaf rust in rye  
Beginn: 01.01.1992 Ende: offen  
BAZ-3117
- Roux, S. R.  
Prüfung und Nutzung nicht adaptierter Herkünfte für die züchterische Bearbeitung wirtschaftlich bedeutender Merkmale bei Roggen  
Evaluation and use of non-adapted accessions for breeding on economically important traits in rye  
Beginn: 01.01.1996 Ende: offen  
BAZ-3122
- Roux, S. R.  
Untersuchungen zur Nutzung und züchterischen Verbesserung von perennierendem Roggen  
Investigations on the use and breeding improvement of perennial rye  
Beginn: 01.01.1996 Ende: offen  
BAZ-3129
- Rudloff, E.  
Untersuchungen zur Erweiterung der genetischen Basis bei Winterraps und Erzeugung von Basismaterial für den Food- und Non-Food-Bereich  
Investigations on the improvement of the genetic basis in winter rape and production of basic material for food and non-food utilization  
Beginn: 01.01.1992 Ende: offen  
BAZ-3109
- Rudloff, E.  
Genetisch-züchtmethodische Untersuchungen zur Etablierung eines praktikablen Funktionssystems für die Nutzung von Heterosis bei Winterraps (*B. napus*) auf Basis der sporophytischen Selbstinkompatibilität.  
Investigations on the utilization of self-incompatibility for hybrid seed production in *B. napus*  
Beginn: 01.01.1992 Ende: offen  
BAZ-3120

Ruge, B.

Die Übertragung von Resistenzen gegen BaMMV, BaYMV und BaYDV aus *Hordeum bulbosum* in die Kulturgerste und ihre Identifizierung durch molekulare Marker

Introgression of resistances to BaMMV, BaYMV and BaYDV from *Hordeum bulbosum* into barley and their identification with molecular markers

Beginn: 01.01.1992 Ende: offen

BAZ-3115

Ruge, B.

Die Übertragung von Resistenzen gegen das Gelbverzwergungsvirus, Zwergerost und Mehltau aus *H. bulbosum* in die Kulturgerste und die Identifikation durch molekulare Marker

Introgression of resistances to BaYDV, leaf rust and powdery mildew from *H. bulbosum* into *H. vulgare* and their identification with molecular markers

Beginn: 01.01.1997 Ende: offen

BAZ-3134

Ruge, B.; Linz, A.

Optimierung und Anwendung von Züchtungsmethoden für die Einführung neuer Resistenzgene gegen Gelbmosaikviren in die Kulturgerste

Development of breeding methods for the introgression of novel resistance genes toward the yellow mosaic virus complex

Beginn: 01.07.1999 Ende: 01.07.2003

BAZ-3139, gefördert durch I.G.S. Biotech GmbH

Scholz, M.

Erzeugung und Charakterisierung neuer interspezifischer Hybriden zwischen *Hordeum vulgare* und *H. bulbosum* zur Übertragung wertvoller Merkmale

Generation and characterization of novel interspecific hybrids between *Hordeum vulgare* and *H. bulbosum* for the transfer of valuable traits

Beginn: 01.01.2001 Ende: offen

BAZ-3149

Sonntag, K.

Somatische Hybridisierung ausgewählter *Brassicaceae* zur Bereitstellung von wertvollem Basismaterial mit verbesserten Eigenschaften

Somatic hybridization of selected *Brassicaceae* for the development of novel breeding material with improved traits

Beginn: 01.06.1997 Ende: 31.07.2002

BAZ-3132, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Sonntag, K.; Rudloff, E.

Erzeugung von homozygotem Ausgangsmaterial zur Selektion von Kreuzungseltern für die Qualitätszüchtung bei Winterraps

Production of homozygous basic material for selection of crossing partners for breeding of winter rape with high quality

Beginn: 01.01.1998 Ende: offen

BAZ-3127

Thieme, R.; Darsow, U.

Erzeugung und Selektion von Kartoffelgenotypen mit kombinierter Virus- und *Phytophthora*-Resistenz unter Einsatz biotechnologischer Verfahren

Production and selection of potato genotypes with combined resistances to virus and *Phytophthora* by use of biotechnological methods

Beginn: 01.01.1997 Ende: offen

BAZ-3128

Wehling, P.; Bringezu, Th..  
Molekulare Charakterisierung von Resistenzgenen bei Roggen und anderen Gräsern  
Molecular characterization of disease resistance genes in rye and other grasses  
Beginn: 01.09.2000 Ende: 31.08.2003  
BAZ-3141, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Wehling, P.; Hackauf, B.  
Molekulare Charakterisierung des gametophytischen 2-Faktor-Inkompatibilitätssystems beim Roggen  
Molecular characterization of the gametophytic two-factor self-incompatibility system of rye  
Beginn: 01.01.1995 Ende: offen  
BAZ-3111

Wehling, P.; Hackauf, B.  
Entwicklung molekularer Marker für die Roggenzüchtung  
Development of molecular markers for rye breeding  
Beginn: 01.06.1996 Ende: offen  
BAZ-3136

Wehling, P.; Hackauf, B.  
Entwicklung und Kartierung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen  
Development and mapping of microsatellite markers in rye  
Beginn: 01.09.2000 Ende: 31.08.2003  
BAZ-3142, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Wehling, P.; Krause, L.  
Isolierung und molekulare Charakterisierung von Selbstfertilitäts- und Pseudokompatibilitätsgenen bei Roggen  
Isolation and molecular characterization of self-fertility and pseudo-compatibility genes in rye  
Beginn: 01.03.1996 Ende: 01.02.2003  
BAZ-3137, gefördert durch Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)

Wehling, P.; Rudloff, E.  
Freisetzung und züchterische Bearbeitung von Raps (*Brassica napus* L.) mit gentechnisch veränderter Fettsäure-zusammensetzung  
Field release and breeding of oilseed rape (*Brassica napus* L.) with genetically engineered fatty acid composition  
Beginn: 01.01.1996 Ende: offen  
BAZ-3121

Wehling, P.; Ruge, B.  
Entwicklung eines PCR-Assays zur schnellen Identifizierung transgener Rapsgenotypen  
Development of a PCR assay for quick identification of transgenic rape genotypes  
Beginn: 01.06.1996 Ende: offen  
BAZ-3131

Wehling, P.; Ruge, B.  
Kartierung von Genen für Braunrostresistenz bei Roggen  
Mapping of genes for leaf rust resistance in rye  
Beginn: 01.01.1999 Ende: offen  
BAZ-3140

Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität  
Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials  
Groß Lüsewitz

Flamme, W.; Jansen, G.

Einzelamencharakteristik - züchtungsrelevante Analyse von Inhaltsstoffen, Farbe, Härte und Image an Getreidekörnern

Single seed characterization - breeding relevant analysis of contents, colour, hardness, and image on cereal grains

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-3341

Jansen, G.; Flamme, W.

Rheologische Untersuchungen von Stärken und Nichtstärkepolysacchariden von Kartoffeln und Getreide

Rheological investigations of starch and non-starch polysaccharides of potatoes and cereals

Beginn: 01.09.1999 Ende: 31.12.2002

BAZ-3338

Jansen, G.; Flamme, W.

Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Evaluation of agricultural crops with regard to their potential of marketable natural pigments

Beginn: 01.10.2001 Ende: 31.12.2005

BAZ-3342

Jansen, G.; Flamme, W.

Rheologische und spektroskopische Methoden zur Analyse von Auswuchsschäden bei Getreide

Rheological and spectroscopical methods for analysis of sprouting damages in cereals

Beginn: 01.06.2002 Ende: 31.12.2004

BAZ-3343

Jürgens, H.-U.

Charakterisierung der Stärkezusammensetzung (Amylose, Amylopektin) heimischer landwirtschaftlicher Nutzpflanzen mittels HPLC

Characterization of starch composition (amylose, amylopectin) of indigenous agricultural plants by means of HPLC

Beginn: 01.01.1998 Ende: 31.12.2002

BAZ-3335

Seddig, S.; Flamme, W.

Untersuchung der Keimruhe und des Auswuchsverhaltens von Getreide mit und ohne Wasserstress (Provokation)

Investigation of seed dormancy and sprouting behaviour of cereals with and without water stress (provocation)

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-3340

Wegener, C.

Induktion von Abwehrmechanismen in transgenen Pflanzen zwecks Veränderung der Zellwandstruktur und zur Anhebung des Resistenzniveaus

Induction of plant defense mechanisms in transgenic plants to change the cell wall structure and to improve the resistance level

Beginn: 01.09.1998 Ende: 01.09.2002

BAZ-3332

Wegener, C.

Untersuchung von transgenen Kartoffelpflanzen im Hinblick auf die Expression eines Pektatlyase-Gens und deren Auswirkungen auf Zellwand sowie Geweberesistenz unter Feldbedingungen

Investigation of transgenic potato plants with respect to the expression of a pectate lyase gene and its effect on cell wall and tissue resistance under field conditions

Beginn: 01.04.1997 Ende: 01.04.2002

BAZ-3334



Wegener, C.

Untersuchung des Einflusses des genetischen Hintergrunds auf die durch eine *Erwinia*-Pektatlyase induzierte Resistenz in transgenen Kartoffeln unterschiedlicher Sorten.

Investigation of the influence of the genetic background on the resistance induced by an *Erwinia* pectate lyase in transgenic potatoes of different cultivars.

Beginn: 01.07.1999 Ende: 31.12.2003

BAZ-3339

## Institut für gartenbauliche Kulturen

### Institute of Horticultural Crops

#### Quedlinburg

Klocke, E.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Schumann, G.

Agrobakterien-vermittelter Transfer der TuMV-Virushüllprotein- und NIB-Gene in *Brassica oleracea* var. *capitata* und Prüfung der TuMV-Resistenz der transgenen Linien

*Agrobacterium* mediated gene transfer of the TuMV coat protein and the NIB in *Brassica oleracea* var. *capitata* and evaluation for resistance against TuMV of the transgene lines

Beginn: 01.01.1999 Ende: 01.04.2002

BAZ-1140

Krämer, R.; Marthe, F.; Klocke, E.; Ryschka, U.; Schumann, G.

Charakterisierung und Bewertung der Turnip mosaic virus (TuMV)-Resistenz in Linien und Kreuzungsnachkommenschaften selektierter Kohlformen (*Brassica oleracea*) sowie in somatischen *Brassica*-Hybriden. Characterization and evaluation of Turnip mosaic virus (TuMV) resistance in lines and progenies of selected cabbage (*Brassica oleracea*) as well as in somatic *Brassica* hybrids.

Beginn: 01.07.2000 Ende: 31.03.2004

BAZ-1156

Nothnagel, T.; Frese, L.

Die Zukunft der europäischen Möhre: ein Programm zur Konservierung, Charakterisierung, Evaluierung und Sammlung von Möhren und Wildarten

GenRes-CT99-105

The Future of the European Carrot: a programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild species

GenRes-CT99-105

Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2003

BAZ-1152, gefördert durch EU

Nothnagel, T.; Straka, P.

Entwicklung einer kombinierten Kopplungskarte für die Möhre *Daucus carota sativus* Hoffm.

Development of a combined linkage map of carrot *Daucus carota sativus* Hoffm.

Beginn: 01.08.2000 Ende: 31.08.2003

BAZ-1151

Nothnagel, T.; Straka, P.; Ehrig, F.

Morphologische Charakterisierung und genetische sowie molekulare Analyse der epikutikulären Wachsschicht der Laubblätter von *Daucus* spp.

Morphological characterisation and the genetic as well as molecular analyses of the epicuticular wax layer of the leaves of *Daucus* spp.

Beginn: 01.02.2001 Ende: 01.02.2003

BAZ-1157

Pank, F.

Entwicklung von Basismaterial für die Züchtung von Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *vulgare*) mit Resistenz gegen *Mycosphaerella anethi*

Development of starting material for the breeding of bitter fennel (*Foeniculum vulgare* MILL. ssp. *vulgare* var. *vulgare*) with resistance to *Mycosphaerella anethi*

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-1154

Pank, F.

Entwicklung von Linien des einjährigen Kümmels (*Carum carvi* L. var. *annuum*) für die Züchtung ertragreicher synthetischer Sorten

Development of annual caraway lines (*Carum carvi* L. var. *annuum*) for the breeding of high yield synthetic varieties.

Beginn: 01.01.2001 Ende: 31.12.2004

BAZ-1155

Pank, F.

Genetische und pflanzenbauliche Grundlagen für die Erzeugung von kleinfrüchtigem Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare* Mill.) im traditionellen Anbau von Sachsen-Anhalt

Genetical and agronomical fundamentals for the production of pharmaceutically used fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.) in the traditional crop area in Saxony-Anhalt

Beginn: 01.02.2001 Ende: 31.10.2003

BAZ-1158, gefördert durch das Land Sachsen-Anhalt

Pank, F.; Kästner, U.; Scholze, P.

Entwicklung von Basismaterial des Johanniskrautes (*Hypericum perforatum* L.) und seine Verwendung zur Merkmalsübertragung bei der Züchtung welkeresistenter Sorten

Development of starting material of Saint John's Wort (*Hypericum perforatum* L.) and its use for trait transfer in breeding of wilt resistant varieties

Beginn: 01.12.2000 Ende: 30.11.2003

BAZ-1153, gefördert durch Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Peterka, H.; Budahn, H.

Entwicklung von alloplasmatischem Porree

Development of alloplasmic leek

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2002

BAZ-1147

Peterka, H.; Budahn, H.; Schrader, O.; Schütze, W.

Entwicklung molekularer Marker für die Resistenz gegen den Nematoden *Heterodera schachtii* aus *Raphanus*

Development of molecular markers for resistance to the nematode *Heterodera schachtii* from *Raphanus*

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2004

BAZ-1143

Ryschka, U.; Schumann, G.; Klocke, E.; Krämer, R.; Scholze, P.; Marthe, F.

Übertragung von Krankheitsresistenzen gegenüber verschiedenen Pathogenen aus Wildformen in Gemüseformen der Familie *Brassicaceae* mit Hilfe der somatischen Zellhybridisierung.

Transfer of resistance genes against different pathogens from wild species into vegetable forms of the family *Brassicaceae* by using of the somatic cell hybridization

Beginn: 01.01.2000 Ende: 01.01.2003

BAZ-1150

Scholze, P.; Marthe, F.

Vererbung der Kohlhernie (*Plasmodiophora*)-Resistenz ausgewählter Herkünfte von *Brassica oleracea*

Inheritance of resistance to clubroot (*Plasmodiophora*) in selected accessions of *Brassica oleracea*

Beginn: 01.10.1999 Ende: 31.10.2002

BAZ-1141

Scholze, P.; Nothnagel, T.

Untersuchungen zur Manifestierung der *Alternaria*-Symptomausprägung in Brassicaceen, unter besonderer Berücksichtigung von *Sinapis* sp.

Studies on symptom manifestation in *Brassicaceae* caused by *Alternaria* pathogens with special regard to *Sinapis* sp.

Beginn: 01.04.2000 Ende: 01.04.2003

BAZ-1142

Schrader, O.; Budahn, H.; Ahne, R.; Peterka, H.

Karyotypanalyse somaklonaler Varianten eines Bastardes von *Allium cepa* x *A. ampeloprasum*

Karyotype analysis of somaclonal variants of an *Allium cepa* x *A. ampeloprasum* hybrid

Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2002

BAZ-1146

## Institut für Pflanzenanalytik

### Institute of Plant Analysis

#### Quedlinburg

Hoberg, E.; Ulrich, D.

Variabilität der sensorischen Qualität von Spargelsorten

Variability of *Asparagus officinalis* L. varieties sensory quality

Beginn: 01.04.2000 Ende: 31.03.2003

BAZ-1230

Krüger, H.

Die Variabilität von Enantiomeren in ätherischen Ölen von Arznei- und Gewürzpflanzen

Variability of enantiomers in the essential oils of medicinal and spice plants

Beginn: 01.04.2000 Ende: 30.04.2002

BAZ-1229

Quilitzsch, R.; Hoberg, E.; Schulz, H.; Ulrich, D.

Einsatz der NIR-Reflexionsspektroskopie zur Inhaltsstoffbestimmung und Klassifizierung von Qualitätsparametern bei Obst- und Gemüsekulturen

Application of NIR reflection spectroscopy for estimation of phytochemicals and classification of quality parameters in fruits and vegetables

Beginn: 01.03.1997 Ende: 01.12.2002

BAZ-1223

Quilitzsch, R.; Schulz, H.

Evaluierung spezieller MIR-spektroskopischer Probentechniken sowie Anwendungen der Raman-Spektroskopie zur Analyse von Pflanzenbestandteilen und -extrakten

Evaluation of special MIR spectroscopical sampling techniques as well as application of Raman Spectroscopy for the analysis of plant materials and extracts

Beginn: 01.06.2000 Ende: 31.12.2002

BAZ-1231

Schulz, H.; Pfeffer, S.; Schütze, W.; Krüger, H.

Aufbau eines NIRS-Netzwerkes für Medizinal- und Gewürzpflanzen einschließlich der daraus hergestellten industriellen Rohstoffe

Development of an NIRS-network for medicinal and spice plants including the relating industrial raw materials

Beginn: 01.08.1999 Ende: 31.12.2002

BAZ-1227, gefördert durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V.

Schulz, H.; Schütze, W.  
Ontogenese wasserlöslicher und fettlöslicher Vitamine in keimenden Pflanzensprossen  
Ontogenesis of water- and fat-soluble vitamins in sprouting plant seeds  
Beginn: 01.07.2001 Ende: 30.06.2002  
BAZ-1235

Schulz, H.; Distler, D.  
Etablierung einer breiten Anwendung des Festphasen-Mikroextraktion-Gaschromatographie (SPME-GC) im pharmazeutischen Bereich  
Establishment of a broad application of solid-phase micro extraction gas chromatography (SPME-GC) in the pharmaceutical area  
Beginn: 01.10.2001 Ende: 30.09.2003  
BAZ-1236

Straka, P.; Nothnagel, T.  
Beiträge zur Genomanalyse bei *Daucus carota* L.  
Genome analysis in *Daucus carota* L.  
Beginn: 01.01.1999 Ende: 31.12.2003  
BAZ-1233

Ulrich, D.; Fischer, C.; Hoberg, E.  
Evaluierung der Aromamuster in resistenten und nichtresistenten Apfelgenotypen  
Evaluation of aroma patterns in resistant and non-resistant apple genotypes  
Beginn: 01.08.2000 Ende: 31.08.2003  
BAZ-1228

Ulrich, D.; Straka, P.; Nothnagel, T.  
Bestimmung von Aromamustern zur Genomkartierung bei Möhren (*Daucus carota* L.)  
Estimation of aroma patterns for genome mapping of carrots (*Daucus carota* L.)  
Beginn: 01.01.2002 Ende: 01.01.2005  
BAZ-1234

## Arbeitsgruppe Elektronische Datenverarbeitung Data Processing Unit Quedlinburg

Kecke, S.; Marthe, F.; Krämer, R.; Ryschka, U.; Klocke, E.; Schütze, W.  
Entwicklung eines Datenmodells und Implementierung einer Client-Server-Datenbanklösung zur Abbildung der Arbeiten an Material der Gattung *Brassica* einschließlich aller anfallenden Daten auf Einzelpflanzenbasis  
Development of a data model and establishment of a client-server-database to illustrate research on genus *Brassica*, a data preparation per single plant included  
Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2002  
BAZ-9001

Kecke, S.; Marx, G.  
Erstellung datenbankgestützter Erfassungswerkzeuge für Evaluierungsdaten zur Krankheitsresistenz genetischer Ressourcen  
Establishment of tools for the database input of evaluation data for the resistance of genetic resources against diseases and pests  
Beginn: 01.01.2000 Ende: 31.12.2002  
BAZ-9002

Schulz, H.; Kecke, S.; Krüger, H.; Schumann, G.; Schütze, W.  
Entwicklung einer Datenbank-Lösung zum Management inhaltsstofflicher Wertparameter bei Medizinal- und Gewürzpflanzen.  
Development of a database approach for the management of valuable components occurring in medicinal and spice plants.  
Beginn: 01.01.2002    Ende: 31.12.2002  
BAZ-9003

## Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof Siebeldingen

Bornhoff, B.; Harst, M.; Zyprian, E.; Töpfer, R.  
Erweiterung der genetischen Basis von Sorten- und Zuchtmaterial durch Gentransfer  
*Agrobacterium tumefaciens*-mediated genetic transformation of grapevine  
Beginn: 01.03.1997    Ende: offen  
BAZ-5136

Dettweiler, E.; Zyprian, E.; Jung, A.; Töpfer, R.  
Identifizierung von Rebsorten mit morphologischen Merkmalen und molekularen Markern  
Identification of grapevine cultivars with morphological descriptors and molecular markers  
Beginn: 01.01.1990    Ende: offen  
BAZ-5126

Düring, H.  
Untersuchung von Werteigenschaften bei Rebsorten: Frosttoleranz  
Evaluation of important characters of grape varieties: winter hardiness  
Beginn: 01.01.1984    Ende: offen  
BAZ-5107

Düring, H.  
Untersuchungen zur Trockentoleranz von Rebsorten  
Studies on drought tolerance of grapevine varieties  
Beginn: 01.11.1988    Ende: offen  
BAZ-5108

Düring, H.  
Bestimmung von Werteigenschaften bei Rebsorten: Beerenreife  
Evaluation of important characters of grape cultivars: Berry ripening  
Beginn: 01.01.1984    Ende: offen  
BAZ-5109

Eibach, R.  
Züchtung von Reben mit hoher Resistenz gegen pilzliche Krankheiten (*Plasmopara*, *Oidium*, *Botrytis*) und hoher Qualitätsleistung  
Breeding of vines resistant to fungus diseases (*Plasmopara*, *Oidium*, *Botrytis*) with high quality  
Beginn: 01.01.1970    Ende: offen  
BAZ-5101

Eibach, R.  
Die Züchtung von Rebsorten für eine alternative Produktion: Tafeltrauben, Traubensaftsorten  
The breeding of grapevines for alternative production: table grapes, juice varieties  
Beginn: 01.01.1989    Ende: offen  
BAZ-5103

Eibach, R.; Dettweiler, E.  
 Evaluierung der genetischen Ressourcen auf züchterisch wertvolle Eigenschaften  
 Evaluation of the genetic resources with regard to important breeding characteristics  
 Beginn: 01.01.1990 Ende: offen  
 BAZ-5105

Eibach, R.; Dettweiler, E.; Harst, M.  
 Die Erhaltung der genetischen Ressourcen der Rebe  
 Maintenance of genetic resources of grapevines  
 Beginn: 01.01.1984 Ende: offen  
 BAZ-5106

Eibach, R.; Harst, M.  
 Die Erhaltungszüchtung neuer Rebsorten  
 Maintenance breeding of vine varieties  
 Beginn: 01.01.1970 Ende: offen  
 BAZ-5102

Eibach, R.; Töpfer, R.  
 Untersuchungen über die Aromastoffe des Mostes und des Weines: terpenoide Verbindungen, Sortencharakterisierung  
 Investigations on aroma compounds of must and wine: terpene compounds, varietal characterization  
 Beginn: 01.01.1989 Ende: offen  
 BAZ-5123

Eibach, R.; Zyprian, E.  
 Evaluierung von *Vitis*-Arten auf Resistenzeigenschaften  
 Evaluation of *Vitis* species on resistance characteristics  
 Beginn: 01.01.1999 Ende: offen  
 BAZ-5137

Harst, M.  
 Erzeugung von embryonem Gewebe über die Antherenkultur  
 Production of embryogenic tissue from anther culture  
 Beginn: 01.01.1990 Ende: offen  
 BAZ-5116

Hausmann, L.; Töpfer, R.  
 Isolierung und Charakterisierung von Genen der Wachsesterbiosynthese  
 Isolation and characterization of genes of the biosynthesis of wax esters  
 Beginn: 01.09.2000 Ende: 31.08.2003  
 BAZ-5142, gefördert durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Hausmann, L.; Töpfer, R.  
 Einsatz der DNA-Microarray-Technologie zur Identifizierung von Stoffwechsellücken in Rapspflanzen mit veränderter Speicherlipidzusammensetzung  
 Use of DNA microarray technology to identify metabolic bottlenecks in rapeseed with modified storage lipids  
 Beginn: 02.09.2000 Ende: 31.08.2003  
 BAZ-5141, gefördert durch die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR)

Hausmann, L.; Töpfer, R.  
 Optimierte binäre Vektoren für die Herstellung transgener Pflanzen ohne unerwünschte Sequenzen  
 Optimized binary vectors for the generation of transgenic plants without undesired sequences  
 Beginn: 01.04.2001 Ende: 31.03.2004  
 BAZ-5140, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Klenert, M.; Köglmeier, W.  
Dokumentation der Weinbauforschung  
Documentation of Viticulture  
Beginn: 01.01.1962 Ende: fortlaufende Aufgabe  
gefördert durch Ministerium für Wirtschaft, Verkehr, Landwirtschaft und Weinbau, Mainz

Kortekamp, A.; Zyprian, E.  
Untersuchungen der Interaktion von *Plasmopara viticola* mit toleranten und anfälligen Rebsorten  
Investigation of the interaction of *Plasmopara viticola* with tolerant or susceptible grapevine cultivars  
Beginn: 01.01.1996 Ende: offen  
BAZ-5130

Töpfer, R.; Eibach, R.  
Ermittlung des Furaneolgehalts in neuen Rebsorten  
Determination of the strawberry flavour of new grapevine varieties  
Beginn: 01.01.1993 Ende: 31.12.2005  
BAZ-5119

Töpfer, R.; Hausmann, L.  
Entwicklung von Promotorkassetten und stabilen binären Transformationsvektoren  
Development of promotor cassettes and stable binary vectors  
Beginn: 01.12.1995 Ende: 31.12.2003  
BAZ-5132, gefördert durch Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Zyprian, E.  
Physikalische Kartierung des Rebgenoms  
Physical mapping of the grapevine genome  
Beginn: 01.01.1996 Ende: offen  
BAZ-5133

Zyprian, E.; Fischer, B.; Eibach, R.; Salakhutdinov, I.; Töpfer, R.  
Entwicklung molekularer Marker für Pilzresistenz und andere züchterisch wertvolle Eigenschaften der Weinrebe,  
Kartierung und Genomanalyse  
Development of molecular markers for fungal disease resistance and other agronomically important traits,  
mapping and genome analysis  
Beginn: 01.01.1993 Ende: offen  
BAZ-5115

Zyprian, E.; Töpfer, R.; Dettweiler, E.  
Entwicklung experimentell stabiler Marker zur Differenzierung von Unterlagssorten der Weinrebe  
Development of experimentally stable molecular markers for the differentiation of rootstock varieties  
Beginn: 01.01.1997 Ende: offen  
BAZ-5135

# VI. Sammlung pflanzenpathogener Schaderreger

## Collection of Pathogens

Im Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben werden Pathogenisolate, Pathovarietäten, Rassen bzw. Virulenzkombinationen und Aphiden in einer umfangreichen Sammlung erhalten sowie ständig durch neue Isolate ergänzt, die im Rahmen der Forschungsarbeiten nachgewiesen werden.

Die vorhandenen Virus-, Bakterien- und Pilzisolat sowie die Aphidenarten stehen vorrangig für Arbeiten in der BAZ, aber auch für Nutzer aus anderen Einrichtungen zur Verfügung.

The Institute of Epidemiology and Resistance Aschersleben has a large collection of pathogen isolates, pathotypes, races, combinations of virulences and aphids. The collection will be supplemented continuously with new isolates connected with the different research projects.

The isolates of viruses, bacteria and fungi as well as species of aphids are mainly used for studies within the BAZ, but other institutions can make use of the collection, too.

### 1. Virussammlung/Virus Collection

Betreuer/Curator: Habekuß, A.

Familie/Family	Gattung/Genus	Art/Species	Anzahl Isolate/ Number of Isolates
<i>Bromoviridae</i>	<i>Alfamovirus</i>	<i>Alfalfa mosaic virus</i>	3
	<i>Bromovirus</i>	<i>Brome mosaic virus</i>	1
	<i>Cucumovirus</i>	<i>Cucumber mosaic virus</i>	10
		<i>Peanut stunt virus</i>	1
		<i>Tomato aspermy virus</i>	1
<i>Ilarvirus</i>	<i>Prunus necrotic ringspot virus</i>	1	
<i>Bunyaviridae</i>	<i>Tospovirus</i>	<i>Tomato spotted wilt virus</i>	3
<i>Caulimoviridae</i>	<i>Caulimovirus</i>	<i>Cauliflower mosaic virus</i>	1
<i>Comoviridae</i>	<i>Fabavirus</i>	<i>Broad bean wilt virus</i>	1
	<i>Nepovirus</i>	<i>Arabidopsis mosaic virus</i>	2
		<i>Cherry leaf roll virus</i>	2
		<i>Strawberry latent ringspot virus</i>	1
		<i>Tomato black ring virus</i>	4
<i>Luteoviridae</i>	<i>Luteovirus</i>	<i>Barley yellow dwarf virus PAV</i>	1
	<i>Polerovirus</i>	<i>Beet western yellows virus</i> ( <i>Turnip yellows virus</i> )	7
		<i>Beet mild yellowing virus</i>	3
<i>Potyviridae</i>	<i>Bymovirus</i>	<i>Barley mild mosaic virus</i>	1
		<i>Barley yellow mosaic virus</i>	2
	<i>Potyvirus</i>	<i>Bean common mosaic virus</i>	1
		<i>Bean yellow mosaic virus</i>	1
		<i>Beet mosaic virus</i>	1
		<i>Cocksfoot streak virus</i>	1
		<i>Leek yellow stripe virus</i>	1
		<i>Lettuce mosaic virus</i>	1
		<i>Maize dwarf mosaic virus</i>	1
		<i>Papaya ringspot virus</i>	1
		<i>Plum pox virus</i>	1
		<i>Potato virus Y</i>	2
		<i>Turnip mosaic virus</i>	15
		<i>Watermelon mosaic virus</i>	1
		<i>Rymovirus</i>	<i>Oat necrotic mottle virus</i>
	<i>Ryegrass mosaic virus</i>	2	
<i>Tritimovirus</i>	<i>Brome streak virus</i>	1	



<b>Familie/Family</b>	<b>Gattung/Genus</b>	<b>Art/Species</b>	<b>Anzahl Isolate/ Number of Isolates</b>
<i>Tombusviridae</i>	<i>Dianthovirus</i>	<i>Carnation ringspot virus</i>	2
	<i>Necrovirus</i>	<i>Tobacco necrosis virus</i>	2
	<i>Tombusvirus</i>	<i>Cucumber necrosis virus</i> <i>Tomato bushy stunt virus</i>	1 2
	<i>Benyvirus</i>	<i>Beet necrotic yellow vein virus</i>	2
	<i>Carlavirus</i>	<i>Poplar mosaic virus</i>	1
		<i>Potato virus M</i>	3
		<i>Potato virus S</i>	1
	<i>Furovirus</i>	Soil-borne cereal mosaic virus	1
	<i>Hordeivirus</i>	<i>Barley stripe mosaic virus</i>	1
	<i>Pomovirus</i>	<i>Beet soil-borne virus</i>	2
	<i>Potexvirus</i>	<i>Hydrangea ringspot virus</i>	1
		<i>Potato virus X</i>	1
	<i>Sobemovirus</i>	<i>Ryegrass mottle virus</i>	2
		<i>Sowbane mosaic virus</i>	1
	<i>Tobamovirus</i>	<i>Cucumber green mottle mosaic virus</i>	2
		<i>Tobacco mosaic virus</i>	2
		<i>Tomato mosaic virus</i>	1
	<i>Tobravirus</i>	<i>Tobacco rattle virus</i>	4
	<i>Tymovirus</i>	<i>Belladonna mottle virus</i>	1
		<i>Erysimum latent virus</i>	1
		<i>Turnip yellow mosaic virus</i>	1

## 2. Bakteriensammlung/Bacteria Collection

Betreuer/Curator: Richter, K.

<b>Gattung/Genus</b>	<b>Art/Species</b>	<b>Unterart/Subspecies</b>	<b>Anzahl Isolate/ Number of Isolates</b>
<i>Clavibacter</i>	<i>michiganensis</i>	<i>michiganensis</i>	3
<i>Clavibacter</i>	<i>michiganensis</i>	<i>sepedonicus</i>	12
<i>Erwinia</i>	<i>amylovora</i>		7
<i>Erwinia</i>	<i>carotovora</i>	<i>carotovora</i>	5
<i>Pseudomonas</i>	<i>syringae</i>	<i>lachrymans</i>	1
<i>Pseudomonas</i>	<i>syringae</i>	<i>pisi</i>	2
<i>Pseudomonas</i>	<i>syringae</i>	<i>phaseolicola</i>	1
<i>Ralstonia</i>	<i>solanacearum</i>		4
<i>Xanthomonas</i>	<i>campestris</i>	<i>campestris</i>	5
<i>Xanthomonas</i>	<i>hortorum</i>	<i>pelargonii</i>	3

## 3. Pilzsammlung/Fungi Collection

fakultative Pilze/facultative fungi

Betreuer/Curator: Kopahnke, D.

<b>Gattung/Genus</b>	<b>Art/Species</b>	<b>Anzahl Isolate/ Number of Isolates</b>
<i>Alternaria</i>	<i>brassicae</i>	2
<i>Ascochyta</i>	<i>fabae</i>	8
<i>Ascochyta</i>	<i>pisi</i>	5

Gattung/Genus	Art/Species	Anzahl Isolate/ Number of Isolates
<i>Botrytis</i>	<i>cinerea</i>	1
<i>Cladosporium</i>	<i>fulvum</i>	1
<i>Drechslera</i>	<i>sorokiniana</i>	1
<i>Drechslera</i>	<i>teres</i> f. <i>teres</i>	50
<i>Drechslera</i>	<i>teres</i> f. <i>maculata</i>	2
<i>Drechslera</i>	<i>tritici-repentis</i>	6
<i>Fusarium</i>	<i>avenaceum</i>	23
<i>Fusarium</i>	<i>culmorum</i>	14
<i>Fusarium</i>	<i>equiseti</i>	10
<i>Fusarium</i>	<i>gibbosum</i>	4
<i>Fusarium</i>	<i>graminearum</i>	3
<i>Fusarium</i>	<i>oxysporum</i>	20
<i>Fusarium</i>	<i>poae</i>	3
<i>Fusarium</i>	<i>sambucinum</i>	6
<i>Fusarium</i>	<i>solani</i>	5
<i>Laetisaria</i>	<i>fuciformis</i>	100
<i>Limonomyces</i>	<i>roseipellis</i>	9
<i>Mastigosporium</i>	<i>muticum</i>	12
<i>Mycosphaerella</i>	<i>pinodes</i>	5
<i>Phoma</i>	<i>lingam</i>	4
<i>Phoma</i>	<i>medicaginis</i> var. <i>pinodella</i>	5
<i>Phomopsis</i>	<i>fabae</i>	7
<i>Rhizoctonia</i>	<i>solani</i>	7
<i>Rhynchosporium</i>	<i>orthosporum</i>	40
<i>Verticillium</i>	<i>dahliae</i>	4

#### obligate Pilze/obligate fungi

Gattung/Genus	Art/Species	Rassen/Races	Anzahl Isolate/ Number of Isolates
<i>Polymyxa</i>	<i>betae</i>	-	80
<i>Polymyxa</i>	<i>graminis</i>	-	12
<i>Puccinia</i>	<i>hordei</i>	6	20
<i>Puccinia</i>	<i>tritricina</i>	7	25

#### 4. Aphidenartensammlung/Collection of Aphid Species

Betreuer/Curator: Schliephake, E.

Art/Species	Art/Species
<i>Acyrtosiphum pisum</i> (rote Rasse)	<i>Aphis nasturtii</i>
<i>Acyrtosiphum pisum</i> (grüne Rasse)	<i>Aphis pomi</i>
<i>Aphis craccivora</i>	<i>Aulacorthum circumflexum</i>
<i>Aphis fabae</i>	<i>Aulacorthum solani</i>
<i>Aphis frangulae</i>	<i>Brachycorynella asparagi</i>

<i>Art/Species</i>	<i>Art/Species</i>
<i>Brevicoryne brassicae</i>	<i>Myzus nicotianae</i>
<i>Cavariella aegopodii</i>	<i>Myzus persicae</i>
<i>Macrosiphum euphorbiae</i>	<i>Pentatrichopus fragaefolii</i>
<i>Macrosiphoniella sanborni</i>	<i>Rhopalosiphum maidis</i>
<i>Macrosiphum albifrons</i>	<i>Rhopalosiphum padi</i>
<i>Megoura viciae</i>	<i>Sitobion avenae</i>
<i>Metopolophium dirhodum</i>	

# VII. Serumbank

## Serum Bank

---

Übersicht über die in der BAZ, Institute für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Aschersleben, vorhandenen monoklonalen Antikörper und polyklonalen Antiseren. Die vorhandenen Seren stehen für Arbeiten in der BAZ und für andere Forschungseinrichtungen zur Verfügung.

The BAZ Institutes of Resistance Research and Pathogen Diagnostics, Aschersleben, maintain a collection of monoclonal antibodies and polyclonal antisera. The sera are used for BAZ research projects, but they are made available to other research institutions, too.

### 1. Monoklonale Antikörper/(Hybridomzelllinien)/Monoclonal Antibodies/(Hybridoma cell lines)

#### 1.1. Viren/Viruses

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

*Beet necrotic yellow vein virus*

*Beet western yellows virus*

Isolat BN-5

Isolat LP-2/8

Isolat 120

*Beet yellows virus*

*Cucumber mosaic virus*

*Potato virus A*

*Potato virus M*

*Potato virus X*

*Potato virus Y*

*Ryegrass mosaic virus*

#### 1.2. Bakterien/Bacteria

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

*Clavibacter michiganensis*

subsp. *michiganensis*

*Clavibacter michiganensis*

subsp. *sepedonicus*

*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*

*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

Isolat 2Rot2 und 1Wi2

#### 1.3. Pilze/Fungi

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

*Drechslera teres*

*Fusarium culmorum*

#### 1.4. Synthetische Peptide und andere Antigene/ Synthetic peptides and other antigens

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

Nlb Region von Potyviren

Thaumatococin-like Protein (T8)

c-myc-746

Luteo-ORF-1B

### 2. Polyklonale Antiseren (für ELISA)/Polyclonal Antisera (for ELISA)

#### 2.1. Viren/Viruses

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

Genus *Alfavirus*

*Alfalfa mosaic virus*

Genus *Alphacryptovirus*

*Beet cryptic virus 1*

*Beet cryptic virus 2*

Genus *Benyvirus*

*Beet necrotic yellow vein virus*

Genus *Bromovirus*

*Brome mosaic virus*

Genus *Bymovirus*

*Barley mild mosaic virus*

*Barley mild mosaic virus* (P1-Protein)

*Barley mild mosaic virus* (P2-Protein)

*Barley yellow mosaic virus*

*Wheat spindle streak mosaic virus*

Genus *Carlavirus*

*Chrysanthemum virus B*

*Poplar mosaic virus*

*Potato virus M*

*Potato virus S*

Genus *Carmovirus*

*Carnation mottle virus*

*Pelargonium flower break virus*

- Genus *Closterovirus*  
*Beet yellows virus*
- Genus *Comovirus*  
*Broad bean stain virus*  
*Red clover mottle virus*
- Genus *Cucumovirus*  
*Cucumber mosaic virus*  
 Serotype ToRS  
 Serotype DTL  
*Peanut stunt virus*  
 Isolat PSV  
 Isolat Robinia mosaic virus  
*Tomato aspermy virus*
- Genus *Dianthovirus*  
*Carnation ringspot virus*
- Genus *Enamovirus*  
*Pea enation mosaic virus - 1*
- Genus *Fabavirus*  
*Broad bean wilt virus 1*
- Genus *Furovirus*  
*Soil-borne cereal mosaic virus*
- Genus *Hordeivirus*  
*Barley stripe mosaic virus*
- Genus *Ilarvirus*  
*Apple mosaic virus*  
*Prune dwarf virus*  
*Prunus necrotic ringspot virus*
- Genus *Luteovirus*  
*Barley yellow dwarf virus PAV*
- Genus *Necrovirus*  
*Tobacco necrosis virus*
- Genus *Nepovirus*  
*Arabis mosaic virus*  
*Cherry leafroll virus*  
*Grapevine fanleaf virus*  
*Raspberry ringspot virus*  
*Strawberry latent ringspot virus*  
*Tomato black ring virus*
- Genus *Polerovirus*  
*Beet mild yellowing virus*  
*Beet western yellows virus*  
 (Syn. Turnip yellows virus)  
*Beet western yellows virus*  
 (Syn. Turnip yellows virus)  
 ORF 0  
 ORF 1B  
*Potato leafroll virus*
- Genus *Potexvirus*  
*Hydrangea ringspot virus*  
*Lolium latent virus*  
*Pepino mosaic virus*  
*Potato aucuba mosaic virus*  
*Potato virus X*
- Genus *Potyvirus*  
*Asparagus virus 1*  
*Bean common mosaic virus*  
*Bean yellow mosaic virus*
- Genus *Potyvirus*  
*Beet mosaic virus*
- Celery mosaic virus*  
*Clover yellow vein virus*  
*Henbane mosaic virus*  
*Leek yellow stripe virus*  
*Lettuce mosaic virus*  
*Maize dwarf mosaic virus*  
*Onion yellow dwarf virus*  
*Parsley virus Y*  
*Papaya ringspot virus*  
*Pea seed-borne mosaic virus*  
*Plum pox virus*  
*Potato virus A*  
*Potato virus A (rekombinantes CP)*  
*Potato virus A (HC-Pro)*  
*Potato virus V*  
*Potato virus Y*  
*Potato virus Y (NIB-Protein)*  
*Soybean mosaic virus*  
*Turnip mosaic virus*  
*Watermelon mosaic virus*
- Genus *Rymovirus*  
*Agropyron mosaic virus*  
*Hordeum mosaic virus*  
*Ryegrass mosaic virus*
- Genus *Ipomovirus*  
*Sweet potato mild mottle virus*
- Genus *Sobemovirus*  
 Ryegrass mottle virus
- Genus *Tobamovirus*  
*Tobacco mosaic virus*  
*Tomato mosaic virus*
- Genus *Tobravirus*  
*Tobacco rattle virus*
- Genus *Tombusvirus*  
*Petunia asteroid mosaic virus*  
*Tomato bushy stunt virus*
- Genus *Trichovirus*  
*Apple chlorotic leafspot virus*
- Genus *Tritimovirus*  
*Brome streak mosaic virus*  
*Oat necrotic mottle virus*  
*Wheat streak mosaic virus*
- Genus *Tymovirus*  
*Erysimum latent virus*  
*Turnip yellow mosaic virus*
- nicht gruppiert  
*Cucumber leaf spot virus*

## 2.2. Bakterien/Bacteria

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

- Acidovorax valerianellae*  
*Clavibacter michiganensis* subsp.  
*michiganensis*  
*Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus*  
*Erwinia amylovora*  
*Erwinia carotovora* subsp. *atroseptica*  
*Erwinia carotovora* subsp. *carotovora*  
*Erwinia herbicola*

*Pseudomonas savastanoi* pv. *glycinea*  
*Pseudomonas savastanoi* pv. *phaseolicola*  
*Pseudomonas syringae* pv. *tomato*  
*Ralstonia solanacearum*  
*Xanthomonas axonopodis* pv. *begoniae*  
*Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis*  
*Xanthomonas axonopodis* pv. *vignicola*  
*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*  
*Xanthomonas hortorum* pv. *pelargonii*  
*Xanthomonas translucens* pv. *translucens*  
*Xanthomonas translucens* pv. *undulosa*

### 2.3. Pilze/Fungi

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.; Gabler, J.

*Alternaria* f. sp. *dauci*  
*Drechslera teres*  
*Fusarium culmorum*  
*Fusarium graminearum*  
*Fusarium oxysporum* f. sp. *pisi*  
*Laetisaria fuciformis*  
*Limonomyces roseipellis*  
*Mastigospodium muticum*

*Microdochium nivale*  
*Passalora puncta*  
*Phoma betae*  
*Phoma Lingam*  
*Phomopsis diachenii*  
*Phytophthora nicotianae*  
*Plasmodiophora brassicae*  
*Polymyxa graminis*  
*Pseudocercospora herpotrichoides*  
*Pyrenophora tritici-repentis*  
*Rhynchosporium secalis*  
*Septoria nodorum*  
*Septoria tritici-repentis*  
*Verticillium dahliae*

### 2.4. Enzyme/Enzymes

Betreuer/Curator: Rabenstein, F.

$\beta$ -1,3-D-Glucanase aus *Helix pomatia*  
Glucuronidase  
Lävansucrase  
Laccase aus *Rhus vernificera*  
T4-Lysozym

## VIII. Sondenbank

### Probe Bank

---

In der BAZ wird im Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik Aschersleben, eine DNA-Sondenbank geführt, die an diesem und anderen Instituten aus *Hordeum vulgare* entwickelt worden ist. Die Sonden stehen anderen Forschungseinrichtungen kostenlos, Privatunternehmen gegen eine Lizenzgebühr zur Nutzung zur Verfügung.

The BAZ Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics Aschersleben, maintains a DNA probe repository. The probes are developed from *Hordeum vulgare* at this and other institutes. The probes are made available to other research institutions free of charge, private enterprises have to pay a license fee.

#### RFLP-Sonden/RFLP-Probes

Betreuer/Curator: T. Kühne

Sondentyp/Probetyp	Anzahl/Number
genomisch	743
cDNA	141

Davon zugeordnet/Thereof assigned to:

Gen	Spezifität	Chromosom	Marker	Abstand/Distance in cM
<i>ym4</i>	BaMMV	3HL	MWG010	0,9
<i>ym5</i>	BaMMV, BaYMV-I, BaYMV-II	3HL	MWG010	1,1
<i>ym7</i>	BaMMV	1HS	RWTHAT13	0,0
<i>ym8</i>	BaMMV	4HL	MWG2307	2,2
<i>ym9</i>	BaMMV	4HL	MWG517	0,4
<i>ym10</i>	BaYMV-I, BaYMV-II	3HL	MWG010	7,5
<i>ym11</i>	BaMMV	4HL	MWG2159	0,0
<i>Rh</i>	<i>Rhynchosporium secalis</i>	3HL	cMWG680	0,0
<i>Pt</i>	<i>Pyrenophora teres</i>	3HL	MWG2138	0,4
<i>Ti</i>	<i>Typhula incarnata</i>	1HS	MWG983	1,5
<i>Mlhb</i>	<i>Erysiphe graminis</i>	2HS	cMWG682	6,8

## IX. Wissenschaftliche Zusammenarbeit

### Scientific Cooperation

---

Institut für Zierpflanzenzüchtung  
Institute of Ornamental Plant Breeding  
Ahrensburg

#### Partner im Inland/German partners

##### **Berlin**

Humboldt-Universität  
Dr. Eckhardt  
Aufgabe: Transformation von Rhododendron  
Projekt: BAZ-6144

##### **Dresden**

Hochschule für Technik und Wirtschaft, Abt. Botanik/Ökologie  
Prof. Dr. Drewes-Alvarez  
Aufgabe: In-vitro-Regeneration von Rosen  
Projekt: BAZ-6144  
Prof. Dr. Drewes-Alvarez  
Aufgabe: Entwicklung neuer Einsporkulturen, Resistenztestungen an Rosen  
Projekt: BAZ-6134

##### **Erfurt-Kühnhausen**

Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau, Großbeeren, Abt. Pflanzenvermehrung  
Dr. U. Drüge  
Aufgabe: Erstellung von resistentem Basismaterial von Cyclamen  
Projekt: BAZ-6142

##### **Gütersloh**

Fa. Noack's Rosen  
Herr Noack  
Aufgabe: Entwicklung resistenter Rosengenotypen, Austausch und Testung von Versuchsmaterial  
Projekt: BAZ-6131; BAZ- 6136; BAZ-6134

##### **Halle**

Universität Halle  
Prof. Dr. E. Weber  
Aufgabe: Genetische und molekulare Charakterisierung der Resistenz gegen Sternrußtau bei Rosen  
Projekt: BAZ-6131

##### **Hamburg**

Universität Hamburg, Institut für Angewandte Botanik  
Prof. Dr. H. Lörz, Dr. H. Kaufmann  
Aufgabe: Erstellung und Testung einer BAC Genbank der Rose  
Projekt: BAZ-6131

##### **Hann. Münden**

Firma Ernst Benary Samenzucht GmbH  
Dr. M. Mehring-Lemper, M. Kadolsky  
Aufgabe: Erstellung von homozygotem Basismaterial  
Projekt: BAZ-6135



**Hannover**

Universität Hannover, Institut für Zierpflanzenbau, Baumschule und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. Spethmann  
Aufgabe: Charakterisierung neuer Zierpflanzen und Resistenz in Rosenarten  
Projekt: BAZ-6134

**Köln**

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung  
Dr. Ch. Gebhardt  
Aufgabe: Erstellung und Testung einer BAC-Genbank aus Rosen  
Projekt: BAZ-6114  
Dr. G. Jach  
Aufgabe: Induktion von Resistenzen gegenüber pilzlichen Schaderregern in Rosen durch Transformation  
Projekt: BAZ-6136

**München**

Technische Universität; Institut für Landwirtschaftlichen und Gärtnerischen Pflanzenbau  
Prof. Dr. G. Forkmann  
Aufgabe: Untersuchungen zur Blütenfarbe bei Rosen  
Projekt: BAZ-6114

**Rheinberg**

Firma Dümmler  
M. Dümmler  
Aufgabe: Züchterische Verbesserung von Euphorbia-Arten durch Anwendung biotechnologischer Methoden  
Projekt: BAZ-6137

**Sangerhausen**

Europarosarium  
H. Brumme  
Aufgabe: Evaluierung von Rosenkollektionen  
Projekt: BAZ-6134  
H. Brumme  
Aufgabe: Erschließung neuer Resistenzquellen in Rosenwildarten. Austausch und Testung von Versuchsmaterial  
Projekt: BAZ-6134

**Sparrieshoop**

Firma W. Kordes  
Herr Kordes, Herr Proll, Herr Chaanin  
Aufgabe: Entwicklung resistenter Rosengenotypen, Austausch und Testung von Versuchsmaterial  
Projekt: BAZ-6131, BAZ-6136, BAZ-6134

**Strullendorf**

Gartenbau Robert Mayer  
Dr. U. Mayer  
Aufgabe: Somatische Embryogenese für die Massenvermehrung von Rosen  
Projekt: BAZ-6144

**Uetersen**

Firma Rosen Tantau  
Herr Evers, Herr Loeffler, Frau Wiegand  
Aufgabe: Entwicklung resistenter Rosengenotypen, Austausch und Testung von Versuchsmaterial  
Projekt: BAZ-6131, BAZ-6136, BAZ-6134

## Partner im Ausland/Foreign partners

### Frankreich/France

- GEVES, Sophia Antipolis,  
Dr. Gandelin  
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm  
Projekt: BAZ-6134
- INRA, Station de Botanique et Pathologie Végétale, Antibes  
Dr. Aloisi  
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm  
Projekt: BAZ-6136
- INRA, Angers  
Dr. Lespinasse, Dr. Durel  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140
- Service des espaces verts, Paris, Bois de Bologne  
Mr. Mando  
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm  
Projekt: BAZ-6134

### Griechenland/Greece

- NAGREF, Pomology Institute, Naoussa  
Dr. Manganaris  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140

### Großbritannien/Great Britain

- University of East London, Dept. of Life Science, London  
Prof. Dr. Andy Roberts  
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm  
Projekt: BAZ-6134
- University of East London, Dept. of Life Science, London  
Prof. Dr. Andy Roberts  
Aufgabe: Austausch von Pflanzen- und Pathogenmaterial  
Projekt: BAZ-6114
- University of London, Wye College, Wye  
Dr. Beynon  
Aufgabe: Molekulare und genetische Charakterisierung von Resistenzgenen aus *Arabidopsis*  
Projekt: BAZ-6133
- HRI, East Malling  
Dr. Evans  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140

### Israel/Israel

- The Hebrew University of Jerusalem, Jerusalem  
Prof. D. Zamir  
Aufgabe: Charakterisierung und Isolierung von wirtschaftlich wichtigen Genen aus Rosen spec.  
Projekt: BAZ-6114

### Italien/Italy

- IMOF, Portici  
Dr. Amelie Barone  
Aufgabe: Untersuchungen zum Blütenduft und zur Blütenfarbe bei Rosen  
Projekt: BAZ-6114
- DCA-BO, Bologna  
Prof. Sansavini, Dr. Tartarini  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140

## **Niederlande/The Netherlands**

- Agricultural University, Wageningen  
Prof. Dr. Piet Stam  
Aufgabe: Genetische Untersuchungen wichtiger Merkmale bei Rosen  
Projekt: BAZ-6114
- CPRO-DLO, Department of Cell Biology, Wageningen  
L. Dubois, S. Derks, Dr. Florack, Dr. de Jong, Dr. van Holsteijn  
Aufgabe: Expression antimikrobiell wirkender Gene in Rosen  
Projekt: BAZ-6134
- CPRO-DLO Wageningen, Wageningen  
Dr. de Jong  
Aufgabe: Genetische Untersuchungen wichtiger Merkmale bei Rosen  
Projekt: BAZ-6114
- CPRO-DLO Wageningen, Wageningen  
Dr. Ben Vosman  
Aufgabe: Untersuchung von Mikrosatelliten im Rosengenom  
Projekt: BAZ-6114
- PRI, Wageningen  
E. van der Weg, H. J. Schouten  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140

## **Schweiz/Switzerland**

- Eidgenössische Forschungsanstalt für Obst-, Wein- und Gartenbau, Wädenswil  
Dr. Kellerhals  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140
- ETH, Zürich  
Prof. Kessler, Dr. Koller  
Aufgabe: EU-Projekt DARE (Durable Disease Resistance in Apple)  
Projekt: BAZ-6140

## **Spanien/Spain**

- ETSIAM, Genetica Departamento, Cordoba  
Prof. Cubero  
Aufgabe: EU Network for Characterization and Evaluation of Genus *Rosa* germplasm  
Projekt: BAZ-6134

## **USA**

- Texas A & M University, College Station  
Prof. Dr. Dave Byrne  
Aufgabe: Genetische Untersuchungen wichtiger Merkmale bei Rosen  
Projekt: BAZ-6114
- University of North Carolina, Chapel Hill  
Prof. Dangl  
Aufgabe: Molekulare und genetische Charakterisierung von Resistenzgenen aus Arabidopsis  
Projekt: BAZ-6133
- Clemson University, Clemson  
Dr. Srijana Rajapakse  
Aufgabe: Erstellung einer Chromosomenkarte der Rose, Austausch von Markern  
Projekt: BAZ-6114

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik  
Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics  
Aschersleben

Partner im Inland/German partners

**Aschersleben**

GHG Saaten GmbH, Aschersleben  
E. Siebecke  
Aufgabe: Entwicklung neuer Dill- und Majoransorten mit Fusarium- und Alternariaresistenz  
Projekt: BAZ-2144, FUEGO 0036901L8

**Asendorf**

Deutsche Saatveredelung  
Dr. U. Feuerstein  
Aufgabe: Erarbeitung von Methoden zur Selektion auf Resistenz gegenüber der Rotspitzigkeit an Rasengräsern  
Projekt: BAZ-2132  
Dr. U. Feuerstein  
Aufgabe: Selektion auf Resistenz gegenüber der Rotspitzigkeit an Rasengräsen  
Projekt: BAZ-2132

**Bad Neuenahr-Ahrweiler**

Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau  
M. Dehe  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025

**Bad Schönborn**

HYBRO GmbH & Co. KG Saatzucht Langenbrücken  
Dr. H. Wortmann  
Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber Polymyxa übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2145

**Bernburg**

Fachhochschule Anhalt ,Fachbereich Landwirtschaft, Ökotropologie, Landespflege  
I. Reichhardt  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025

**Bonn**

Forschungsvereinigung der Arzneimittel-Hersteller FAH  
Frau B. Christian, Dr. E. Kroth  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025  
Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität, Institut für landwirtschaftliche Botanik  
Dr. B.M. Möser, Frau J. Forwick  
Aufgabe: Aufklärung der Doldenbräune beim einjährigen Kümmel  
Projekt: BAZ-2136

**Braunschweig**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit  
Dr. D-E. Lesemann  
Aufgabe: Diagnose von Viren an Gramineen

## **Detmold**

Bundesanstalt für Getreide-, Kartoffel- und Fettforschung, Institut 1  
J. Dreisörner  
Aufgabe: Rasterelektronenmikroskopische Arbeiten

## **Dresden**

Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft  
Dr. Ch. Gebhart  
Aufgabe: Serologische Prüfung von Weizenherkünften (Kornproben) auf Befall mit *Fusarium*-Arten  
Projekt: BAZ-2152  
Dr. W. Wiedemann  
Aufgabe: Serologische Prüfung von Spinatherkünften auf Befall mit Vergilbungsviren (Turnip yellows virus, Beet mild yellowing virus)  
Projekt: BAZ-2137

## **Erfurt-Kühnhausen**

Institut für Gemüse- und Zierpflanzenproduktion  
Dr. A. Luthardt, Dr. D. Grote (Großbeeren)  
Aufgabe: Nachweis von *Fusarium oxysporum*  
Projekt: BAZ-2134  
Dr. A. Luthardt, Dr. F. Hennig  
Aufgabe: Entwicklung immunologischer Testverfahren zum Nachweis von *Fusarium oxysporum* in der Resistenzzüchtung von Gemüse- und Zierpflanzen  
Projekt: BAZ-2134

## **Freising-Weihenstephan**

Technische Universität München, Lehrstuhl für Phytopathologie  
Prof. V. Zinkernagel, Frau Wosnizka  
Aufgabe: Serologische Prüfung von Weizenkörnern auf Befall mit *Fusarium*-Arten  
Projekt: BAZ-2152

## **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung  
Dr. U. Conrad  
Aufgabe: Herstellung von Gerste mit verbesserter Resistenz gegen BaYDV;  
Projekt: BAZ-2163 (BMBF FKZ 0301604)  
Dr. F. Altpeter;  
Aufgabe: Gewinnung von *Lolium perenne* mit gentechnisch verbesserter Resistenz gegen RgMV

## **Halle**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz  
Prof. Dr. E. Fuchs  
Aufgabe: WDV-Nachweis und -identifizierung  
Projekt: BAZ-2161

## **Hannover**

Landwirtschaftskammer Pflanzenschutzamt  
Dr. Heinicke  
Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber *Polymyxa* übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2145

## **Hohenlieth**

Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG  
Dr. M. Frauen  
Aufgabe: Erarbeitung von Methoden zur Selektion auf Resistenz gegenüber der Rotspitzigkeit an Rasengräsern  
Projekt: BAZ-9390, AiF-10906 B

### **Kühnhausen**

Institut für Gemüse- und Zierpflanzenproduktion, Erfurt-Kühnhausen  
Dr. A. Luthardt, Dr. F. Henning  
Aufgabe: Cyclamen, *Fusarium oxysporum* f. sp. *cyclaminis*  
Projekt: BAZ-2155

### **Köthen**

Fachhochschule Anhalt  
Frau Dr. K. Schöps  
Aufgabe: Raster- und Transmissionselektronenmikroskopische Untersuchung von  
Veränderungen an Mikroorganismen nach Einwirkung desinfizierender Substanzen  
Frau Dr. K. Schöps  
Aufgabe: Transmissions- und rasterelektronenmikroskopische Arbeiten

### **Magdeburg**

Landespflanzenschutzamt Sachsen-Anhalt  
M. Krusche, Herr Mertens  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des  
Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025  
Pflanzenschutzamt  
Dr. R. Gippert  
Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber *Polymyxa* übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2145

### **Steinach**

Saatzucht Steinach GmbH  
F. Haag  
Aufgabe: Untersuchungen auf Resistenz bei Roggen gegenüber *Polymyxa* übertragbaren Viren  
Projekt: BAZ-2145  
Dr. F. Eickmeyer  
Aufgabe: Selektion auf Resistenz gegenüber der Rotspitzigkeit an Rasengräsern  
Projekt: BAZ-2132

### **Stuttgart**

Landessaatzuchtanstalt Stuttgart  
Dr. T. Miedaner  
Aufgabe: Serologische Prüfung von *Fusarium*-Arten und Nachweis von *Fusarium* in Roggenkörner  
Projekt: BAZ-2152

### **Trebur**

AGRI-MED  
Dr. E. Schubert  
Aufgabe: Entwicklung von Methoden zur Kontrolle der Doldenkrankheiten des  
Arzneifenchels; Teilvorhaben Nutzung natürlicher Resistenzen  
Projekt: BAZ-2148, FKZ - 98 NR 025

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **Ägypten/Egypt**

National Research Centre, Cairo  
Dr. M. Saker  
Aufgabe: RAPD-Marker zur Kartierung von Pilzresistenzgenen in Gerste  
Projekt: BAZ 2139

## **Bulgarien/Bulgaria**

Bulgarische Akademie der Wissenschaften Sofia, Institut für Genetik, Sofia

Dr. Aglika Edreva

Aufgabe: Untersuchung zur Resistenz von Gemüsekulturen und den Ursachen für die Induktion von Resistenz gegen bakterielle Pathogene

Frau Dr. J. Georgieva

Aufgabe: Licht- und transmissionselektronenmikroskopische Arbeiten zum Nachweis biologischer Substanzen in Pflanzenzellen

Projekt: BAZ-2329

Frau Dr. R. Rodeva

Aufgabe: Diagnose pilzlicher Krankheiten an Kümmel (*Carum carvi*), Fenchel (*Foeniculum vulgare*) und Dill (*Anethum graveolens*) sowie Erfassung von Anfälligkeitsunterschieden unter natürlichen Befallsbedingungen

Projekt: BAZ-2155

## **China**

Institute of Biotechnology, Zhejiang University, Huajiachi, Hangzhou

Prof. Xueping Zhou

Aufgabe: Herstellung von Konstrukten zur Resistenzinduktion gegen TuMV bei *Brassica*

Projekt: BAZ-2150; Kooperationsvereinbarung 12

## **Litauen/Lithuania**

Lithuanian University, Institute of Botany, Vilnius

Frau Dr. R. Mackinaite

Aufgabe: Entwicklung von Methoden zum *Fusarium*-Nachweis in der Pflanze

Projekt: BAZ-2134

## **Neuseeland/New Zealand**

Institute for Crop & Food Research, Christchurch

Dr. R. Pickering

Aufgabe: Untersuchungen von *Hordeum*-Wildformen auf Resistenz gegenüber *Polymyxa graminis*, dem pilzlichen Vektor bedeutender Getreideviren

Projekt: BAZ-2132, Kooperationsvereinbarung 01.2001

## **Niederlande/The Netherlands**

Zelder plant breeders and seedmen, Gennep

Dr. L. Wolters

Aufgabe: Aufgabe Erarbeitung von Methoden zur Selektion auf Resistenz gegenüber der Rotspitzigkeit an Rasengräsern

Projekt: Forschungsprojekt AiF-10906 B

## **Polen/Poland**

Polish Academy for Agriculture, Research Center for Phytopathology, Lublin

Frau Prof. Dr. Z. Machowicz-Stefaniak

Aufgabe: Diagnose pilzlicher Krankheiten an Kümmel (*Carum carvi*) sowie Erfassung von Anfälligkeitsunterschieden unter natürlichen Befallsbedingungen

Projekt: BAZ-2155

## **Russland/Russia**

Shemyakin Institute for Bioorganic Chemistry, Moskau

Frau Dr. E. Sukhacheva

Aufgabe: Erzeugung monoklonaler Antikörper gegen virale Nichtstrukturproteine

Projekt: BAZ-2125

## **Tschechische Republik/Czech Republic**

Institute for Plant Molecular Biology, Ceske Budejovice

Dr. J. Matousek

Aufgabe: Transgene Kartoffelpflanzen mit Virusresistenz

Projekt: BAZ-2142; Kooperationsvereinbarung 7/96

Research Institute for Crop Production, Prag

Frau Dr. B. Pekarova

Aufgabe: Aufgabe Serologische Erfassung von *Phytophthora*-Arten in Pflanzenmaterial

Projekt: Forschungsprojekt BAZ-2134

Research Institute for Crop Production, Prag

Dr. J. Hysek

Aufgabe: Entwicklung neuer Methoden zum Nachweis von pilzlichen Erregern

Projekt: Kooperationsvereinbarung 26/99

## **USA**

Department of Plant Pathology, Cornell University Ithaca,

Prof. G.C. Bergstrom

Aufgabe: Untersuchung auf Resistenz gegenüber *Polymyxa*-übertragbaren Viren

Projekt: BAZ-2145

ILTAB, TSRI Plant Division, La Jolla

Dr. C. Fauquet

Aufgabe: Sequenzanalyse bei Rymoviren als Grundlage für den Gentransfer

Projekt: Kooperationsvereinbarung 08/98

USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Lincoln

Dr. D.C. Stenger

Aufgabe: Charakterisierung von Europäischen Isolaten des Wheat streak virus

Projekt: BAZ-2156

# **Institut für Epidemiologie und Resistenz**

**Institute of Epidemiology and Resistance**

Aschersleben

## **Partner im Inland/German partners**

### **Bonn**

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information

S. Harrer

Aufgabe: Aufbau eines Informationssystems für Evaluierungsdaten pflanzengenetischer

Ressourcen in der Bundesrepublik Deutschland

Projekt: BAZ-2332 (gefördert durch BML)

### **GFP**

Dr. M. Frauen

Aufgabe: Entwicklung von Winterrapslinien mit stabiler Virusresistenz

Projekt: BAZ-2310, FKZ 22006600

### **UFOP**

J. Gronow

Aufgabe: Virusbefallssituation und Befallsminderung bei Winterraps

Projekt: 9690



## **Braunschweig**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Dr. U. Heimbach

Aufgabe: Virusbefallssituation und Befallsminderung bei Winterraps

Projekt: BAZ-2310, UFOP 9690

Dr. K. Flath (Außenstelle Kleinmachnow), Prof. Dr. G. Bartels

Aufgabe: Prüfung von Gerste und Weizen auf Braunrostresistenz für das Bundessortenamt

Projekt: BAZ-2303, BAZ-2319

Dr. E. Sachs (Außenstelle Kleinmachnow)

Aufgabe: Charakterisierung von Pilzisolaten des Getreides

Projekt: BAZ-2304

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit

Dr. W. Huth

Aufgabe: Resistenz/Toleranz von Gerste gegen Viren

Projekt: BAZ-2301

Zentrale EDV-Gruppe (Außenstelle Kleinmachnow)

Dr. E. Moll

Aufgabe: Prüfung von Gerste und Weizen auf Braunrostresistenz für das Bundessortenamt

Projekt: BAZ-2303, BAZ-2319

## **Bönnshausen**

Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH, Saatzucht Langenstein

Dr. E. Laubach, Dr. O. Unger, Dr. L. Kuntze

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

## **Darmstadt**

BBA, Institut für biologischen Pflanzenschutz

Prof. Dr. W. Zeller, J. Mosch

Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen

Projekt: BAZ-2323

## **Dresden**

Elsner pac Jungpflanzen

Dr. K. Olbricht

Aufgabe: Resistenz von *Pelargonium* gegen *Xanthomonas*

Projekt: BAZ-2328 (gefördert vom Freistaat Sachsen, Projekt-Nr. 9810)

Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft

Dr. W. Wiedemann

Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen

Projekt: BAZ-2323

## **Freising-Weihenstephan**

Bayerische Landesanstalt für Bodenkunde und Pflanzenbau

Dr. G. Poschenrieder

Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen

Projekt: BAZ-2323

EpiLogic Ltd & Lehrstuhl für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Fa. EpiLogic GmbH,

Agrarbiologische Forschung

Dr. F. G. Felsenstein

Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen

Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

## **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung; Genbank  
Dr. H. Knüpfner  
Aufgabe: „International Network on Barley Genetic Resources“  
Projekt: EU-Projekt FAIR-CT-98-104  
Dr. A. Börner  
Aufgabe: Selektion von Weizen auf Resistenz gegen Blattdürre  
Projekt: BAZ-2336  
Prof. Dr. A. Graner,  
Aufgabe: Isolierung des *Rph-16* Zwergrost-Resistenzlocus  
Projekt: (DFG Ko 1747/2-1)  
Prof. Dr. A. Graner, M. Grau  
Aufgabe: Resistenz/Toleranz von Gerste und Weizen gegen Pilze, Viren und Aphiden  
Projekt: BAZ-2301, BAZ-2302, BAZ-2304, BAZ-2305, BAZ-2336  
Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Obst Dresden-Pillnitz  
Prof. Dr. M. Fischer, Dr. M. Geibel  
Aufgabe: Selektion von Genotypen des Obstes mit Resistenz gegen Bakterien  
Projekt: BAZ-2323

## **Gießen**

Justus-Liebig-Universität, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Dr. F. Ordon  
Aufgabe: Genetische Analyse der Vererbung der Virusresistenz  
Projekt: BAZ-2301

## **Hadmersleben**

Saatzucht Hadmersleben GmbH  
Dr. K. Richter, Dr. F. Heinrichs  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305  
Dr. J. Koch  
Aufgabe: Erstellung von Basismaterial bei Winterraps mit Resistenz gegenüber dem Wasserrübenvergilbungsvirus  
Projekt:-2310

## **Halle**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz  
Prof. Dr. E. Fuchs  
Aufgabe: Übertragung von Gramineenviren durch Aphiden und Zikaden  
Projekt: BAZ-2301

## **Hannover**

Bundessortenamt  
Dr. J. Steinberger, Dipl.-Agraring. D. Rentel  
Aufgabe: Prüfung von Gerste und Weizen auf Rostresistenz im Rahmen der Wertprüfung  
Projekt: BAZ-2303, BAZ-2319

## **Herzogenaurach**

Saatzucht Josef Breun GdB  
J. Breun  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

## **Irlbach**

Dr. J. Ackermann & Co., Saatzeit  
Dr. V. Lein  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

**Jena**

Friedrich-Schiller-Universität Jena, Institut für Pharmazie  
Dr. M. Ramm  
Aufgabe: Resistenzinduktion bei Tomate gegen *Clavibacter*, Herstellung der EPS  
Projekt: BAZ-2329

**Kiel**

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Dr. F. Dreyer  
Aufgabe: Einsatz biotechnologischer Verfahren in Pflanzenzuchtbetrieben Schleswig-Holsteins  
am Beispiel der markergestützten Selektion virusresistenter Rapslinien  
Projekt: BAZ-2310, Land Schleswig-Holstein

**Ladenburg**

Max Planck Institut für Zellbiologie  
Prof. Dr. K. Geider  
Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen  
Projekt: BAZ-2323

**Lippstadt**

Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH (DSV), Zuchtstation Leutewitz  
Dr. M. Herrmann, Dr. Vaupel  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenz/Toleranz von Gerste gegen Pilze und Viren  
Projekt: BAZ-2301, BAZ-2302, BAZ-2304

**Marne**

Marner GZG Saaten AG  
Dr. H. Löptien  
Aufgabe: Resistenz von Kopfkohl gegen *Xanthomonas*  
Projekt: BAZ-2329 (gefördert durch GFP, Projekt-Nr.: 9670)

**Moosburg**

Saatzucht Hans Schweiger & Co. OHG  
Dr. H. Kempf  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305

**München**

Technische Universität; Institut für Landwirtschaftlichen und Gärtnerischen Pflanzenbau, Lehrstuhl für Obstbau  
Prof. Dr. D. Treutter  
Aufgabe: Resistenzinduktion in Pelargonie gegen *Xanthomonas*  
Projekt: BAZ-2328

**Northeim**

Lochow-Petkus GmbH, Zuchtstation Wetze  
Dr. J. Großer  
Aufgabe: Resistenz/Toleranz von Gerste gegen Viren  
Projekt: BAZ-2301

**Stuttgart**

Landesanstalt für Pflanzenschutz  
Dr. E. Moltmann  
Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen  
Projekt: BAZ-2323

## **Uffenheim**

Saatzuchtgesellschaft Streng's Erben GmbH & Co. KG, Aspachhof  
P. Greif  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenz-/Toleranzselektion von Gerste gegen Pilze und Viren  
Projekt: BAZ-2301, BAZ-2302, BAZ-2304

## **Weidenbach**

Landwirtschaftliche Lehranstalten Triesdorf  
Dr. H. Geißendörfer  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. bei Gerste und Weizen  
Projekte: BAZ-2302, BAZ-2305, BAZ-2336

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **Bulgarien/Bulgaria**

Institute of Plant Protection, Konstinbrod  
Dr. Nonka Bakardjieva  
Aufgabe: Resistenz von Gerste und Weizen gegenüber Gerstengelverzweigungs-Virus  
Projekt: BAZ-2301, bilaterale Kooperation

Institute of Plant Protection, Konstinbrod  
Dr. Nevena Bogatzevska  
Aufgabe: Resistenz von Gemüse gegen bakterielle Erreger  
Projekt: BAZ-2329

Institute of Genetics, Sofia  
Dr. Violeta Sotirova  
Aufgabe: Resistenz von Gemüse gegen bakterielle Erreger  
Projekt: BAZ-2329

### **Dänemark/Denmark**

Planteforaedling, Pajbjergfonden  
Dr. H. Jaiser  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2305; EU-Project COST 817

### **Finnland/Finland**

Boreal Plant Breeding Ltd.  
Dr. Marja Jalli  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste  
Projekt: BAZ-2302; EU-Project COST 817

### **Neuseeland/New Zealand**

Institute for Crop & Food Research, Christchurch  
Dr. R. Pickering  
Aufgabe: Resistenz von Gerste gegen Pilze und Viren  
Projekt: BAZ-2301, BAZ-2302, BAZ 2304; Kooperationsvereinbarung 95.01

Institute for Crop & Food Research, Christchurch  
Dr. D. Teulon  
Aufgabe: Differenzierung von *R. padi*-Genotypen mittels molekularer Marker  
Projekt: BAZ-2334; Kooperationsvereinbarung 99.03

### **Niederlande/The Netherlands**

Agricultural University Wageningen, Dept. of Phytopathology, Wageningen  
Dr. R. Niks  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste  
Projekt: BAZ-2302; EU-Project COST 817

## **Russland/Russia**

All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg  
Dr. O. Afanasenko, Dr. L. Michailowa, Dr. N. Mironenko  
Aufgabe: Resistenz der Gerste gegen Netzfleckenkrankheit und des Weizens gegen Blattdürre  
Projekt: BAZ-2304, BAZ-2335, BAZ-2336; Kooperationsvereinbarung 87/96

N. I. Vavilov All Union Institute of Plant Industry (VIR), Dept. of Genetics, St. Petersburg Pushkin  
Dr. E. Radchenko  
Aufgabe: Resistenz von Gerste und Weizen gegen Aphiden  
Projekt: BAZ-2331; Kooperationsvereinbarung 88/96

## **Tschechische Republik/Czech Republic**

Research Institute for Crop Production, Prag  
Ing. J. Vacke, Ing. J. Sip  
Aufgabe: Resistenz von Getreide gegen Viren  
Projekt: BAZ-2301; Kooperationsvereinbarung 10

Research Institute for Crop Production, Prag  
Dr. P. Bartos, J. Sarova  
Aufgabe: Virulenz von *Puccinia* spp. und Resistenzselektion bei Gerste und Weizen  
Projekt: BAZ-2302, BAZ-2336

## **USA**

Cornell University, Geneva NY  
Prof. Dr. H. Aldwinckle, Dr. J. Norelli  
Aufgabe: Virulenzanalyse bei *Erwinia amylovora*-Stämmen  
Projekt: BAZ-2323; Kooperationsvereinbarung 3/97

**Genbank**  
**Gene Bank**  
**Braunschweig**

## **Partner im Inland/German partners**

### **Bonn**

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI), Informationszentrum Genetische Ressourcen (IGR)  
Dr. F. Begemann und Dr. S. Harrer  
Aufgabe: Daten- und Informationsaustausch  
Projekt: BAZ-8001, BAZ-8002

### **Braunschweig**

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Grünlandwirtschaft  
Dr. G. Mix-Wagner  
Aufgabe: Aufbau und Erhaltung einer Sammlung europäischer Kulturkartoffeln  
Projekt: BAZ-8001, BAZ-8003

### **Einbeck**

Kleinwanzlebener Saatzucht AG Einbeck  
Dr. W. Beyer  
Aufgabe: Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen der Gattung Beta auf Resistenz gegen Rhizoctonia  
Projekt: BAZ-8004

**Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Gatersleben  
Dr. A. Börner  
Aufgabe: Vermehrung pflanzengenetischer Ressourcen bei Beta und Bereitstellung von Informationen und Saatgut  
Projekt: BAZ-8004  
Dr. H. Knüpfner  
Aufgabe: Vermehrung pflanzengenetischer Ressourcen der Gerste und Bereitstellung von Informationen und Saatgut  
Projekt: BAZ-8005  
Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Genbank Außenstelle Nord, Groß Lüsewitz  
Dr. K. Schüler  
Aufgabe: Aufbau einer Sicherheitslagerung der Kartoffel-Genbank  
Projekt: BAZ-8001

**Kiel**

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel  
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. C. Jung  
Aufgabe: GABI-BEET: Genomanalyse der Zuckerrübe, Teilprojekt "Spaltende Populationen"  
Projekt: BAZ-8009

**Leopoldshöhe:**

W. v. Borries-Eckendorf  
Dr. Graf v. d. Schulenburg  
Aufgabe: Sammlung, Vermehrung und Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen diverser Arten  
Projekt: BAZ-8001

**Lippstadt:**

Zuchtstation Asendorf  
Dr. U. Feuerstein  
Aufgabe: Evaluierung und Vermehrung pflanzengenetischer Ressourcen bei Weidegräsern  
Projekt: BAZ-8001

**Nienstädt:**

Saatzucht Dieckmann-Heimburg  
Dr. G. Koch  
Aufgabe: Vermehrung pflanzengenetischer Ressourcen der Beta-Rübe  
Projekt: BAZ-8004

**Obertraubling:**

Saatzucht Bauer GmbH, OT Niedertraubling  
Dr. U. Stephan  
Aufgabe: Sichtung pflanzengenetischer Ressourcen des Kulturhafers  
Projekt: BAZ-8001

**Rausch-Holzhausen:**

Justus-Liebig-Universität Giessen, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Dr. W. Lühs  
Aufgabe: Vermehrung und Charakterisierung pflanzengenetischer Ressourcen von Brassica napu  
Projekt: BAZ-8006

**Stuttgart:**

Landessaatzuchtanstalt Stuttgart  
Dr. C. Kling  
Aufgabe: Evaluierung und Vermehrung genetischer Ressourcen von Triticum sp.  
Projekt: BAZ-8001

## **Söllingen**

Saatzucht Strube

Dr. A. Spanakakis

Aufgabe: Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen bei Weizen

Projekt: BAZ-8001

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **Aserbaidshan/Azerbaijan**

Scientific Research Institute of Agriculture, Baku

Dr. Z. Akbarov

Aufgabe: Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen

Forschungsprojekt: BAZ-8001

### **Frankreich/France**

Florimond Desprez, Capell-en-PévÈle

Dr. B. Desprez

Aufgabe: ECP/GR Beta Arbeitsgruppenleitung; Management pflanzengenetischer Ressourcen

Projekt: BAZ-8004

### **Griechenland/Greece**

National Agricultural Research Foundation, Agricultural Research Center of Makedonia and Thraki

Greek Gene Bank, Thermi of Thessaloniki

Dr. N. Stavropoulos

Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42

Projekt: BAZ-8004

Agricultural University of Athens, Votanikos

Dr. A. Katsiotis

Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 106

Projekt: BAZ-8008

### **Großbritannien/Great Britain**

IARC-Broom's Barn, Bury St. Edmunds

Dr. M. Asher

Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42

Projekt: BAZ-8004

Horticulture Research International, Wellesbourne, Warwick

Dr. D. Astley

Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 105

Projekt: BAZ-1152

University of Birmingham, Birmingham

Dr. B.V. Ford-Lloyd

Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42

Forschungsprojekt: BAZ-8004

### **Italien/Italy**

Societa Produttori Sementi Bologna, Bologna

Dr. E. De Ambrogio

Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42

Projekt: BAZ-8004

Istituto Sperimentale per le Colture Industriali, Rovigo

Dr. G. Mandolino

Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42

Projekt: BAZ-8004

### **Kanada/Canada**

Saskatoon Research Centre, Saskatoon  
Dr. A. Diederichsen  
Aufgabe: Development of an International *Avena* Database (IADB)  
Projekt: BAZ-8008

### **Niederlande/The Netherlands**

Plant Research International, Wageningen  
Dr. H. Löffler  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42  
Projekt: BAZ-8004

Plant Research International - Centre for Genetic Resources the Netherlands, Wageningen  
Dr. B. Visser  
Aufgabe: Deutsch-niederländische Zusammenarbeit bei pflanzengenetischen Ressourcen  
Projekt: BAZ-8001

Plant Research International - Centre for Genetic Resources the Netherlands, Wageningen  
Ir. L. van Soest  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 109/112  
Projekt: BAZ-8006

### **Russland/Russia**

N. I. Vavilov All Union Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg, Pushkin  
Prof. V.I. Burenin  
Aufgabe: Sammlung pflanzengenetischer Ressourcen  
Projekt: BAZ-8004

Dr. I. Loskutov  
Aufgabe: Weiterentwicklung der Europäischen *Avena* Datenbank (EADB)  
Projekt: BAZ-8002

### **Schweden/Sweden**

Nordic Gene Bank, Alnarp  
Dr. G. Poulsen  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT99 109/112  
Projekt: BAZ-8006

Novartis Seeds, Landskrona  
Prof. B. Bentzer  
Aufgabe: EU Projekt GENRES CT95 42  
Forschungsprojekt: BAZ-8004

### **Türkei/Turkey**

Aegean Agricultural Research Institute, Izmir, Menemen  
Dr. A. Tan  
Aufgabe: Development of an International Beta Core Collection  
Projekt: BAZ-8004

### **USA**

USDA/ARS, Crop Research Lab, Fort Collins  
Dr. L. Panella  
Aufgabe: Development of a joint core collection for plant genetic resources (PGR) of the genus *Beta* for the World *Beta* Network (WBN)  
Projekt: BAZ-8004; Kooperationsvereinbarung 09/98



Institut für Obstzüchtung  
Institute of Fruit Breeding  
Dresden

Partner im Inland/German partners

**Ahrweiler**

Lehr- und Versuchsanstalt  
Herr Baab, Herr Balmer, Herr Zimmer  
Aufgabe: Prüfung von Apfel- und Süßkirschklonen auf Sorteneigenschaften  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4102, BAZ-4121

**Auweiler**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau  
L. Linnemann-Stöns  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

**Berlin**

Humboldt-Universität, Institut für Baumschule und Vermehrung  
Prof. Dr. Jesch  
Aufgabe: Prüfung von Sorten-/Wildartenhybriden für Zierzwecke  
Projekt: BAZ-4101  
Aufgabe: Prüfung einer DH-Linie von Apfel für Zierzwecke  
Projekt: BAZ-4124

**Dresden**

Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich Gartenbau- und Landespflege  
Dr. W.-D. Wackwitz, Dr. C. Wilcke, Dr. M. Handschack  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101  
Aufgabe: Leistungsprüfung an DH-Linien von Apfel  
Projekt: BAZ-4124  
G. Großmann  
Aufgabe: Sortenprüfungen bei Kirsche  
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121  
Dr. G. Krieghoff  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Erdbeere  
Projekt: BAZ-4103  
Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Fachbereich Integrierter Pflanzenschutz  
Dr. C. Gebhart, Dr. W. Wiedemann  
Aufgabe: Virustestung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101  
Dr. W. Wiedemann  
Aufgabe: Virustestung - Virusfreimachung bei Kirsche  
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

**Erfurt**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau  
M. Möhler  
Aufgabe: Prüfung von Kirschklonen  
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121  
Aufgabe: Leistungsprüfung von Apfel-Zuchtstämmen  
Projekt: BAZ-4101

### **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben, Genbank Obst Dresden-Pillnitz  
Prof. Dr. Fischer, Dr. Geibel  
Aufgabe: Evaluierung Kultur- und Wildsortimente, Ausgangsmaterial für Züchtung und Resistenzgenetik bei Apfel und Kirsche  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4102, BAZ-4121  
Aufgabe: Entwicklung von DNA-Markern für Schorf- und Mehlttauresistenzgene in Apfel  
Projekt: BAZ-4133

### **Geisenheim**

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Obstbau  
Prof. Dr. H. Jacob  
Aufgabe: Resistenzprüfung auf Triebssucht bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Großhansdorf**

BFA für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung  
Herr Schüler  
Aufgabe: Mikrosatellitenentwicklung bei Süßkirschen  
Projekt: BAZ-4121  
Dr. M. Fladung  
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel  
Projekt: BAZ-4105

### **Hannover**

Bundessortenamt  
Dr. E. Schulte  
Aufgabe: Sortenschutzprüfungen bei Apfel- und Kirschenzuchtstämmen  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4102

### **Jork**

Lehr- und Versuchsanstalt  
Dr. Stehr  
Aufgabe: Prüfung von Apfel- und Kirschklonen auf Sorteneigenschaften  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4102, BAZ-4121

### **Köln**

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung  
Dr. H. Sommer  
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel  
Projekt: BAZ-4105

### **Ladenburg**

Max Planck Institut für Zellbiologie  
Prof. Dr. Geider  
Aufgabe: Gentransfer bei Apfel  
Projekt: BAZ-4129

### **Magdeburg**

Landespflanzenschutzamt Sachsen-Anhalt  
Dr. D. Beyme  
Aufgabe: Virusfreier Reiserschnittgarten bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Müncheberg**

Landesanstalt für Gartenbau, Abteilung Obstbau  
Herr Schwärzel  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101  
Aufgabe: Prüfung von Kirschklonen  
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

### **München**

Technische Universität; Institut für Landwirtschaftlichen und Gärtnerischen Pflanzenbau  
Dr. D. Treutter  
Aufgabe: Schorfresistenz bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Neustadt/W.**

Landes- Lehr- und -Forschungsanstalt  
W. Ollig  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Oppenheim**

Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau  
Herr Köhler, Herr Hilsendegen  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel und Kirsche  
Projekt: BAZ-4101, BAZ-4102, BAZ-4121

### **Osnabrück**

Fachhochschule  
Prof. Dr. W. Dierend  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Quedlinburg**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau und Technik  
Dr. E. Roth  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Rostock**

Universität Rostock, Lehr- und Versuchsanstalt für Obst- und Gemüsebau  
Dr. F. Höhne  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Stuttgart**

Universität Hohenheim  
Dr. W. Hartmann, Versuchsstation Bavendorf - Dr. U. Mayr, Dr. J. Streiff  
Aufgabe: Sortenprüfungen, Lagereignung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Veitshöchheim**

Bayerische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau  
Herr Siegler  
Aufgabe: Prüfung von Sauerkirschklonen  
Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121  
Aufgabe: Sortenprüfung bei Apfel  
Projekt: BAZ-4101

### **Weinsberg**

Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau  
Dr. Hill, Dr. Rueß, Herr Möller  
Aufgabe: Prüfung von Apfel- und Kirschklonen auf Sorteneigenschaften  
Projekt: BAZ-4101, BAZ 4102, BAZ-4121

### **Würzburg**

Universität Würzburg, Lehrstuhl für Pharmazeutische Biologie  
Prof. Dr. Th. Roitzsch  
Aufgabe: Prüfung von Gen-Konstrukten für Transformation bei Apfel  
Projekt: BAZ-4105

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **Belgien/Belgium**

CRA, Gembloux  
Ing. M. Lateur  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

### **China**

Institute of Pomology, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Xingcheng, Liaoning  
Prof. G.R. Xue  
Aufgabe: Haploidenerzeugung beim Apfel  
Projekt: BAZ-4124, BAZ-4125, Kooperationsvereinbarung 9  
Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling  
Dr. J. Yang, Dr. L. Baodu  
Aufgabe: SMADIA  
Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001  
Lai-Yang Agricultural College, Lai-Yang  
Dr. H. Zhao  
Aufgabe: SMADIA  
Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

### **Frankreich/France**

INRA, Institut für Obst- und Zierpflanzenzüchtung, Angers  
Dr. Y. Lespinasse, Dr. E. Chevreau  
Aufgabe: Untersuchung von Wirt-Pathogen-Interaktionen beim Apfel, Apfelgenomkartierung  
Projekt: BAZ-4101  
Aufgabe: Haploidenerzeugung beim Apfel  
Projekt: BAZ-4124, BAZ-4125  
Aufgabe: *Agrobacterium*-vermittelter Gentransfer bei Obst  
Projekt: BAZ-4129  
Dr. Y. Lespinasse, F. Laurens, Ch.-E. Durel  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898  
INRA, Institut für Phytopathologie und Phytobakteriologie, Angers  
Dr. J. Paulin, Dr. L. Parisi  
Aufgabe: Virulenzanalyse und Resistenzprüfung bei Kernobst  
Projekt: BAZ-4101  
Les Naturianes, SARL, Lyon  
E. Grillet  
Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel  
Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

**Griechenland/Greece**

NAGREF, Naoussa

Dr. A. Manganaris

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

**Großbritannien/Great Britain**

HRI East Malling, East Malling

Dr. K. Evans

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

Dr. K. Tobutt, Dr. R. Boskovic

Aufgabe: S-Allele bei Süß- und Sauerkirschen

Projekt: BAZ-4102, BAZ-4121

Dr. X. Xue

Aufgabe: SMADIA

Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

**Indien/India**

University of Horticulture and Forestry, Solan

Dr. V. S. Thakur

Aufgabe: SMADIA

Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

**Italien/Italy**

Universität Bologna, Bologna

Dr. S. Tartarini, Prof. S. Sansavini

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

**Jugoslawien/Yugoslavia**

ARI Serbia Fruit and Grape Research Centre Cacak, Cacak

R. Cerovic

Aufgabe: Sauerkirschenzüchtung

Projekt: BAZ-4102

**Niederlande/The Netherlands**

PRI Wageningen, Wageningen

H. J. Schouten, Dr. De Nijs

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

FPO-PFW Proefstation voor de Fruitteelt Wilhelminadorp, Wilhelminadorp

Dr. H. Kemp

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

**Österreich/Austria**

Universität Wien, Biozentrum, Institut für Mikrobiologie und Genetik, Wien

Prof. Dr. E. Heberle-Bors

Aufgabe: Mikrosporenkultur bei Apfel

Projekt: BAZ-4125

### **Schweiz/Switzerland**

Eidgenössische Forschungsanstalt für Obst-, Wein- und Gartenbau Wädenswil, Wädenswil

Dr. M. Kellerhals

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

Eidgenössische Technische Hochschule Zürich, Zürich

Dr. C. Gessler

Aufgabe: Dauerhafte Krankheitsresistenz beim Apfel

Projekt: BAZ-4101, EU-Projekt PL 97-3898

### **Spanien/Spain**

Centro de Investigacion Forestal, Madrid

Dr. M. A. Bueno

Aufgabe: Haploidenerzeugung beim Apfel

Projekt: BAZ- 4125, Kooperationsvereinbarung 18/99

### **Tschechische Republik/Czech Republic**

Research Institute for Fruit Breeding, Holovousy

Dr. J. Blazek, Dr. J. Blazkova

Aufgabe: Züchtung neuer Sorten bei Kern- und Steinobst

Projekt: BAZ-4101, BAZ-4121, Kooperationsvereinbarung 4/96, 5/96

### **Ungarn/Hungary**

Research Institute for Fruitgrowing and Ornamentals, Budapest

Dr. J. Apostol, G. Bujdosó

Aufgabe: Resistenzzüchtung bei Sauerkirschen gegen *Blumeriella jaapii* und *Monilinia laxa* - Pilzkrankheiten

Projekt: BAZ-4102, Kooperationsvereinbarung 3/00

Hungarian Academy of Sciences, Budapest

Dr. L. Kiss

Aufgabe: SMADIA

Projekt: BAZ-4109, EU-Projekt ICA4-CT-2001-1001

### **USA**

Cornell University, Geneva NY

Prof. Dr. H.S. Aldwinckle, Prof. Dr. S.K. Brown, Prof. Dr. Forsline

Aufgabe: Züchtung von schorf- und feuerbrandresistenten Apfelsorten

Projekt: BAZ-4101, Kooperationsvereinbarung 3/97

Prof. Dr. H.S. Aldwinckle

Aufgabe: *Agrobacterium*-vermittelter Gentransfer bei Obst

Projekt: BAZ-4129, Kooperationsvereinbarung 16/96

Michigan State University, Dept. Horticulture, Lansing

Prof. Dr. A. Iezzoni

Aufgabe: Resistenzzüchtung bei Sauerkirschen

Projekt: BAZ-4102

Washington State University, Prosser

Dr. G. Lang

Aufgabe: Süßkirschenzüchtung

Projekt: BAZ-4108, BAZ-4121

Institut für landwirtschaftliche Kulturen  
Institute of Agricultural Crops  
Groß Lüsewitz

Partner im Inland/German partners

**Aachen**

Rheinisch-Westfälische-Technische Hochschule, Institut für Biologie  
Prof. Dr. F. Kreuzaler, Dr. R. Fischer, Dr. Yu-Cai Liao  
Aufgabe: Bereitstellung von Konstrukten für die Transformation von Raps  
Prof. Dr. M. Frentzen, Dr. D. Weier  
Aufgabe: Bereitstellung von Konstrukten für die Transformation von Raps  
Projekt: BAZ-3150

Institut für Fluidtechnische Antriebssysteme (IFFAS) der RWTH Aachen  
Ing. M. Werner  
Aufgabe: Prüfung der technischen Eignung von Ölen aus transgenem Raps  
Projekt: BAZ-3121

**Alzenau**

Dr. Frische GmbH  
Dr. Frische/ Dr. Seemann  
Aufgabe: Gewinnung und Aufbereitung von Öl aus Ölsaaten  
Projekt: BAZ-3121

**Aspachhof, Uffenheim**

Saatgutgesellschaft Streng's Erben GmbH & Co. KG  
P. Greif  
Aufgabe: Freiland-Resistenztest gegen den Gerstengelmosaikviruskomplex bei der Gerste  
Projekt: BAZ-3115, BAZ-3139

**Bad Schönborn**

HYBRO Saatzucht GmbH & Co. KG  
Dr. H. Wortmann  
Aufgabe: Bereitstellung von Kartierungspopulationen für die SSR-Entwicklung bei Roggen  
Projekt: BAZ-3136, GABI-12289B

**Bergen-Wohlde**

Lochow-Petkus GmbH  
Dr. P. Wilde  
Aufgabe: Bereitstellung von Kartierungspopulationen für die SSR-Kartierung bei Roggen  
Projekt: BAZ-3136, GABI-12289B  
Dr. B. Schinkel  
Aufgabe: Prüfung relevanter Merkmale von Genbankherkünften bei Triticale  
Projekt: BAZ-3119

**Bonn**

Union zur Förderung von Öl- und Proteinpflanzen e. V. (UFOP)  
Prof. Dr. G. Röbbelen  
Aufgabe: Evaluierung transgener Rapsölqualitäten auf Verarbeitungs- und nutritive Eigenschaften  
Projekt: BAZ-3121

## **Braunschweig**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit

Dr. B. Schöber-Butin

Aufgabe: Bereitstellung definierter *Phytophthora*-Pathotypen, Prüfung älterer Kartoffelklone auf Braunfäuleresistenz

Projekt: BAZ-3114, BAZ-3125, BAZ-3133

Dr. F. Niepold

Aufgabe: Prüfung von Kartoffeln auf Resistenz der Knollen gegenüber *Erwinia* und *Fusarium*

Projekt: BAZ-3130

Dr. U. Heimbach, Dr. F. Niepold

Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegenüber Viren

Projekt: BAZ-3128

FAL, Institut für Tierernährung

Prof. Dr. G. Flachowsky

Aufgabe: Ernährungsphysiologische Bewertung von myristin- und palmitinsäurereicher Rapssaat

Projekt: BAZ-3121

## **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Malchow

E. Willner

Aufgabe: Evaluierung und Nutzung von Ökotypen der Genbank

Projekt: BAZ-3110, BAZ-3132

Dr. F. Matzk

Aufgabe: Vererbungsanalyse der Kronenrostresistenz bei Gräserbastarden

Projekt: BAZ-3110

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Genbank Außenstelle Nord, Groß Lüsewitz

Dr. K. Schüler

Aufgabe: Prüfung und Nutzung von Material der Kartoffel-Genbank

Projekt: BAZ-3114, BAZ-3130

## **Gießen**

Justus-Liebig-Universität

Prof. Dr. W. Friedt, Dr. W. Lühs

Aufgabe: Informations- und Materialaustausch

Projekt: BAZ-3150

## **Grabau**

Pflanzenzucht SAKA G.b.R.

Dr. G. Wahle

Aufgabe: Prüfung relevanter Merkmale von Genbankherkünften bei Triticale

Projekt: BAZ-3119

## **Granskewitz**

Nordsaat Saatzucht GmbH

Dr. St. Beuch

Aufgabe: Prüfung der Resistenz und agronomischen Leistungsfähigkeit von Haferzuchtstämmen

Projekt: BAZ-3118



## **Göttingen**

Georg-August-Universität Göttingen, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. G. Röbbelen  
Aufgabe: Evaluierung transgener Rapsölqualitäten auf Verarbeitungs- und nutritive Eigenschaften  
Projekt: BAZ-3121  
Prof. Dr. G. Röbbelen  
Aufgabe: Verwendung von transgenem Raps mit dem Acyl-[ACP] Thioesterasegen ClFatB4 aus *Cuphea lanceolata*  
Projekt: BAZ-3121  
Institut für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz  
Prof. Dr. A. v. Tiedemann  
Aufgabe: Zytologische Charakterisierung von Braunrostresistenzgenen bei Roggen  
Projekt: BAZ-3122, BAZ-3140

## **Halle**

Martin Luther Universität Halle-Wittenberg; Agrarwissenschaftliche Fakultät; Institut für Ernährungswissenschaften  
Prof. Dr. K. Eder  
Aufgabe: Fütterungsversuch u.a. mit Öl von transgenem Raps an Goldhamstern als Modelltiere  
Projekt: BAZ-3121

## **Hamburg**

Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik  
Prof. Dr. E. Heinz, P. Spiekermann  
Aufgabe: Bereitstellung von Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3150

## **Hannover**

Universität Hannover, Institut für Zierpflanzenbau, Baumschule und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. G. Wricke  
Aufgabe: Untersuchungen zur Selbstinkompatibilität bei Roggen  
Projekt: BAZ-3111, BAZ-3116

## **Hohenlieth**

Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG  
D. Brauer, Dr. M. Frauen, Dr. G. Leckband, A. Zurborg  
Aufgabe: Prüfung transgener Rapspflanzen mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3150

## **Kleinmachnow**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz im Gartenbau  
Dr. H. Stachewicz  
Aufgabe: Prüfung von Zuchtmaterial auf Krebsresistenz  
Projekt: BAZ-3130, BAZ-3114  
Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland  
Dr. K. Flath  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch im Bereich Braunrost bei Roggen  
Aufgabe: Mehltresistenztests bei Gerste  
Projekt: BAZ-3122, BAZ-3140, BAZ-3134

## **Köln**

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung  
Dr. Ch. Gebhardt  
Aufgabe: QTL- Marker für *Phytophthora*- Resistenz  
Projekt: BAZ-3114

**Langenstein**

Nordsaat Saat-zucht-gesellschaft mbH, Saat-zucht Langenstein  
Dr. R. Schachsneider  
Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegen Rostkrankheiten von Genbankherkünften bei Triticale  
Projekt: BAZ-3119

**Lippstadt**

Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH (DSV), Zuchtstation Thüle-Salz-kotten  
H. Busch, L. Lehmann  
Aufgabe: Prüfung transgener Raps-pflanzen mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3150

**Malchow/Poel**

Norddeutsche Pflanzenzucht, Hans-Georg Lembke KG  
Dr. W. Paulmann  
Aufgabe: Prüfung transgener Raps-pflanzen mit selektierten Konstrukten für die Entwicklung neuer Ölqualitäten  
Projekt: BAZ-3150, BAZ-3123  
W. Luesink  
Aufgabe: Untersuchungen zur Umweltvarianz der Kronenrostresistenz  
Projekt: BAZ-3106  
Dr. M. Frauen, I. Gaue, Dr. G. Leckband  
Aufgabe: Bonitur der männlichen Sterilität bei *Lolium perenne*  
Projekt: BAZ-3138

**Niedertraubling**

Saat-zucht Bauer  
Dr. U. Stephan  
Aufgabe: Prüfung der Resistenz und agronomischen Leistungsfähigkeit von Hafer-zuchtstämmen  
Projekt: BAZ-3118

**Oldenburg**

Universität Oldenburg, Fachbereich Biologie  
Prof. Dr. W. Wackernagel  
Aufgabe: Sicherheitsforschung zur Freisetzung transgener T4-Lysozym-Kartoffeln  
Projekt: BAZ-3135

**Rostock**

Universität Rostock, Agrar- und Umweltwissenschaftliche Fakultät, Institut für Phytomedizin  
Prof. Dr. A. v. Tiedemann  
Aufgabe: Zytologische Charakterisierung von Braunrostresistenzgenen bei Roggen  
Projekt: BAZ-3122, BAZ-3140  
Institut für Bodenkunde  
PD Dr. I. Broer, Dr. K. Neumann  
Aufgabe: Bereitstellung von Genkonstrukten zur Erzeugung markerfreier Pflanzen  
Projekt: BMBF  
BIOMATH GmbH  
K. Schmidt  
Aufgabe: Sicherheitsforschung zur Freisetzung transgener T4-Lysozym-Kartoffeln  
Projekt: BAZ-3135  
Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern, Institut für Pflanzenbau  
Dr. M. Klaus, Dr. Th. Troegel  
Aufgabe: Bereitstellung von *Crambe*-Genotypen für die somatische Hybridisierung  
Projekt: BAZ-3132

## **Sagerheide**

BTL Bio-Test Labor  
Dr. Th. Thieme  
Aufgabe: Virusübertragung durch Blattläuse  
Projekt: BAZ-3128

## **Stuttgart-Hohenheim**

Universität Hohenheim; Landessaatzuchtanstalt  
Prof. Dr. H. H. Geiger, Dr. Th. Miedaner  
Aufgabe: Rekurrente Selektionsprogramme zur Verbesserung der Perennierungsfähigkeit bei Roggen  
Projekt: BAZ-3129  
Dr. G. Oettler  
Aufgabe: Prüfung der Resistenz gegen Ähren-Fusarium von Genbankherkünften bei Triticale  
Projekt: BAZ-3119

## **Tübingen**

Universität Tübingen, Institut für Chemische Pflanzenphysiologie  
Dr. L. Schilde-Rentschler  
Aufgabe: Protoplastenfusion und -regeneration  
Projekt: BAZ-3114

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **China**

Agrobiotechnology Institute of Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu  
Prof. Dr. Chao-xi Dai  
Aufgabe: Nutzung biotechnologischer Methoden im Kartoffelanbau  
Projekt: BAZ-3128, Kooperationsvereinbarung 13

Northwest Agricultural University, Yangling, Shaanxi  
Prof. Dr. Huigan Zhao  
Aufgabe: Nutzung biotechnologischer Methoden im Kartoffelanbau  
Projekt: BAZ-3128, Kooperationsvereinbarung 13

Northwest Agricultural University, Yangling, Shaanxi  
Dr. Zhensheng Kang, Dr. Lili Huang  
Aufgabe: Untersuchungen zum Infektionsverhalten von relevanten Pathogenen (*Phytophthora infestans*, Virose) bei der Kartoffel  
Projekt: Kooperationsvereinbarung Nr. 3

### **Finnland/Finland**

Boreal Plant Breeding, Jokioinen  
Dr. E. A.J. Nissilä  
Aufgabe: Entwicklung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen  
Projekt: BAZ-3136

### **Frankreich/France**

Florimond Desprez, Amélioration des Plantes, Capelle-en-PévÈle  
Ph. Lonnet  
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments  
Projekt: BAZ-3147

Institut National de la Recherche Agronomique, Clermont-Ferrand-Cedex  
A. Bouguennec und L. Jestin  
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments  
Projekt: BAZ-3147

### **Großbritannien/Great Britain**

Institute of Grassland and Environmental Research, Aberystwyth  
H. Roderick  
Aufgabe: Identifizierung physiologischer Rassen des Kronenrostes  
Projekt: BAZ-3106

**Indien/India**

Central Potato Research Institute, Shimla  
Dr. J. Gopal  
Aufgabe: Vererbung der Krautfäuleresistenz der Kartoffel  
Projekt: BAZ-3114

**Kanada/Canada**

Agriculture and Agri-Food Canada, Potato Research Centre, Fredericton  
Dr. G. Tai  
Aufgabe: Erstellung und Austausch von Basismaterial mit Produktqualität und hohem Stärkegehalt in Form von 24-chromosomigen Kartoffeln  
Projekt: BAZ-3130, Kooperationsvereinbarung 11/93

**Neuseeland/New Zealand**

Crop & Food Research, Christchurch  
Dr. R. Pickering  
Aufgabe: Charakterisierung von Virusresistenzgenen gegenüber dem Gelbmosaikviruskomplex mit Hilfe von molekularen Markern  
Projekt: BAZ-3115; Kooperationsvereinbarung 93.07  
Dr. R. Pickering  
Aufgabe: Charakterisierung von Resistenzgenen gegen Zwergrost, Mehltau und Gelbverzwergungsvirus mit Hilfe molekularer Marker  
Projekt: BAZ-3134

**Niederlande/The Netherlands**

Svalöf Weibull B.V. Postbus 235, Emmeloord  
L. W. Suijs  
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments  
Projekt: BAZ-3147

**Polen/Poland**

Danko Hodowla Roúlin, Choryń  
Frau L. Brykczynska und Z. Banaszak  
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments  
Projekt: BAZ-3147  
Institute of Plant Breeding and Seed Production, Lublin  
Frau W. Kociuba  
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments  
Projekt: BAZ-3147  
Plant Breeding „Danko“, Warka  
Prof. T. Wolski  
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments  
Projekt: BAZ-3147

**Portugal**

Estação Nacional de Melhoramento de Plantas, Elvas Codex  
M. Benvindo  
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments  
Projekt: BAZ-3147

**Rumänien/Romania**

Babes Bolyai University, Cluj-Napoca  
Dr. I. Rakosy-Tican  
Aufgabe: Erzeugung von interspezifischen somatischen Hybriden der Kartoffel  
Projekt: BAZ-3128  
Research Institute for Cereal and Industrial Crops, Fundulea  
G. Ittu  
Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments  
Projekt: BAZ-3147

### **Russland/Russia**

N.I. Vavilov All Union Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg

Frau Dr. O. V. Solodukhina

Aufgabe: Genetische Analyse von Braunrostresistenz bei Roggen

Projekt: BAZ-3122, BAZ-3140

N.I. Vavilov All Union Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg

Frau Dr. T. Gavrilenko

Aufgabe: Zytogenetische Analysen an somatischen Hybriden der Kartoffel

Frau O. Antonova

Aufgabe: Charakterisierung von interspezifischen somatischen Hybriden der Kartoffel

Projekt: Kooperationsvereinbarung Nr. 50

St. Petersburg State University, Dept. of Genetics, St. Petersburg

Dr. A. V. Voylovkov

Aufgabe: Genetische Analyse der gametophytischen 2-Faktor-Inkompabilität bei Roggen

Projekt: BAZ-3111, BAZ-3137

### **Schweden/Sweden**

Svalöf Weibull AB, Svalöf

Frau Dr. E. Gunnarsson, Frau Dr. St. Tuvevsson

Aufgabe: Entwicklung von Mikrosatellitenmarkern bei Roggen

Projekt: BAZ-3136

### **Schweiz/Switzerland**

Swiss Federal Research Station for Plant Production (RAC) Nyon

D. Fossati

Aufgabe: Selektion in Triticalepopulationen im Rahmen des EUCARPIA-Triticale-Selektionsexperiments

Projekt: BAZ-3147

## **Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität** **Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials** Groß Lüsewitz

### **Partner im Inland/German partners**

#### **Bergholz-Rehbrücke**

Deutsches Institut für Ernährungsforschung

Dr. G. Dongowski

Aufgabe: Entwicklung eines Verfahrens zur Herstellung gesundheitsfördernder Produkte auf der Basis neuer Gerstenformen - Physiologische Wirkungen der  $\beta$ -Glucane und der resistenten Stärke  
BAZ-3338

Prof. Dr. G. Jacobasch

Aufgabe: Funktionelle Lebensmittel auf der Basis von Kohlenhydratpolymeren mit prä- und probiotischer Wirkung

BAZ-3335

#### **Berlin**

Dr. Scholvien GmbH & Co, Essenzenfabrik Berlin

Dr. C. Christiansen

Aufgabe: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Projekt: BAZ-3342

#### **Böhnshausen**

Nordsaat Zuchtstation Gudow-Segrahn

Dr. E. Laubach

Aufgabe: Frostresistenz und Winterhärte von in vitro selektierten Wintergerstenlinien

Projekt: BAZ-3337

### **Eberswalde**

Landesanstalt für Großschutzgebiete Eberswalde

R. Vögel

Aufgabe: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Projekt: BAZ-3342

### **Ebstorf**

Bioplant GmbH

Dr. C. Zanke

Aufgabe: Untersuchung des Einflusses des genetischen Hintergrunds auf die durch eine Erwinia Pektatlyase induzierte Resistenz in transgenen Kartoffeln unterschiedlicher Sorten

Projekt: BAZ-3339

### **Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Genbank Außenstelle Nord, Groß Lüsewitz

Dr. K. Schüler

Aufgabe: Veränderung der Stickstofffraktionen in verschiedenen Teilen der Kartoffelpflanze unter Einwirkung von Trockenstreß

Projekt: BAZ-3336

Dr. K. Schüler

Aufgabe: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Projekt: BAZ-3342

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

Dr. H. Knüpper

Aufgabe: Morphologische und genetische Evaluierung des Getreides

Projekt: BAZ-3341

### **Grabau**

Pflanzenzucht SAKA G.b.R

Dr. G. Wahle

Aufgabe: Analyse der Futterqualität von Triticalesorten und -stämmen

Projekt: BAZ-3340

### **Groß Lüsewitz**

NORIKA GmbH Groß Lüsewitz

Dr. H. Junghans

Aufgabe: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Projekt: BAZ-3342

### **Halle**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz

Prof. W. E. Weber

Aufgabe: Entwicklung eines Industrieroggens bei besonderer Berücksichtigung der Hellkörnigkeit (FKZ 3087/A/0029B)

Projekt: BAZ-3341

### **Hamburg**

Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik

Prof. Dr. K. Dörffling, Dr. H. Tantau

Aufgabe: Frostresistenz und Winterhärte von in vitro selektierten Wintergerstenlinien

Projekt: BAZ-3337

**Lenzen**

Elbländische Pflanzgarten GmbH Lenzen

Herr Jakobs

Aufgabe: Evaluierung von landwirtschaftlichen Kulturpflanzen hinsichtlich ihres Potentials an verwertbaren natürlichen Farbstoffen

Projekt: BAZ-3342

**Rostock**

Universität Rostock, Fachbereich Physik

Prof. Dr. C. Schick

Aufgabe: DSC- und spektroskopische Untersuchungen an Stärke

Projekt: BAZ-3338

**Stuttgart-Hohenheim**

Universität Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt

Dr. E. Bauer

Aufgabe: Molekulare, genetische und biochemische Analyse zum Auswuchsverhalten von Triticale

Projekt: BAZ-3340

**Partner im Ausland/Foreign partners****Dänemark/Denmark**

Carlsberg Research Center, Copenhagen

Dr. O. Olsen

Aufgabe: Induktion von Abwehrmechanismen in transgenen Pflanzen zwecks Veränderung der Zellwandstruktur und zur Anhebung des Resistenzniveaus

Projekt: BAZ-3332

**Indien/India**

CCS Haryana Agricultural University, Department of Plant Breeding, Hisar

Prof. Dr. R. K. Behl

Aufgabe: Characterization of wheat genotypes using proximate analyses, protein and molecular markers for end-use quality

Projekt: BAZ-3341

**Rumänien/Romania**

Research Institute for Cereal and Industrial Crops, Fundulea

Dr. E. Petcu

Aufgabe: Evaluierung von Wintergerstenlinien auf Frosttoleranz

Projekt: BAZ-3337, AiF 11614B/2

**Russland/Russia**

N.I.Vavilov All Union-Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg

Dr. A. Filatenko

Aufgabe: Morphologische und genetische Evaluierung des Getreides

Projekt: BAZ-3329, Kooperationsvereinbarung 62

**Tschechische Republik/Czech Republic**

Research Institute of Crop Production, Prag

Dr. I. Pr-sil

Aufgabe: Evaluierung von Wintergerstenlinien auf Frosttoleranz

Projekt: BAZ-3337, AiF 11614B/2

Institut für gartenbauliche Kulturen  
Institute of Horticultural Crops  
Quedlinburg

Partner im Inland/German partners

**Aschersleben**

Majoranwerk Aschersleben GmbH

J. Overkamp

Aufgabe: Betreuung und Auswertung der Demonstrationsexperimente mit Fenchel in der Agrargenossenschaft Hedersleben, Erarbeitung einer technologischen Musterkarte für den Anbau von kleinfrüchtigem Fenchel als NAN der BAZ

Projekt: Kultusministerium ST: FKZ 3271A/0020Lv

**Bernburg**

Lehr- und Versuchsanstalt für Acker- und Pflanzenbau Sachsen-Anhalt

Frau I. Reichardt

Aufgabe: Kleinparzellenversuch zur Standraumoptimierung von Arzneifenchel als NAN der BAZ

Projekt: Kultusministerium ST: FKZ 3271A/0020Lv

**Bonn**

Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität, Institut für Landwirtschaftliche Botanik

Dr. B. M. Mösel

Aufgabe: Evaluierung von Wildpopulationen des Wiesenkümmels (*Carum carvi* L.)

Projekt: BAZ-1155

Forschungsgemeinschaft der Arzneimittelhersteller e.V.

Dr. E. Kroth

Aufgabe: Inhaltsstoffanalysen an Johanniskraut-Proben im Forschungsverbund mit der BAZ

Projekt: FNR: FKZ 00NR026

**Erfurt**

N. L. Chrestensen Samenzucht und Produktion GmbH

Dr. W. D. Blüthner

Aufgabe: Experimentalkreuzungen mit Johanniskraut im Forschungsverbund mit der BAZ.

Bereitstellung von Linien und Sporensuspension für den Resistenztest durch die BAZ.

Projekt: FNR: FKZ 00NR026

**Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

Dr. A. Börner

Aufgabe: Bereitstellung von Saatgutproben, Bereitstellung von Bestäubungsinsekten

Projekt: BAZ 1139

Dr. F. Matzk

Aufgabe: Bestimmung des Reproduktionstypes von Johanniskraut als NAN der BAZ

Projekt: FNR: FKZ 00NR026

Dr. A. Börner

Aufgabe: Evaluierung von *Daucus* Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105

Projekt: BAZ-1152

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Gatersleben

E. Willner, Dr. Knüpffer

Aufgabe: Materialbereitstellung für *Alternaria*-Resistenzevaluierungen

Projekt: BAZ-1142



**Halle**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Agrarökologisches Institut e.V.

Dr. G Müller

Aufgabe: Einarbeitung in molekular-cytogenetische Methoden der „Genomischen-in-situ-Hybridisierung“ zum Nachweis von Fremdintgressionen

Projekt: Europäischer Sozialfond Fördermaßnahme

**Hedersleben**

Agrargenossenschaft Hedersleben e.G.

L. Trautmann

Aufgabe: Durchführung des Demonstrationsexperimentes mit Arzneifenchel als NAN der BAZ

Projekt: Kultusministerium ST: FKZ 3271A/0020LV

**Heidelberg**

Julius Wagner GmbH

A. Schieder

Aufgabe: Informations- und Materialaustausch

Projekt: BAZ-1147

**Kleinmachnow**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz im Gartenbau

Dr. U. Gärber

Aufgabe: Entwicklung von Testmethoden zur Bestimmung der Resistenz von Johanniskraut gegenüber *Colletotrichum gloeosporioides* im Forschungsverbund mit der BAZ

Projekt: FNR: FKZ 00NR026

**Lundsgaard**

P.H. Petersen Saatzucht Lundsgaard

Frau Schlathölter

Aufgabe: Informations- und Materialaustausch

Projekt: BAZ-1143

**Lüneburg**

Carl Sperling GmbH & Co.

M. Rauber

Aufgabe: Informations- und Materialaustausch

Projekt: BAZ-1147

**Malchow**

Genbank IPK Außenstelle Malchow

Frau E. Willner

Aufgabe: Informations- und Materialaustausch

Projekt: BAZ-1142

**Marne**

Marner GZG Saaten AG

Dr. H. Löptien

Aufgabe: TuMV-Resistenz in Kohl

Projekt: BAZ-1156

**Wernigerode**

Pharma Wernigerode

Dr. H. Burckhardt, H. Tischer

Aufgabe: Analyse unterschiedlicher Alkaloide in Sorten- und Linienmaterial von *Papaver somniferum* L.

Projekt: BAZ-1144

## Partner im Ausland/Foreign partners

### China

Beijing Vegetable Research Centre, Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing  
Jian Yuancai  
Aufgabe: Molekularbiologie von Resistenz bei Gemüse  
Projekt: BAZ-1143, Kooperationsvereinbarung 14

### Frankreich/France

Institut National d'Horticulture, Angers  
Dr. M. Briard  
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105  
Projekt: BAZ-1152

### Griechenland/Greece

Agricultural Research Centre of Makedonia and Thraki, Greek Gene Bank, Thessaloniki  
Dr. S. Samaras  
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105  
Projekt: BAZ-1152

### Großbritannien/Great Britain

Horticulture Research International, Wellesbourne  
C. Jenner  
Aufgabe: Austausch und Pathotypisierung von TuMV-Virusisolaten  
Projekt: BAZ-1136  
Dr. D. Astley, Dr. B. Smith, Dr. A. Pinnegar  
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105  
Projekt: BAZ-1152  
Scottish Agricultural Science Agency, Edinburgh  
Dr. J. Davey, Dr. N. Green  
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105  
Projekt: BAZ-1152

### Italien/Italy

Dipartimento di Agronomia Università di Bologna, Bologna  
Dr. L. F. D'Antuono  
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105  
Projekt: BAZ-1152

### Kanada/Canada

Agriculture and Agrifood, Ottawa  
Dr. S. Warwick  
Aufgabe: Molekulare Charakterisierung interspezifischer Introgression bei verschiedenen *Brassicaceae* / Molecular characterization of hybrids  
Projekt: Kooperationsvereinbarung 8/99

### Polen/Poland

Plant Genetic Resources Lab., Research Institute of Vegetable Crops, Skierniewice  
Dr. T. Kotlinska  
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105  
Projekt: BAZ-1152

### Russland/Russia

Allrussisches Institut für Phytopathologie, Golitsino  
Dr. V. Djavakhia, Dr. Tatjana Voinova  
Aufgabe: Resistenzgene zum Gentransfer in verschiedene *Brassicaceae*  
Projekt: BAZ-1140; Kooperationsvereinbarung 103

### **Schweden/Sweden**

Nordic Gene Bank, Alnarp  
Dr. G. Poulsen, K. Wedelstach Blath  
Aufgabe: Evaluierung von *Daucus*-Akzessionen im Rahmen von EU GenRes CT99-105  
Projekt: BAZ-1152

### **USA**

University of Wisconsin, Dept. of Horticulture, Madison  
Prof. Dr. M. J. Havey  
Aufgabe: Zuordnung von Kopplungsgruppen zu Einzelchromosomen von *A. cepa*  
Projekt: BAZ-1147

## **Institut für Pflanzenanalytik**

## **Institute of Plant Analysis**

Quedlinburg

## **Partner im Inland/German partners**

### **Alt-Möln**

Spargelhof Gast, Deutsche Spargelhochzuchtstation  
D. Gast; A. Rosen  
Aufgabe: Variabilität der sensorischen Qualität von Spargelsorten  
Projekt: BAZ-1230  
D. Gast, A. Rosen  
Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe des Spargels und deren Variabilität  
Projekt: BAZ-1222, BAZ-1230

### **Artern**

Pharmaplant GmbH  
Dr. A. Plescher  
Aufgabe: Isolierung und analytische Charakterisierung von Gewürzölen mit pharm. Bedeutung  
Projekt: Rephyna  
Dr. A. Plescher  
Aufgabe: Analytische Charakterisierung von Arznei- und Gewürzpflanzen

### **Aschersleben**

Majoranwerk Ascherleben GmbH  
J. Overcamp  
Aufgabe: Absprachen bzgl. Zusammenarbeit für künftiges Forschungsprojekt zur Variabilität von Enantiomeren in ätherischen Ölen von Arznei- und Gewürzpflanzen  
Projekt: BAZ-1229

### **Berlin**

DIN Deutsches Institut für Normung e.V., Normenausschuss 'Lebensmittel und landwirtschaftliche Produkte'  
Dr. Siewek  
Aufgabe: Normung analytischer Methoden im Gewürzbereich

### **Bernburg**

Fachhochschule Anhalt; Fachbereich Landwirtschaft, Ökotropologie, Landespflege  
Prof. Dr. D. Hanrieder, Prof. Dr. I. Schellenberg, Dr. M. Hirschfelder  
Aufgabe: Entwicklung von Schnellmethoden für die Aromaanalytik bei Erdbeeren, Aromaanalytik bei Kartoffeln, Variabilität bei Kamille  
Projekt: BAZ-1217, BAZ-1219, BAZ-1213

**Bonn**

Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Institut für Pharmazeutische Biologie  
PD Dr. M. Keusgen  
Aufgabe: Analytische Charakterisierung von Allium- Genotypen (Vorbereitung eines gemeinsamen Drittmittel-Projektes)

Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Institut für Lebensmittelwissenschaft und Lebensmittelchemie;  
Prof. Dr. Hans Buening-Pfaue  
Aufgabe: Projektvorbereitung: Verbesserung des Gesundheitswertes von Brassicaceen-Gemüse durch Züchtung sowie durch Optimierung der Lebensmittelverarbeitung

**Braunschweig**

Technische Universität, Institut für Lebensmittelchemie  
Prof. Dr. P. Winterhalter, PD Dr. U. E. Engelhardt  
Aufgabe: Analytische Charakterisierung von Allium-Genotypen, Übernahme von Lehrveranstaltungen

**Calbe**

Agrargenossenschaft Calbe  
R. Tischler  
Aufgabe: Vorbereitung eines gemeinsamen Drittmittelprojektes, Bereitstellung von Untersuchungsmaterial

**Ditfurt**

Lehr- und Versuchsanstalt für Gartenbau und –technik des Landes Sachsen-Anhalt Quedlinburg - Ditfurt  
Dr. E. Roth  
Aufgabe: Zurverfügung-Stellung von Versuchsmaterial (Äpfel) und Informationen  
Projekt: BAZ-1223  
Dr. L. Schreyer  
Aufgabe: Evaluierung von Zwiebel und Porree

**Dresden-Pillnitz**

Genbank Dresden-Pillnitz  
Dr. M. Geibel  
Aufgabe: Evaluierung von Fragaria-Wildformen  
Projekt: BAZ-1217

**Essen**

Universität Essen  
Prof. Dr. B. Schrader  
Aufgabe: Raman-Untersuchungen an pflanzlichem Material

**Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Gatersleben  
Dr. Börner, Dr. Keller  
Aufgabe: Variabilität von Inhaltsstoffen in Petersilie, Sellerie und Möhre, Basilikum, Fenchel, Zwiebel  
Projekt: BAZ-1216, Vorbereitung eines gemeinsamen Drittmittelprojektes  
Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben; Genbank Obst Dresden-Pillnitz  
Dr. M.Geibel (sh. auch Dresden-Pillnitz)  
Aufgabe: Bereitstellung und Charakterisierung von Genotypen für cytologische, sowie resistenzgenetische Untersuchungen bei Obst  
Projekt: BAZ-4130, BAZ-4131

## **Geisenheim**

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Gemüsebau sowie Fachgebiet Weinanalytik und Getränkeforschung

Dr. E. Krüger und Dr. E. Schöppl

Aufgabe: Einfluss von Bewässerung auf die Erdbeer-Flavour-Qualität

Projekt: BAZ-1217

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Weinanalytik und Getränkeforschung

Prof. Dr. A. Dietrich, Dr. E. Schöppl

Aufgabe: Aromaanalytik bei resistenten Apfelsorten

Projekt: BAZ-1225

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Gemüsebau

Prof. Dr. P.-J. Paschold

Aufgabe: Informations- und Materialaustausch zum Thema Spargel

Projekt: BAZ-1230, BML 115-0762-A3-12/18

Prof. Dr. P.-J. Paschold, Frau H. Herrmann, Frau Artelt

Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe des Spargels und deren Variabilität

Projekt: BAZ-1222, BAZ-1230

## **Groß Schierstedt**

Dr. Junghanns GmbH

Dr. W. Junghanns

Aufgabe: Zusammenarbeit im Rahmen des laufenden Raps-Forschungsprojekts

Projekt: BAZ-1226

## **Großbeeren**

Institut für Gemüse und Zierpflanzenbau

Dr. M. Schreiner, Dr. A. Krumbein

Aufgabe: Entwicklung von Schnellmethoden für die Qualitätsanalyse bei Obst und Gemüse

Projekt: BAZ-1219

## **Hamburg**

Fa. Kaders GmbH

D. Protzen

Aufgabe: Analytik wertgebender Inhaltsstoffe in Arznei- und Gewürzpflanzen mittels NIRS

Projekt: BAZ-1216 und BAZ-1220

## **Hannover**

Bundessortenamt

H. Heine

Aufgabe: Begutachtung von Mustern aus Wert- und Registerprüfungen für Arznei- und Gewürzpflanzen

## **Heidelberg**

Universität Heidelberg, Institut für pharmazeutische Biologie

Prof. Reichling

Aufgabe: Absprachen bzgl. Zusammenarbeit für künftiges Forschungsprojekt zur Variabilität von Enantiomeren in ätherischen Ölen von Arznei- und Gewürzpflanzen

Projekt: BAZ-1229

## **Holzminden**

Dragoco Gerberding & Co. AG

Dr. W. Neugebauer, Dr. F. J. Hammerschmidt, G. Lösing

Aufgabe: Aromaanalytik bei Kartoffeln, Analytische Charakterisierung von Allium-Genotypen, IR-Analytik, Ätherische Öle

Projekt: BAZ-1213

Dr. S. Widder

Aufgabe: Untersuchungen an Erdbeeraroma

## **Hoyerhagen**

Vereinigung der Spargelanbauer Niedersachsen e. V.

D. Paul

Aufgabe: Informations- und Materialaustausch zum Thema 'Spargel'

Projekt: BAZ-1230

D. Paul

Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe des Spargels und deren Variabilität

Projekt: BAZ-1222, BAZ-1230

## **Jena**

Friedrich Schiller Universität Jena, Institut für Ernährung und Umwelt

Prof. Dr. H. Bergmann

Aufgabe: Bestimmung von Ellagsäure (Diplomarbeit)

Prof. Dr. H. Bergmann

Aufgabe: Evaluierung von decaploiden Fragaria-Linien sowie Wildformen und Citral-Pflanzen

Projekt: BAZ-1217

Analytic Jena AG

M. Rohe, K. Franz

Aufgabe: Untersuchungen zur antioxidativen Kapazität von Teedrogen.

## **Kulmbach**

Fa. Raps & Co

Dr. B. Weinreich

Aufgabe: Bestimmung polyphenolischer Inhaltsstoffe in diversen Teedrogen

Projekt: BAZ-1226

## **Magdeburg**

REPHYNA e.V., LUS GmbH

Dr. L. Lücke, Dr. H. Herzberg, Dr. H. Grahlert

Aufgabe: Vorbereitung und Bearbeitung gemeinsamer Drittmittel-Projekte

## **Marne**

Marner GZG Saaten AG

Dr. A. Löptien

Aufgabe: Zusammenarbeit zu Untersuchungen des Glucosinolatgehaltes verschiedener Brassica-Oleracea-Sorten

## **Möringen**

Saatzucht Möringen

Dr. J. Gottwald

Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe des Spargels und deren Variabilität

Projekt: BAZ-1230, BAZ-1222

## **Müllheim**

Fa. Analyt-MTC

Dr. H. Roberg

Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe, Chemometrie

Projekt: BAZ-1222, BAZ-1228

## **München**

Technische Universität; Institut für Landwirtschaftlichen und Gärtnerischen Pflanzenbau

H. Schimmelpfeng, Prof. Dr. D. Treutter

Aufgabe: Evaluierung von decaploiden Fragaria-Linien sowie Wildformen

Projekt: BAZ-1217

### **Neumarkt**

Fa. Bionorica Arzneimittel  
Dr. G. Abel  
Aufgabe: SPME-Analytik bei Drogen, Pflanzenextrakten und Phytopharmaka  
Projekt: BAZ-1236 (AiF-Drittittelprojekt)

### **Nöbdenitz**

Agrargenossenschaft  
U. Quaas  
Aufgabe: Untersuchungen zur Variabilität bei Kamille

### **Orthofen**

Fa. Kistler & Co GmbH  
S. Kistler  
Aufgabe: Analytische Charakterisierung von neuen Kamillesorten  
Projekt: BAZ-1227 (FKZ: 98NRO53 - Drittittelprojekt)

### **Rastatt**

Südwestdeutsche Saatzucht  
A. Köhler  
Aufgabe: Erarbeitung von analytischen Methoden zur Ermittlung geschmacksbildender Inhaltsstoffe des Spargels und deren Variabilität  
Projekt: BAZ-1230, BAZ-1222

### **Sinzig**

Zentralinstitut Arzneimittelforschung GmbH  
PD M. Veit  
Aufgabe: Aufbau einer NIRS- Datenbank  
Projekt: BAZ-1227 (FKZ: 98NRO53 - Drittittelprojekt)

### **Vestenbergsgreuth**

Fa. Martin Bauer GmbH & Co KG  
Dr. H.-J. Hannig  
Aufgabe: Entwicklung von NIRS-Methoden zur Charakterisierung diverser Heil- und Gewürzpflanzen  
Phytolab GmbH  
Dr. L. Kabelitz, Dr. K. Reif  
Aufgabe: Analytik von Medizinal- und Gewürzpflanzen  
Projekt: BAZ-1227 (FKZ: 98NR053 - Drittittelprojekt)

### **Wernigerode**

Fa. Pharma Wernigerode  
Dr. H. Burckardt  
Aufgabe: Analyse unterschiedlicher Alkaloide in Sorten- und Linienmaterial von *Papaver somniferum* L.  
Projekt: BAZ-1232  
Dr. H. Burckardt  
Aufgabe: SPME-Analytik bei Drogen, Pflanzenextrakten und Phytopharmaka  
Projekt: BAZ-1236 (AiF-Drittittelprojekt)

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **Dänemark/Denmark**

Royal Veterinary and Agricultural University Copenhagen  
Dr. Leif Poll  
Aufgabe: Effects of growing condition on the aroma of strawberries  
Projekt: BAZ-1219

**Frankreich/France**

CIREF, Lanxade Prignonrieux  
Dr. Ph. Roudeillac  
Aufgabe: Erdbeerflavour  
Projekt: BAZ-1217

**Israel/Israel**

The Volcani Centre, Institute for Technology and Storage of Agricultural Products, Department of Postharvest Science of Fresh Produce, Bet Dagan  
Dr. E. Fallik, Dr. V. Rodov  
Schnelle Bestimmung flüchtiger Indikatorsubstanzen für geschmackliche Qualität und Befall durch Schaderreger  
Projekt: Kooperationsvereinbarung 2/00

**Italien/Italy**

Department of Agroenvironmental Science and Technology, Bologna  
Herr Prof. Dr. F. D'Antuono  
Aufgabe: Inhaltsstoffbestimmungen bei Salbei  
Projekt: BAZ-1227

**Niederlande/The Netherlands**

ABZ AARD beien nit ZaaD B. V., Bovenkarspel  
Dr. Ge' Bentvelsen  
Aufgabe: Erdbeerflavour  
Projekt: BAZ-1217

**Schweden/Sweden**

The Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Plant Breeding Research, Alnarp  
Frau Dr. G. Engqvist  
Aufgabe: Bestimmung des Glucosinolatgehaltes/GSL-Verbindungsmusters in Kopfkohl/Blumenkohl im Hinblick auf ihr Resistenzverhalten gegen *Phoma* (in Zusammenarbeit mit der Züchterfirma Svalöf Weibull)

**Schweiz/Switzerland**

Bioforce AG, Roggwil  
Herr Dr. Furrer  
Aufgabe: Charakterisierung von Harpagophytum-Extrakten mittels NIRS  
Projekt: BAZ-1227

**Südafrika/South Africa**

ARC-Fruit, Vine and Wine Research Institute, Stellenbosch  
Frau Dr. E. Joubert  
Aufgabe: Bestimmung von polyphenolischen Inhaltsstoffen in Teedrogen, Bestimmung von Wertkomponenten in Teufelskralle-Wurzeln  
Projekt: BAZ-1227, BAZ-1231

Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof  
Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof  
Siebeldingen

**Partner im Inland/German partners****Aachen**

Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule  
Prof. Dr. M. Frentzen, Dr. D. Weier  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5141



**Alzey**

Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Landwirtschaft, Weinbau und Gartenbau  
Fachbereich Rebenzüchtung  
Dr. W. Hofäcker  
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen  
Projekt: BAZ-5101

**Bonn**

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI)  
Dr. F. Begemann, S. Harrer  
Aufgabe: Aufbereitung des Vitis International Variety Katalogs für die Internet-Nutzung  
Projekt: BAZ-5106

**Braunschweig**

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit  
Dr. J. Schiemann  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5140

**Ebstorf**

Bioplant Biotechnologisches Forschungslabor GmbH  
Dr. E. Tacke  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5140

**Einbeck**

Planta Angewandte Pflanzengenetik und Biotechnologie GmbH  
Dr. J. Kraus  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5140

**Freiburg**

Staatliches Weinbauinstitut  
Dr. Jörgen  
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen  
Projekt: BAZ-5101

**Freising-Weihenstephan**

Bayerische Landesanstalt für Bodenkultur und Pflanzenbau  
Dr. M. Reichmann  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5140

**Gatersleben**

Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung  
PD Dr. H. Puchta  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5140  
SunGene GmbH & CoKGaA  
Prof. U. Sonnwald  
PD Dr. K. Herbers  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5140

**Geisenheim**

Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Rebenzüchtung und Rebenveredlung  
Prof. Dr. E. H. Rühl  
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen  
Projekt: BAZ-5101

**Gießen**

Justus-Liebig-Universität, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Prof. Dr. W. Friedt, Dr. W. Lühs  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5138  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5141

**Hamburg**

Universität Hamburg, Institut für Allgemeine Botanik  
Prof. Dr. E. Heinz, Frau Spiekermann  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5141

**Hohenlieth**

Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG  
Dr. G. Leckband  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5141

**Karlsruhe**

Universität Karlsruhe, Institut für Lebensmittelchemie  
Prof. Dr. Dr. A. Rapp  
Aufgabe: Austausch von Daten zu Aromaprofilen  
Projekt: BAZ-5123

**Köln**

Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung  
Prof. Dr. H.H. Steinbiß, Dr. A. Sohn  
Aufgabe: Optimierung von Co-Transformationsvektoren  
Projekt: BAZ-5140

**Lippstadt**

Deutsche Saatveredlung Lippstadt-Bremen GmbH  
Dipl.-Ing. H. Busch, Dr. Oertel  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5141

**Schmallenberg**

Fraunhofer-Institut für Umweltchemie und Ökotoxikologie, Abteilung Molekulare Biotechnologie  
Dr. W. Frank  
Aufgabe: Informations- und Materialaustausch  
Projekt: BAZ-5140

**Rostock**

Universität Rostock, Fachbereich Biowissenschaften/Zellphysiologie  
Prof. Dr. I. Broer, Dr. K. Neumann  
Aufgabe: Optimierung von Co-Transformationsvektoren  
Projekt: BAZ-5141

## **Weinsberg**

Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau  
Dr. B. Hill  
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen  
Projekt: BAZ-5101

## **Würzburg**

Bayrische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau  
Ltd. LD Wahl, K.  
Aufgabe: Austausch von Zuchtmaterial und Ergebnissen  
Projekt: BAZ-5101

## **Partner im Ausland/Foreign partners**

### **Australien/Australia**

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Division of Horticulture, Adelaide  
Prof. Dr. B. R. Loveys  
Aufgabe: Erforschung der Trockenresistenz und Weinqualität bei Rebsorten  
Projekt: BAZ-5108  
Waite University, Faculty of Agricultural and Natural Research Sciences, Department of Horticulture  
Viticulture and Oenology, Adelaide  
Dr. P. Dry  
Aufgabe: Erforschung der Ursachen der Trockenresistenz bei Rebsorten  
Projekt: BAZ-5108

### **Bulgarien/Bulgaria**

Institute of Viticulture and Enology, Pleven  
Prof. P. Abracheva  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

### **Frankreich/France**

UFR Viticulture, ENSAM.N, Montpellier  
Dr. J.-M. Boursiquot  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

### **Griechenland/Greece**

NAGREF Vine Institute, Lykovrissi  
Dora Pitsoli  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126  
National Agricultural Research Foundation, Agricultural Research Center of Makedonia and Thraki  
Greek Gene Bank, Thermi of Thessaloniki  
Dr. A. Mattheou  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

### **Italien/Italy**

Università degli Studi di Udine, Dipartimento di Produzione Vegetale e Technologie Agrarie, Udine  
Dr. E. Peterlunger  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126  
Istituto Agrario di San Michele all'Adige, San Michele all'Adige  
Dr. R. Velasco  
Aufgabe: DNA-Sequenzierung  
Projekt: BAZ 5115, 5140

**Kroatien/Croatia**

University of Zagreb, Faculty of Agriculture, Zagreb  
Dr. I. Pejic  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Moldawien/Moldavia**

National Institute for Grape and Wine, Kishinev  
Dr. N. Ciutac  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Österreich/Austria**

Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau, Klosterneuburg  
Dr. H. Kaserer  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Portugal**

Estação Vitivinícola Nacional, Dois Porto  
Dr. J. Eiras Dias  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Schweiz/Switzerland**

Station Fédérale de Recherches en Production Végétale de Changins, Pully  
Dr. D. Maigre  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Slowenien/Slovenia**

Biotehniška fakulteta, Ljubljana  
Dr. Zora Korosec-Koruza  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Spanien/Spain**

Junta de Andalucía, Consejería de Agricultura y Pesca, C.I.F.A. Rancho de la Merced, Jerez de la Frontera  
Prof. A. Garcia de Lujan  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126  
Departamento de Biología Vegetal, Universidad Politécnica de Madrid, E.T.S., Madrid  
Prof. J. Ortiz  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Tschechische Republik/Czech Republic**

Research Station for Viticulture, Karlstein  
Dr. Marta Hubáčková  
Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81  
Projekt: BAZ-5126

**Ukraine**

Wiss. Forschungsanstalt für Reben und ihre Verarbeitungsprodukte, Magarach  
Dr. L. Troshin  
Aufgabe: Vergleichende ampelographische Studien, Austausch von genetischem Material und gemeinsames Zuchtprogramm  
Projekt: BAZ-5126

**Ungarn/Hungary**

FM Zsölézeti és Borászati Kutaó, Intézet allomása, Pécs

Dr. L. Diofasi

Aufgabe: EU-Projekt GENRES CT96 No81

Projekt: BAZ-5126

# X. Veröffentlichungen

## Publications

---

### Wissenschaftliche Beiträge Scientific Publications

Institut für Zierpflanzenzüchtung  
Institute of Ornamental Plant Breeding  
Ahrensburg

- DEBENER, T.: Molecular tools for modern ornamental plant breeding and selection. *Acta Hort.* **552**, 2001, 121-127
- DEBENER, T.; MALEK, B. v.; MATTIESCH, L.; KAUFMANN, H.: Genetic and molecular analysis of important characters in roses. *Acta Hort.* **547**, 2002, 45-49
- DEBENER, T.; MALEK, B. v.; MATTIESCH, L.; KAUFMANN, H.: Marker assisted selection for blackspot resistance in roses. *Acta Hort.* **547**, 2001, 349-352
- DEBENER, T.; MATTIESCH, L.; VOSMAN, B.: A molecular marker map for roses. *Acta Hort.* **547**, 2001, 283-287
- DOHM, A.; LUDWIG, C.; NEHRING, K.; DEBENER, T.: Somatic embryogenesis in roses. *Acta Hort.* **547**, 2001, 342-347
- DOHM, A.; LUDWIG, C.; SCHILLING, D.; DEBENER, T.: Transformation of roses with genes for antifungal proteins. *Acta Hort.* **547**, 2001, 27-33
- GRUNEWALDT, J.: Eine Genbank für Zierpflanzen? *TASPO-Magazin* **11**, 2001, 4-6
- GRUNEWALDT, J.: Genetische Vielfalt bei Zierpflanzen. *Gärtnerbörse* **13**, 2001, 46-47
- PREIL, W.; KRAUSE, I.; SCHNEIDEREIT, M.: Effects of carbon dioxide on growth of embryogenic *Cyclamen persicum* bioreactor cultures. In: Schwenkel, H. G. (Ed.): *Reproduction of Cyclamen persicum* Mill. through somatic embryogenesis using culture systems. COST Action 822, European Commission, EUR 19697, 2001, 75-77
- PREIL, W.; SEEHAUS, H.; GUSICK, C.; TIMMANN, E. M.: Züchtung von *Clerodendrum ugandense*. *Deutscher Gartenbau* **55**, 2001, 27-28
- PREIL, W.; TOMASZEWSKI, O.; SCHNEIDEREIT, M.: Effects of ethylene on growth of embryogenic suspension cultures of *Cyclamen persicum*. In: *Development of integrated systems for large-scale propagation of elite using in vitro techniques*. Report of COST 822 Activities 1999, European Commission, EUR 19689, 2001, 63-64
- SCHUM, A.; HOFMANN, K.: Use of isolated protoplasts in rose breeding. *Acta Hort.* **547**, 2001, 35-44
- SCHUM, A.; HOFMANN, K.; GHALIB, N.; TAWFIK, A.: Factors affecting protoplast isolation and plant regeneration in *Rosa spp.* *Gartenbauwissenschaft* **66** (3), 2001, 115-122

Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik  
Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics  
Aschersleben

- BERGMANN, H.; IOURTCHOUK, T.; SCHÖPS, K.; EHRIG, F.: Was ist und was kann die sogenannte Anodische Oxidation? *GWF* **142** (12) 2001, 856-869

- DERCKS, W.; GÄRBER, U.; GABLER, J.: Empirische Erhebung zum Auftreten von Schadorganismen an Arznei- und Gewürzpflanzen in Deutschland: Aufruf zur Benennung von Problemen. *Z. Arzn. Gew. Pfl.* **6** (2), 2001, 95-97
- FOMITCHEVA, V. W.; KÜHNE, TH.: Infectious in vitro transcripts from cloned cDNA of barley mild mosaic bymovirus RNAs. Abstracts III Int. Conf. „Bioresources and Viruses“, 10.-15.09.2001, Kiew, Ukraine, S. 113
- GABLER, J.: Neue Erkenntnisse über die Doldenbräune des einjährigen Kümmels (*Carum carvi* L. var. *annuum hort.*). *Z. Arzn. Gew. Pfl.* **6** (3), 2001, 115-119
- GABLER, J.; PANK, F.: Variation der Anfälligkeit verschiedener Einzelpflanzennachkommenschaften des einjährigen Kümmels (*Carum carvi* L. var. *annuum hort.*) gegenüber der Doldenbräune. Fachtagung für Heil- und Gewürzpflanzen, 12.-15.11.2001, SLVA Bad Neuenahr-Ahrweiler, Kurzfassung der Beiträge, S. 74
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.: Evaluierung von Weizen- und Roggengenotypen auf Resistenz gegen pilz- und milbenübertragbare Viren. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 77
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, TH.: Detection of Soil-borne rye mosaic virus (SBRMV) and its transmission by *Polymyxa graminis* under controlled conditions. *Phytomedizin* **31**(2), 2001, 42-43
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, TH.: Evaluation of resistance to Soil-borne cereal mosaic virus (SBCMV) in rye and wheat by *Polymyxa graminis* transmission under controlled conditions. IXth Conference on Virus Diseases of Gramineae in Europe, Central Science Laboratory, York, Großbritannien, 21.-23.05.2001, Programme and Abstracts, S. 13
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, TH.: First results on screening of rye, wheat and triticale material for resistance to Soil-borne cereal mosaic virus. Abstracts III Int. Conf. „Bioresources and Viruses“, 10.-15.09.2001, Kiew, Ukraine, S. 182
- KEGLER, H.; EHRIG, F.: Das Gelbmosaik der Eberesche (*Sorbus aucuparia* L.). *Arch. Phytopath. Pflanz.* **34** (1), 2001, 15-19
- KUSTERER, A.; GABLER, J.; EHRIG, F.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, TH.: Untersuchungen zum Krankheitsauftreten an Blattdill (*Anethum graveolens* L.). *Z. Arzn. Gew. Pfl.* **6** (3), 2001, 125-128
- KUSTERER, A.; RABENSTEIN, F.; EHRIG, F.; GABLER, J.; KÜHNE, TH.: Identification of parsley virus Y on dill. *Phytomedizin* **31** (2), 2001, 43-44
- MATOUSEK, J.; PATZAK, J.; ORCTOVA, L.; SCHUBERT, J.; VRBA, L.; STEGER, G.; RIESNER, D.: The variability of hop latent viroid as induced upon heat treatment. *Virology* **287** (2001), 349-358
- MATOUSEK, J.; SCHUBERT, J.; KUCHAR, M.; DEDIC, P.; PTACEK, J.; VRBA, L.; LICHTENSTEIN, C. P.: The design and partial analysis of RNaseIII-Anti-PVS antisense complex system to induce plant resistance. *Arch. Phytopath. Pflanz.* **33** (5), 2001, 381-394
- MATOUSEK, J.; VRBA, L.; KUCHAR, M.; PAVINGEROVA, D.; ORCTOVA, L.; PTACEK, J.; SCHUBERT, J.; STEGER, G.; BEIER, H.; RIESNER, D.: New antisense RNA systems targeted against plant pathogens. *Korean J. Plant Tissue Cult.* **27** (5), 2000, 379-385
- RABENSTEIN, F.: Buchbesprechung: Scholthof, K.-B.; Shaw, J. G.; Zeitling, M. (Eds.): Tobacco mosaic virus: One hundred years of contributions to virology. *J. Phytopathol.* **149**, 2001, 233-234
- RABENSTEIN, F.; MÜHLHEIM, H.; WESEMANN, M.; EHRIG, F.; STENGER, D.; FRENCH, R.: Characterization and identification of a potyvirus from *Poa pratensis*. *Phytomedizin* **31** (2), 2001, 48-49
- RABENSTEIN, F.; SCHUBERT, J.; EHRIG, F.; STENGER, D.; FRENCH, R.: Identification and characterization of a tritimovirus isolated from *Poa pratensis* L. in Germany. IXth Conf. on Virus Diseases of Gramineae in Europe, Central Science Laboratory, York, Großbritannien, 21.-23.05.2001, Programme and Abstracts, S. 1

- REISS, E.; HORSTMANN, C.: *Drechslera teres*-infected barley (*Hordeum vulgare* L.) leaves accumulate eight isoforms of thaumatin-like proteins. *Physiol. Molec. Plant Pathol.* **58**, 2001, 183-188
- REISS, E.; HORSTMANN, C.; ROTHE, G. M.: Isoform detection for some pathogenesis-related proteins of barley (*Hordeum vulgare* L.) infected with *Pyrenophora teres*. 6th Int. Workshop on Pathogenesis-Related Proteins in Plants, 20.-24.05.2001, Spa, Belgien, Abstracts, S. 72
- SCHUBERT, J.; MATOUSEK, J.; MATTERN, D.; RABENSTEIN, F.; DEDIC, P.; SUCKACHEVA, E.: Nib - mediated resistance of potatoes to PVY infection. Proc. the 11th EAPR Virology Section Meeting, 07.-13.10.2001, Havlíčkův Brod – Třešt, Tschechien, S. 26-29
- SPAAR, D.; FUCHS, E.; RABENSTEIN, F.: Viral diseases of cereals in Germany - Spreading, economical importance and control measures. Abstracts 3rd Int. Conference „Bioresources and Viruses“, 10.-15.09.2001, Kiew, Ukraine, S. 210
- TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.; RABENSTEIN, F.; PANK, F.; HAU, B.: Erste Ergebnisse zur Sortenanfälligkeit von Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare* Mill.) gegenüber *Mycosphaerella anethi* Petr. *Z. Arzn. Gew. Pfl.* **6** (3), 2001, 120-124
- XU, J.; SCHUBERT, J.; ALTPETER, F.: Dissection of RNA-mediated ryegrass mosaic virus resistance in fertile transgenic perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). *Plant Journal* **26** (3), 2001, 265-274

## Institut für Epidemiologie und Resistenz

### Institute of Epidemiology and Resistance

Aschersleben

- BOGS, J.; RICHTER, K.; GEIDER, K.: Using the green fluorescent protein to determine virulence and gene expression of *Erwinia amylovora*. 9th Int. Workshop on Fire Blight, 08.-12.10.2001, Napier, Neuseeland, Abstr. O-36
- DREYER, F.; GRAICHEN, K.; JUNG, C.: A major quantitative trait locus for resistance to Turnip Yellow Virus (TuYV, syn. beet western yellows virus, BWYV) in rapeseed. *Plant Breed.* **120** (6), 2001, 457-462
- FRIEDT, W.; SCHEURER, K. S.; HUTH, W.; HABEKUSS, A.; ORDON, F.: Genetic analyses on BYDV-tolerance in barley (*Hordeum vulgare* L.). IX<sup>th</sup> Conference on Virus Diseases of Gramineae in Europe, 21.-23.05.2001, Central Science Laboratory, York, Großbritannien, Abstr.
- GULTYAEVA, E.; MIKHAILOVA, L.; WALTHER, U.; KOPAHNKE, D.: Comparison of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* populations in Germany, Austria, Russia and Ukraine in 2000. Int. Conference: Sustainable systems of cereal crop protection against fungal diseases as the way of reduction of toxin occurrence in food webs, 02.-06.07.2001, Agricultural Research Institute Kromeriz, Tschechien, Abstr. 61
- HABEKUSS, A.; SCHLIEPHAKE, E.; BARBIER, A.; STEYER, S.; GREIF, P.; GROSSER, J.; JAISER, H.; PROESELER, G.; SCHINKEL, B.; STRENG, S.: EU-Projekt CT 98-104 'Genetic resources of barley' - Evaluation of virus resistance. IX<sup>th</sup> Conference on Virus Diseases of Gramineae in Europe, 21.-23.05.2001, Central Science Laboratory, York, Großbritannien, Abstr.
- KOPAHNKE, D.; HABEKUSS, A.; PROESELER, G.; SCHLIEPHAKE, E.; KRÄMER, I.: Evaluierung von Gerste auf Resistenz gegen ausgewählte Pilze, Viren und Aphiden. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 79
- LIND, V.: Analysis of diallel crosses between wheat genotypes with genetically different resistance to *Pseudocercospora herpotrichoides* (Fron) Deighton. *Plant Breeding* **119** (6), 2000, 449-453
- MÜNNICH, C.; WALTHER, U.; WEBER, W. E.; LEITHOLD, B.: New sources of resistance for stripe rust in barley. *Plant Breeding* **119** (6), 2000, 473-480
- RICHTER, K.; FISCHER, C.: Stability of fire blight resistance in apple. 9th Int. Workshop on Fire Blight, 08.-12.10.2001, Napier, Neuseeland, Abstr. P-56



- RICHTER, K.; GRIESBACH, E.; KOPAHNKE, D.; HABEKUSS, A.; SCHLIEPHAKE, E.: Evaluierung im Institut für Epidemiologie und Resistenz Aschersleben. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 95
- RIEMER, H. M.; FRESE, L.; HARRER, S.; SCHLIEPHAKE, E.: A German network for the evaluation of cereals against biotic stresses (EVA II). EUCARPIA, Section Genetic Resources, Poznan, Polen, 16.-20.05.2001, S. 101
- RIEMER, H. M.; HARRER, S.: German network for evaluation of cereals for disease resistance (EVA II). 4<sup>th</sup> Int. Triticeae Symposium, Cordoba, Spain, 10.-12.09.2001, S. 44
- RIEMER, H. M.; SCHLIEPHAKE, E.: Evaluierungsprogramm EVA II. Geschäftsbericht der GFP, 2001, 17-18
- SCHLIEPHAKE, E.; BARBAGALLO, S.; BASKY, Z.; BELL, N.; COCEANO, P. G.; COCU, N.; DENHOLM, C.; DERRON, J.; HARRINGTON, R.; HULLÉ, M.; KATIS, N.; KNIGHT, J.; LUKÁŠOVÁ, H.; MARRKULA, I.; MAURICE, D.; MOHAR, J.; PICKUP, J.; ROLOT, J. L.; ROUSEVELL, M.; RUSZKOWSKA, M.; SECO-FERNANDEZ, M. V.; SIGVALD, R.; TSITSIPIS, J.; ULBER, B.; VERRIER, P.: EXAMINE (Exploitation of Aphid Monitoring in Europe) – ein europaweites Netz zum Studium des Einflusses globaler Änderungen auf die Aphiden. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, S. 102
- SCHLIEPHAKE, E.; HARRER, S.; BEGEMANN, F.: Pflanzengenetische Ressourcen – Erstellung und Sicherung von Evaluierungsdaten zur Krankheitsresistenz und ihre Nutzung im Rahmen eines nationalen Evaluierungsprogrammes für Getreide. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, S. 12
- THIEME, TH.; HEIMBACH, U.; SCHLIEPHAKE, E.: Nachweis der „Russischen Weizenlaus“, *Diuraphis noxia* (Kurdjumov), in Deutschland. Nachrichtenbl. Deut. Pflanzenschutzd. **53** (2), 2001, 35-40

## Genbank Gene Bank Braunschweig

- ASHER, M.; LUTERBACHER, M. C.; FRESE, L.: Wild species as a source of resistance to sugar beet pests and diseases. Proceedings of the 64<sup>th</sup> IIRB Congress, June 2001, Bruges, Belgien, 2001, S. 141-152
- BARANSKI, R.; GRZEBELUS, D.; FRESE, L.: Estimation of genetic diversity in a collection of the Garden Beet Group. *Euphytica* **122**, 2001, 19-29
- FRESE, L.; AKBAROV, Z.; BURENIN, V. I.; ARJMAND, M. N.; HAJIEV, V.: Plant exploration in the Talysch mountains of Azerbaijan and Iran. *Plant Genetic Resources Newsletter*. **126**, 2001, 21-26
- FRESE, L.; DESPREZ, B.; ZIEGLER, D.: Potential of genetic resources and breeding strategies for base-broadening in *Beta*. In: COOPER, H. D.; SPILLANE, C.; HODGKIN, T. (Eds.): Broadening the genetic base of crop production. IPGRI/FAO, Rom, 2001, S. 295-309
- GERMEIER, C.; FRESE, L.: Regeneration standards, rationalization of collections and safety-duplication In: MAGGIONI, L.; SPELLMANN, O. (Compilers): Report of a Network Coordinating Group on Cereals : Ad hoc meeting, 07.-08.07.2000, Radzików, Polen. IPGRI, Rom, 2001, S. 43-52
- GERMEIER, C.; FRESE, L.: The International Database for Beta – an expert system for Beta genetic resources. Proceedings of the 64<sup>th</sup> IIRB Congress, June 2001, Bruges, Belgien, 2001, S. 123-132

Institut für Obstzüchtung  
Institute of Fruit Breeding  
Dresden

- DATHE, B.: Frabella und Frasanta - Zwei neue Erdbeersorten für den Erwerbsobstbau. *Obstbau* **26** (5), 2001, 262-264
- DATHE, B.: Fraroma - Die neue Erdbeersorte mit Resistenz gegen *Verticillium* und Mehltau. *Obstbau* **26** (4), 2001, 218-221
- DATHE, B.: Resistenzzüchtung gegen die *Verticillium*welke der Erdbeere. *Obstbau* **26** (4), 2001, 194-196
- FISCHER, C.: Befruchtungsverhältnisse der Pillnitzer Apfelsorten. *Obstbau* **26** (4), 2001, 181-183
- FISCHER, C.: Crossing fertility of new apple varieties. *Eucarpia Fruit Breeding Section, Newsletter Nr. 5*, 2001, 12-13
- FISCHER, C.; FISCHER, M.; DIEREND, W.: Stability of scab resistance - evaluation, problems and chances of durability. *Eucarpia Fruit Breeding Section, Newsletter Nr. 5*, 2001, 11-12
- FISCHER, C.; RICHTER, K.: Fire blight apple varieties by conventional breeding. ISHS, 9. Int. Workshop on Fire Blight, 08.-12.10.2001, Napier, Neuseeland, Abstract
- FLACHOWSKY, H.; SCHUHMAN, E.; WEBER, W. E.; PEIL, A.: Application of AFLP for the detection of sex-specific markers in hemp. *Plant Breeding* **120**, 2001, 305-309
- HANKE, V.; GEIDER, K.: A new approach to evaluate fire blight resistance in vitro. ISHS, 9. Int. Workshop on Fire Blight, 08.-12.10.2001, Napier, Neuseeland, Abstract
- HANKE, V.; GRAFE, C.; RICHTER, K.; KIM, W.-S.; GEIDER, K.; NORELLI, J. L.; ALDWINCKLE, H. S.: Plant transformation for induction of fire blight resistance: Transgenic apples expressing viral EPS-depolymerase. ISHS, 9. Int. Workshop on Fire Blight, 08.-12.10.2001, Napier, Neuseeland, Abstract
- SCHUSTER, M.: Sauerkirschenzüchtung in Pillnitz. 26. Bundessteinobstseminar, SLVA Ahrweiler/Mayen, AW-Heft **1**, 2001, 43-48
- SCHUSTER, M.: Meiotic investigations in a *Prunus avium* x *P. canescens* hybrid. ISHS, 4. Int. Cherry Symposium, 24.-29.06.2001, Hood River (OR) und Richland (WA), USA, Abstract
- SCHUSTER, M.; WOLFRAM, B.: Sour cherry breeding in Dresden-Pillnitz. ISHS, 4. Int. Cherry Symposium, 24.-29.06.2001, Hood River (OR) und Richland (WA), USA, Abstract

Institut für landwirtschaftliche Kulturen  
Institute of Agricultural Crops  
Groß Lüsewitz

- DINU, I.; THIEME, R.: Utilization of genetic resources in *Solanum* for potato breeding through biotechnological methods. *Schriften zu Genetischen Ressourcen* **16**, 2001, 120-127
- GAVRILENKO, T.; THIEME, R.; ROKKA, V.-M.: Cytogenetic analysis of *Lycopersicon esculentum* (+) *Solanum tuberosum* somatic hybrids and their androgenetic regenerants. *Theor. Appl. Genet* **103**, 2001, 231-239
- HAN, J.; LÜHS, W.; SONNTAG, K.; ZÄHRINGER, U.; BORCHARDT, D. S.; WOLTER, F. P.; HEINZ, E.; FRENTZEN, M.: Functional characterization of  $\beta$ -ketoacyl-CoA synthase genes from *Brassica napus* L. *Plant Mol. Biol.* **46**, 2001, 229-239
- HERRMANN, M.: Ergebnisse zur Evaluierung genetischer Ressourcen bei Triticale. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 69

- HERRMANN, M.: Erschließung genetischer Ressourcen in der Resistenzzüchtung bei Hafer. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 68
- LELLBACH, H.; WILLNER, E.: Genetische Ressourcen bei Weidelgräsern - Kronenrostresistenz von Ökotypen in Bezug zum geographischen Ursprung und zu anderen züchterischen Merkmalen. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 83
- MÜLLER, J.; SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.: Somatic hybridization between *Brassica* sp. and *Raphanus sativus*. Acta Hort. **560**, 2001, 219-220
- ROUX, S. R.; MIEDANER, T.; GEIGER, H. H.; KNOPF, E.; WILDE, P.; WORTMANN, H.: Combining ability vs. population performance of genetic resources in rye. EUCARPIA Rye Meeting, 04.-07.07.2001, Radzików, Polen, Abstract, S. 65
- ROUX, S. R.; MIEDANER, T.; GEIGER, H. H.; KNOPF, E.; WILDE, P.; WORTMANN, H.: Potenzial genetischer Ressourcen für die züchterische Nutzung bei Roggen. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 99
- ROUX, S. R.; RUGE, B.; WEHLING, P.: Genetische Ressourcen bei Roggen - Evaluierung und Erschließung zur Verbesserung der Resistenzeigenschaften. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 98
- RUGE, B.; LINZ, A.; PROESELER, G.; WEHLING, P.: *Hordeum bulbosum* - eine neue Resistenzressource für die Erweiterung der genetischen Diversität in der Kulturgerste. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 100
- SONNTAG, K.; DÖSCHER, B.; SELLNER, M.: Genotype effects on *Agrobacterium* mediated genetic transformation of *Brassica napus*. Acta Hort. **560**, 2001, 215-218
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.: Preliminary studies on genetic transformation of *Crambe abyssinica*. Cruciferae Newsletter, Nr. 23, 2001, 33-34
- THIEME, R.; DARSOW, U.: Erschließung und Nutzung genetischer Diversität von *Solanum*-Wildarten für die Züchtung gesunder Kartoffeln. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 116
- THIEME, R.; HEIMBACH, U.; THIEME, T.: Aphids in breeding research for virus resistance in potatoes. Sixth Int. Symposium on Aphids, 03.-07.09.2001, Rennes, Frankreich, Abstract, S. 206
- WEHLING, P.: Erschließung genetischer Ressourcen mit aktuellen Methoden der Züchtungsforschung zur Erhaltung der biologische Vielfalt in landwirtschaftlichen Kulturarten. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 13

## Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität

### Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials

Groß Lüsewitz

- BALKO, C.: Evaluierung genetischer Ressourcen von *Solanum* sp. hinsichtlich der Reaktion auf Trockenstress. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 46
- FLAMME, W.; JANSEN, G.; DONGOWSKI, G.; GEBHARDT, E.; JACOBI, A.: Sommer- und Wintergersten mit veränderter Kohlenhydratzusammensetzung als Quelle für diätetische Lebensmittel. XXXV. Vortragsstagung der DGQ „Funktionelle Inhaltsstoffe pflanzlicher Lebensmittel“, 20.-21.03.2000, Karlsruhe, S. 67-77
- FLAMME, W.; JANSEN, G.; JACOBI, A.; KRATZSCH, W.: Entwicklung von Methoden zur Züchtung und Qualitätsanalyse von Winterweizen für die Stärkeproduktion. 7. Symposium „Nachwachsende Rohstoffe für die Chemie“, 20.-22.03.2001, Dresden, S. 155

- FLAMME, W.; JANSEN, G.; JACOBI, A.; KRATZSCH, W.: Entwicklung von Methoden zur Züchtung und Qualitätsanalyse von Winterweizen für die Stärkeproduktion. 7. Symposium „Nachwachsende Rohstoffe für die Chemie“, Technische Universität Dresden, 20.-22.03.2001, Schriftenreihe „Nachwachsende Rohstoffe“, Bd. 18, S. 743-749
- FLAMME, W.; SEDDIG, S.; JANSEN, G.; JÜRGENS, H.-U.: Biochemische und rheologische Methoden zur Analyse des Auswuchsverhaltens von Triticale in Relation zu Roggen und Weizen. Vortr. Pflanzenzüchtung **49**, 2000, 143-159
- JANSEN, G.; BALKO, C.; SEDDIG, S.; FLAMME, W.: Effect of temperature on stability of yield and starch quality parameters of barley mutants. Konferenz „Stress Tolerance in Seeds“, 04.-07.04.2001, Wageningen, Niederlande, 2001, S. 14
- JANSEN, G.; FLAMME, W.: Rheologische und NIR-spektroskopische Untersuchungen. XXXV. Vortragstagung der DGQ „Funktionelle Inhaltsstoffe pflanzlicher Lebensmittel“, 20.-21.03.2000, Karlsruhe, S. 163-168
- JANSEN, G.; FLAMME, W.; SCHÜLER, K.; VANDREY, M.: Evaluierung genetischer Ressourcen von Wild- und Kulturkartoffeln hinsichtlich einiger Qualitätsmerkmale. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 73
- JANSEN, G.; FLAMME, W.; SCHÜLER, K.; VANDREY, M.: Tuber and starch quality of wild and cultivated potato species and cultivars. Potato Research **44**, 2001, 137-146
- MASCHER, R.; LIPPMANN, B.; BALKO, C.; BERGMANN, H.: Vergleich der trans-Resveratrolbildung in Blättern verschiedener Genotypen der Kartoffel (*Solanum tuberosum* L.) nach UV-Bestrahlung. XXXV. Vortragstagung der DGQ „Funktionelle Inhaltsstoffe pflanzlicher Lebensmittel“, 20.-21.03.2000, Karlsruhe, S. 201-206
- SEDDIG, S.; JANSEN, G.; SCHMIDT, R.; FLAMME, W.: Intra- and interspecific variability of starch degrading enzymes and related quality parameters in cereal grains. Konferenz „Stress Tolerance in Seeds“, 04.-07.04.2001, Wageningen, Niederlande, Abstract, S. 64

## Institut für gartenbauliche Kulturen

### Institute of Horticultural Crops

#### Quedlinburg

- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.; CLAUSS, E.; SCHUMANN, G.: Zur *Turnip mosaic virus* (TuMV)-Resistenz in Gemüse-Brassicaceen. 3. Symp. Phytomedizin und Pflanzenschutz im Gartenbau, 17.-20.09.2001, Wien, Österreich, Beiträge, S. 65-66
- LANGBEHN, J.; PANK, F.; NOVAK, J.; BLÜTHNER, W. D.; FRANZ, CH.; FRANKE, J.; JUNGHANN, W.; VENDER, C.: Development of a hybrid variety system in Marjoram (*Origanum majorana* L.): Characterization of the pollinator populations. Euphytica **118** (1), 2001, 83-90
- NOTHNAGEL, TH.; FRESE, L.: Individual partner progress report. Technical progress report 2000 CEC Contract no: GenRes-CT99-105. In: Astley, D.: The future of European carrot : A program to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild species, HRI Wellesbourne, Warwick CV35 9EF, S. 18-23
- NOTHNAGEL, TH.; STRAKA, P.; SCHOLZE, P.; FRESE, L.: Evaluierung von Resistenzquellen gegen *Alternaria dauci* (Kühn) Grov. et Skolko in der Gattung *Daucus* und Untersuchungen resistenzgenetischer Grundlagen. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 89
- PANK, F.: Bericht zu „World Conference on Medicinal and Aromatic Plants 2001“ in Budapest. Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (4), 2001, 222-223
- PANK, F.: Berichte über Ergebnisse der Züchtungsforschung an Arznei- und Gewürzpflanzen auf der GFP-Jahrestagung 2000. Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (1), 2001, 9
- PANK, F.: Natural products research in the new millennium - Internationaler Kongress der Gesellschaft für Arzneipflanzenforschung 2000 in Zürich. Z. Arzn. Gew. Pfl. **5** (3/4), 2000, 114-115

- PANK, F.: Tagung der Arbeitsgruppe Arznei- und Gewürzpflanzen (17) der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V. am 15. März 2001 in Salzgitter-Ringelheim. Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (2), 2001, 89-91
- PANK, F.: Three approaches for the development of high performance cultivars considering the differing biological background of the starting material. Book of Abstracts: World Conference on Medicinal and Aromatic Plants 2001, Possibilities and limitations of medicinal and aromatic plants production towards the 21st century, 08.-11.07.2001, Budapest, Ungarn, S. 12
- PANK, F.: Welkebefall verschiedener Akzessionen des Johanniskrautes (*Hypericum perforatum* L.), genotypische Varianz und Umweltinteraktion wertbestimmender Inhaltsstoffe, agronomischer Merkmale und des Cadmiumgehaltes. Teilvorhaben: Sortenentwicklung. In: Nachwachsende Rohstoffe. Projektdokumentation 1997-1999. Schriftenreihe BMVEL, Reihe A: Angew. Wissenschaft, Sonderheft, 2000, 536-537
- PANK, F.: Ziele und Ergebnisse aktueller Projekte der Arznei- und Gewürzpflanzenzüchtung. Fachtagung für Heil- und Gewürzpflanzen, 12.-15.11.2001, SLVA Bad Neuenahr-Ahrweiler, Kurzfassung der Beiträge, S. 32
- PANK, F.: Zweites internationales Symposium „Züchtungsforschung an Arznei- und Gewürzpflanzen“. Jahresberichte der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung 2000, AG-Berichte, AG 17: Arznei- und Gewürzpflanzen
- PANK, F.; BLÜTHNER, W. D.; KRÜGER, H.; JUNGHANN, W.; OVERCAMP, J.: Züchtungserfolg verhilft einjährigem Kümmel zum Durchbruch. 11. Winterseminar, Bernburg 07.-08.02.2001. Kurzfassung der Referate und Poster, S. 27-28
- PANK, F.; BLÜTHNER, W. D.; KRÜGER, H.; JUNGHANN, W.; OVERCAMP, J.: Züchtungserfolg verhilft einjährigem Kümmel (*Carum carvi* L. var. *annuum hort*) zum Durchbruch. Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (3), 2001, 109-114
- PANK, F.; GABLER, J.; FORWICK-KREUZER, J.: Ergebnisse der Evaluierung einheimischer Populationen des Wiesenkümmels (*Carum carvi* L.). Symposium „Biologische Vielfalt durch Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Abstract, S. 92
- PANK, F.; HOPPE, B.: 11. Bernburger Winterseminar 2001, Editorial. Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (3), 2001, S. 101
- PANK, F.; KROTH, E.: Johanniskraut - Sonnenstrahl im Dunkel der Depression. Nachwachsende Rohstoffe : Vielfalt aus 1001 Projektidee, Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V., 2001, S. 68-69
- SCHOLZE, P.: Zur Problematik der Alternaria- Resistenz bei Gemüse-Brassicaceen. 3. Symp. Phytomedizin und Pflanzenschutz im Gartenbau, 17.-20.09.2001, Wien, Österreich, Beiträge, S. 72-73
- SCHOLZE, P.; PANK, F.; FOLTYS DE GARCIA, E.; BLÜTHNER, W.-D.; DEHE, M.; SCHNEIDER, E.: Bewertung der Anfälligkeit von Johanniskraut (*Hypericum perforatum* L.) gegenüber der Johanniskrautwelke (*Colletotrichum cf. gloeosporioides*). Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (4), 2001, 209-215

## Institut für Pflanzenanalytik

### Institute of Plant Analysis

#### Quedlinburg

- ANDREEV, G. N.; SCHRADER, B.; SCHULZ, H.; FUCHS, R.; POPOV, S.; HANDJIEVA, N.: Non-destructive NIR-FT-Raman analyses in practice. Fresenius J. Anal. Chem. **371**, 2001, 1009-1017
- FELDHEIM, W.; SCHULZ, H.; NIMMANNIT, S.; WISKER, E.: Altersabhängige Variation der Catechinprofile in unfermentierten Teeblättern (*Camellia sinensis* L.). XXXV. Vortragstagung. Tagungsbericht DGQ (Pflanzliche Nahrungsmittel) e. V., 20.-21.03.2000, Karlsruhe, S. 117-120
- HEINE, H.; EGER, H.; KRÜGER, H.: Qualität und Ertrag von Thymiansorten (*Thymus vulgaris* L.). Fachtagung für Heil- und Gewürzpflanzen, 12.-15.11.2001, SLVA Bad Neuenahr-Ahrweiler, Kurzfassung der Beiträge, S. 69

- HOBERG, E.; ULRICH, D.; HELD, D.: Sensory characterisation of asparagus breeding material by non-dominant odour sensations. Flavour 2000 : Perception, Release, Evaluation, Formation, Acceptance, Nutrition & Health, 6th Wartburg Aroma Symp., 10.-13.04.2000, Eisenach, Tagungsband, S. 137-143
- KRÜGER, H.: Möglichkeiten der Analytik zur Verbesserung der Selektionsschärfe in der Züchtung von Kümmel und Fenchel. Fachtagung für Heil- und Gewürzpflanzen, 12.-15.11.2001, SLVA Bad Neuenahr-Ahrweiler, Kurzfassung der Beiträge, S. 37
- KRÜGER, H.; MARTHE, F.: Enantiotaxonomical aspects in the species *Rosmarinus*, *Petroselinum* and *Ocimum*. 32nd Int. Symposium on Essential Oils ISEO 2001, 09.-12.09.2001, Wroclaw, Polen, Tagungsband, S. 128
- KRÜGER, H.; ZEIGER, B.; HAMMER, K.; HAMMERSCHMIDT, F. J.: A new chemotype of fennel (*Foeniculum vulgare* L.). World Conference on Medicinal and Aromatic Plants, 08.-11.07.2001, Budapest, Ungarn, Tagungsband, S. 29
- PFEFFER, S.; SCHULZ, H.; KRÜGER, H.: Potential of near-infrared spectroscopy (NIRS) for rapid quality evaluation of essential oils. 32nd Int. Symposium on Essential Oils ISEO 2001, 09.-12.09.2001, Wroclaw, Polen, Tagungsband, S. 94
- PFEFFER, S.; STEUER, B.; SCHULZ, H.: Rapid NIRS determination of echinacoside in the roots of *Echinacea Angustifolia* and *Echinacea Pallida*. World Conference on Medicinal and Aromatic Plants, 08.-11.07.2001, Budapest, Ungarn, Tagungsband, S. 41
- QUILITZSCH, R.; SCHULZ, H.: Qualitative und quantitative Inhaltsstoffbestimmungen an Salbei, Rosmarin, Kamille und Echinacea mittels Reflexionsverfahren im mittleren Infrarot (MIR). Fachtagung für Heil- und Gewürzpflanzen, 12.-15.11.2001, SLVA Bad Neuenahr-Ahrweiler, Kurzfassung der Beiträge, S. 46
- SCHRADER, B.; ANDREEV, G. N.; SCHULZ, H.; FUCHS, R.: Zerstörungsfreie FT-Raman-Spektroskopie in der Praxis. GDCh-Jahrestagung Chemie 2001, 23.-29.09.2001, Würzburg, Tagungsband
- SCHULZ, H.: Quality requirements for plant materials used in cosmetics. Proc. of the Symposium on Natural Products & Cosmeceuticals 2001, 26.-28.02.2001, London, Großbritannien
- SCHULZ, H.; KRÜGER, H.; HERCHERT, N.; KELLER, E. R. J.; KEUSGEN, M.: Charakterisierung von Allium-Bastarden auf Basis der Aromaprofile. XXXV. Vortragstagung. Tagungsbericht DGQ (Pflanzliche Nahrungsmittel) e. V., 20.-21.03.2000, Karlsruhe, S. 235-240
- SCHULZ, H.; KRÜGER, H.; KEUSGEN, M.: Verteilung der Aromastoffe sowie der entsprechenden Präkursoren in interspezifischen Allium-Hybriden. Lebensmittelchemie **55**, 2001, 37-38
- SCHULZ, H.; QUILITZSCH, R.; PFEFFER, S.: Rapid characterization of essential oils by micro mid-infrared diamond ATR spectrometry. 32nd Int. Symposium on Essential Oils ISEO 2001, 09.-12.09.2001, Wroclaw, Polen, Tagungsband, S. 93
- SCHULZ, H.; STEUER, B.; KRÜGER, H.: Potential of NIRS for supporting breeding and cultivation of medicinal and spice plants. Proc. of the 10th Int. Conference on Near-Infrared Spectroscopy, 10.-15.06.2001, Kyongju, Korea, Tagungsband, O6-2
- SCHULZ, H.; STEUER, B.; KRÜGER, H.; SCHÜTZE, W.: Möglichkeiten und Grenzen NIR-spektroskopischer Qualitätsbestimmung pflanzlicher Drogen. Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (3), 2001, 138-142
- SCHULZ, H.; STEUER, B.; KRÜGER, H.; SCHÜTZE, W.; JUNGHANNS, W.; WEINREICH, B.: Schnelle Erfassung von Qualitätsparametern in Rosmarinblättern (*Rosmarinus officinalis* L.) mittels Nah-Infrarotspektroskopie. Z. Arzn. Gew. Pfl. **6** (2), 2001, 79-84
- STEUER, B.; SCHÜTZE, W.; SCHULZ, H.; JOUBERT, E.: Analytische Charakterisierung des Fermentationsprozesses von Rotbuschtee (*Aspalathus linearis*). XXXV. Vortragstagung. Tagungsbericht DGQ (Pflanzliche Nahrungsmittel) e. V., 20.-21.03.2000, Karlsruhe, S. 257-260

ULRICH, D.; HOBERG, E.: Flavour improvement in fruit and vegetables through plant breeding. Flavour 2000 : Perception, Release, Evaluation, Formation, Acceptance, Nutrition & Health, 6th Wartburg Aroma Symp., 10.-13.04.2000, Eisenach, Tagungsband, S. 277-283

ULRICH, D.; HOBERG, E.; BITTNER, T.; ENGEWALD, W.; MEILCHEN, K.: Contribution of volatile compounds to the flavor of cooked asparagus. Eur. Food Res. Technol. **213**, 2001, 200-204

WETZEL, S. B.; KRÜGER, H.; HAMMER, K.: Variabilität von Basilikum (*Ocimum basilicum* L.). Schriften zu Genetischen Ressourcen **16**, 2000, 242-247

## Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof Siebeldingen

BORNHOFF, B.-A.: Übertragung von Fremdgenen auf Keltertraubensorten: Erste erfolgreiche Schritte in Deutschland. geilweilerhof aktuell **29** (1), 2001, 23-27

DETTWEILER, E.; JUNG, A.: Die Bedeutung alter Rebsorten früher und heute. Deut. Weinbau-Jahrbuch **52**, 2001, 113-118

DETTWEILER, E.; JUNG, A.: Die Müller-Thurgau-Rebe, das Kreuzungsprodukt von Riesling x Madeleine Royale. Deut. Weinbau-Jahrbuch **52**, 2001, 101-104

EIBACH, R.: Maintenance of genetic resources and their evaluation for viticulturally important traits. Congress Proc. 28th World Congress OIV, Adelaide, Australien, Section Viticulture 2001, S. 199-204

HARST, M; TÖPFER, R.: Vom Staubbeutel zur Rebe. Der Deutsche Weinbau **11**, 2001, 42-45

HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Cloning vector pBlueSfi AB. GenBank Acc.-No. AF327874

HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Cloning vector pBlueSfi BA. GenBank Acc.-No. AF327875

HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Binary vector pLH9000. GenBank Acc.-No. AF458478

HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Binary vector pLH9500. GenBank Acc.-No. AF458479

HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.: Optimierte binäre Vektoren für die Herstellung transgener Pflanzen ohne unerwünschte Sequenzen. Phytomedizin **31**, 2001, 29-30

KLENERT, M.; ADAM, CH.; HEUPEL, H.; KÖGLMEIER, W.: Internationale Weinbau-Literatur im Internet. Deut. Weinbau-Jahrbuch **52**, 2001, 11-16

ORTOIDZE, T.; DÜRING, H.: The primary processes of photosynthesis in shade-adapted leaves of grapevine. Proc. Institute Horticulture, Viticulture and Winemaking Tbilisi, Georgien, 2001, S. 14-17

ORTOIDZE, T.; DÜRING, H.: Light utilization and thermal dissipation in light- and shade-adapted leaves of Vitis genotypes. Vitis **40**, 2001, 131-136

TÖPFER, R.: Züchtung und Züchtungsforschung im Weinbau - Wohin führt der Weg? Kirche im ländlichen Raum, Themenheft „Von Weinstock und Reben“ **52** (3), 2001, 27-30

TÖPFER, R.: Gentechnik im Weinbau unter dem Blickwinkel der Rebenzüchtung. Niederschrift über die Tagung des Bundesausschuss für Weinforschung vom 05.-07.06.2001, S. 63-70

### Dissertationen:

BORNHOFF, B.-A.: Entwicklung einer Methode des Gentransfers mittels *Agrobacterium tumefaciens* an Gewebeexplantaten der Rebe (*Vitis vinifera* L.). Diss. Universität Karlsruhe, 2001

KORTEKAMP, A.: Charakterisierung der Plasmopara-Resistenz bei Weinreben (*Vitis* sp.). Diss. Universität Karlsruhe, 2001

SYRING-EHEMANN, A.: Isolierung und Charakterisierung von Acyl-ACP-Desaturasegenen aus dem Fettsäurebiosyntheseweg von *Lindera obtusiloba*. Diss. Universität Karlsruhe, 2001

## Vorträge/Poster Lectures/Posters

### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

BLECHERT, O.; DEBENER, T.: Charakterisierung der Interaktion zwischen *Diplosarpon rosae* und *Rosa* ssp. Jahrestagung der GPZ, AG Resistenz, 10.-12.12.2001, Fulda, Poster

DEBENER, T.: Gene for gene interactions in rose pathosystems. MPI für Züchtungsforschung, 14.11.2001, Köln, Vortrag

DEBENER, T.: Gene for gene interactions in rose pathosystems and their utilisation for molecular breeding. Institut für Pflanzenbiochemie, 09.10.2001, Halle, Vortrag

DEBENER, T.: Genetische und molekulare Analyse von Resistenzgenen in Rosen. Kasseler Gartenbautage, 22.01.2001, Kassel und Biologisches Kolloquium, 31.05.2001, GH Kassel, Vortrag

DEBENER, T.: Moderne Rosenzüchtung zwischen Klassik und High Tech. Verein Jordsand, 08.02.2001, Ahrensburg, Vortrag

DEBENER, T.: Molecular markers for breeding and variety identification in rose. Seminar am Plant Research International, 10.04.2001, Wageningen, Niederlande, Vortrag

DEBENER, T.: Molecular tools for modern ornamental plant breeding and selection. 20<sup>th</sup> Int. EUCARPIA Symposium „Strategies for new ornamentals“, 04.07.2001, Melle, Belgien, Vortrag

DEBENER, T.: Molecular tools for rose breeding and genetics. Seminarveranstaltung an der École Normale Supérieure, 03.05.2001, Lyon, Frankreich, Vortrag

DEBENER, T.: Roses: A model system for molecular breeding in woody perennials. Seminar am Institut für Angewandte Botanik, 07.03.2001, Hamburg, Vortrag

DOHM, A.: *Agrobacterium*-vermittelter Gentransfer bei Rosen. Workshop der AG Gentechnik der deutschen Sektion der IAPTC, 13.-14.07.2001, Bonn, Vortrag

DOHM, A.: Transformation of roses with genes for antifungal proteins to reduce their susceptibility to fungal diseases. 20<sup>th</sup> Int. EUCARPIA Symposium „Strategies for new ornamentals“, 03.-06.07.2001, Melle, Belgien, Vortrag

DOHM, A.; LUDWIG, C.; SCHILLING, D.; DEBENER, T.: Transformation of roses with genes for antifungal proteins to reduce their susceptibility to fungal diseases. 20<sup>th</sup> Int. EUCARPIA Symposium „Strategies for new ornamentals“, 03.-06.07.2001, Melle, Belgien, Poster

DUNEMANN, F.: Genetische und molekulare Charakterisierung der Kalktoleranz von Rhododendren. Seminarreihe zur Umweltforschung der Universität Bremen, 20.06.2001, Bremen, Vortrag



Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik  
Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics  
Aschersleben

- BARCHEND, G.: Analyse der Ursachen der Blattfleckenkrankheit beim Feldsalat. GFP Sommertagung, AK Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzen, 18.06.2001, Biozentrum Halle, Vortrag
- BARCHEND, G.: Blattflecken am Feldsalat. GFP Jahrestagung, Abteilung Gemüse, 08.11.2001, Bonn, Vortrag
- BARCHEND, G.: Erste Ergebnisse zur epidemiologischen Bedeutung von ausgewählten Unkräutern als Überhälter und Infektionsquelle für *Ralstonia solanacearum*. AK „Bakterielle Quarantänekrankheiten an Kartoffeln und anderen Kulturen“, 13.-14.02.2001, Braunschweig, Vortrag
- BARCHEND, G.: Investigations on epidemiological importance of weeds as a sources for *Ralstonia Solanacearum*. 9<sup>th</sup> Symposium „New Aspects of Resistance Research on cultivated plants“, 15.-16.11.2001, Aschersleben, Vortrag
- EHRIG, F.: Der Einsatz der Elektronenmikroskopie in der Pflanzenschutzforschung: Beispiele aus Transmissions- und Rasterelektronenmikroskopie. Fachbereich Phytopathologie der MLU Halle, Juli, 2001, Vortrag
- EHRIG, F.: Was macht unsere Pflanzen krank - Krankheitserreger im Elektronenmikroskop. Bundesgartenschau, 27.07.2001, Potsdam, Vortrag
- FOMITCHEVA, V. W.; KÜHNE, TH.: Biologically active transcripts from cloned cDNA of barley mild mosaic bymovirus RNAs. DPG Arbeitskreis Viruskkrankheiten der Pflanzen und der Nederlandse Kring voor Plantevirologie, 29.-30.03.2001, Köln, Poster
- FOMITCHEVA, V. W.; KÜHNE, TH.: Infectious in vitro transcripts from cloned cDNA of Barley mild mosaic bymovirus RNAs. IXth Conference on Virus Diseases of Gramineae in Europe, 21.-23.05.2001, Central Science Laboratory, York, Großbritannien, Vortrag
- GABLER, J.: Bedeutung, Symptomatologie und Ursachen der Doldenbräune. GFP Sommertagung, AK Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzen, 18.06.2001, Biozentrum Halle, Vortrag
- GABLER, J.; BRENNER, E.; URBAN, M.: Development of methods to screen annual caraway (*Carum carvi* L. var. *annuum*) for resistance to umbel browning - first results. World Conference on Medicinal and Aromatic Plants, 08.-11.07.2001, Budapest, Ungarn, Poster
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, TH.: Detection of Soil-borne wheat mosaic virus (SBRMV) and its transmission by *Polymyxa graminis* Led. under controlled conditions. DPG Arbeitskreis Viruskkrankheiten der Pflanzen und der Nederlandse Kring voor Plantevirologie, 29.-30.03.2001, Max-Planck-Institut Köln, Poster
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, TH.: Evaluierung von Weizen und Roggen auf Resistenz gegenüber dem Soil-borne cereal mosaic virus unter kontrollierten Bedingungen. Sommertagung der GFP-Abteilung Getreide, 25.-26.06.2001, Giessen, Vortrag
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, TH.: Bodenbürtige Getreideviren – eine Gefahr auch für den ökologischen Landbau. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg
- KASTIRR, U.; RABENSTEIN, F.; KÜHNE, TH.: Evaluierung von Weizen und Roggen auf Resistenz gegenüber dem Soil-borne cereal mosaic virus unter kontrollierten Bedingungen. Tagung der GPZ-AG Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung im Getreide, Hülsenfrüchte und Raps und der DPG-AG Resistenzzüchtung, 10.-12.12.2001, Fulda
- KUSTERER, A.: Krankheiten und Schädlinge an ausgewählten Gewürzpflanzen. Bundesgartenschau, 13.07.2001, Potsdam, Vortrag

- KUSTERER, A.: Viruskrankheiten an Dill. Vorlesung Phytomedizin 2. Semester, 02.05.2001, Fachhochschule Erfurt, Vortrag
- KUSTERER, A.; GABLER, J.; KÜHNE, TH.: Schaderregerkomplex an Dill - Welchen Einfluss hat dies für die Resistenzzüchtung? GPZ-Tagung, 10.-12.12.2001, Fulda, Poster
- KUSTERER, A.; GABLER, J.; RABENSTEIN, F.; EHRIG, F.; KÜHNE, TH.: Viruserkrankungen an Dill. 38. Gartenbauwissenschaftliche Tagung, 28.02.-02.03.2001, Osnabrück, Vortrag
- KÜHNE, TH.: Molekulargenetische Untersuchungen am *Barley mild mosaic virus*. Kolloquium, 18.04.2001, Landwirtschaftliche Fakultät Halle, Vortrag
- KÜHNE, TH.: Resistenzstrategien für den Ökologischen Landbau. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- KÜHNE, TH.; FISCHER, C.; RICHTER, K.; HANKE, V.: Resistenzforschung und Resistenzzüchtung - Schaffung genetischer Voraussetzungen für die umweltschonende Erzeugung gesunder und hochwertiger Kulturpflanzen. BMVEL, Fachtagung „Innovationen im Pflanzenschutz“, 07.-08.03.2001, Berlin, Vortrag und Poster
- MATTERN, D.; SCHUBERT, J.: Erste Erkenntnisse zur Blattlausbesiedlung transgener Pflanzen. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Vortrag
- MATTERN, D.; MATOUSEK, J.; SCHUBERT, J.: Overcoming of transgenic resistance to PVYN by PVYN -Wi enabled a following co-infection with a PVYN-strain. DPG Arbeitskreis Viruskrankheiten der Pflanzen und der Niederlande Kring voor Plantevirologie, 29.-30.03.2001, Max-Planck-Institut Köln, Poster
- MATTERN, D.; SCHUBERT, J.: Der Einfluss gentechnisch veränderter, virusresistenter Kartoffellinien auf das invadierende Pathogenspektrum und deren Vektoren unter Freilandbedingungen. GPZ/DPG-Tagung, 10.-12.12.2001, Fulda, Vortrag
- NACHTIGALL, M.; SAKER, M.; KOPAHNKE, D.; WALTHER, U.: Entwicklung molekularer Marker bei Gerste gegen pilzliche Schaderreger. 52. Tagung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 20.-22.11.2001, Gumpenstein/Raumberg, Österreich, Vortrag
- RABENSTEIN, F.: Qualitätssicherung und Verbraucherschutz durch pilzresistente Getreidearten. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- RABENSTEIN, F.: Serological methods in pathogen diagnostics-basis for the development of efficient resistance evaluation procedures. EU Phare-Projekt, 03.07.2001, Vilnius, Litauen, Vortrag
- RABENSTEIN, F.: Serologische Methoden in der Pathogendiagnostik - Grundlage für die Entwicklung effizienter Resistenzprüfverfahren. Kolloquium, 11.04.2001, MLU Halle-Wittenberg, Vortrag
- RABENSTEIN, F.; GABLER, J.; EHRIG, F.: Sichere und empfindliche serologische Methoden zur Pathogendiagnose als Grundlage für die Entwicklung effizienter Resistenzprüfverfahren. Kolloquium, 04.04.2001, Institut für Gemüse- u. Zierpflanzenbau, Erfurt-Kühnhausen, Poster
- RABENSTEIN, F.; KASTIRR, U.; HABEKUSS, A.: Virus diseases of cereals in Europe descriptions, symptoms and detection. EU Phare Projekt, 04.07.2001, Vilnius, Litauen, Vortrag
- RABENSTEIN, F.; LIND, V.: Serodiagnose von Fusarium an Weizen und Gerste. GFP-Jahrestagung, Abteilung Getreide, 08.11.2001, Bonn, Vortrag
- REISS, E.; HORSTMANN, C.; ROTHE, G. M.; MATTERN, D.: Isoform detection for some pathogenesis-related proteins of barley (*Hordeum vulgare* L.) infected with *Drechslera teres*. 50th Anniversary Conf. Crop Science on the Verge of the 21st century - opportunities and challenges, 11.-13.09.2001, Prag, Tschechien, Poster

SEEBER, H.; KERSTEN, O.; FÜTING, M.; EHRIG, F.; WIEDIG, M.; CISMAK, A.: Preparation and investigation of human tissue - a comparison between conventional and environmental SEM techniques. Dreiländertagung für Elektronenmikroskopie, 09.-14.09.2001, Zürich, Schweiz, Poster

TAUBENRAUCH, K.: Anfälligkeitsunterschiede von Fenchelsorten (*Foeniculum vulgare* Mill.) gegenüber *Mycosphaerella anethi* Petr. GPZ/DPG-Tagung, 10.-12.12.2001, Fulda, Poster

TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.; PANK, F.; HAU, B.: Erste Ergebnisse zur Sortenanfälligkeit von Arzneifenchel (*Foeniculum vulgare* Mill.) gegenüber *Mycosphaerella anethi* Petr. 11. Bernburger Winterseminar Arznei- u. Gewürzpflanzen, 07.-08.02.2001, Bernburg, Poster

TAUBENRAUCH, K.; GABLER, J.; RABENSTEIN, F.; PANK, F.; HAU, B.: Methoden zur Ermittlung der Anfälligkeit von Fenchelsorten (*Foeniculum vulgare* Mill.) gegenüber *Mycosphaerella anethi* Petr. DGG Tagung, 28.02.-02.03.2001, Osnabrück, Poster

## Institut für Epidemiologie und Resistenz Institute of Epidemiology and Resistance Aschersleben

GRAICHEN, K.: Aktuelle Virusbefallssituation beim Winterraps und Vorarbeiten zum neuen Verbundprojekt. GFP-Jahrestagung, 08.11.2001, Bonn, Vortrag

GRAICHEN, K.: *Turnip yellows virus* in winter oilseed rape. Technical Meetings - 2001, Groupe Consultative Internationale de Recherche sur le Colca (G.C.I.R.C.), 05.-07.06.2001, Poznan, Polen, Vortrag

GRAICHEN, K.: Verteilung des Virusbefalls in großflächigen Winterrapsbeständen. Tagung des Arbeitskreises Integrierter Pflanzenschutz „Projektgruppe Winterraps“ der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft, 13.-14.02.2001, Braunschweig, Vortrag

GRAICHEN, K.: Virusbefallssituation und Befallsminderung bei Winterraps. Sitzung der UFOP-Fachkommission „Raps“, 07.-08.02.2001, Bonn, Vortrag

GRIESBACH, E.: *Xanthomonas* an Kohl und Pelargonien - Ausbreitung des Erregers und Resistenzzüchtung. 5. Pflanzenschutztagung im Gartenbau, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, 23.01.2001, Leipzig und 25.01.2001, Chemnitz, Vortrag

PROESELER, G.: Evaluierung der genetischen Ressourcen von Gerste und Weizen auf Resistenz gegenüber ausgewählten Schaderregern. 43. Mitgliederversammlung der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft, 25.09.2001, Humboldt-Universität Berlin, Vortrag

PROESELER, G.: The successful cooperation between Praha-Ruzyne and Aschersleben. 50th Anniversary Conference „Crop science on the verge of the 21st century - opportunities and challenges“, 11.-13.09.2001, Prag, Tschechien, Vortrag

RICHTER, K.; GRIESBACH, E.; HABEKUSS, A.; KOPAHNKE, D.; LIND, V.; SCHLIEPHAKE, E.: Evaluation of genetic resources for resistance to pathogens and pests in the Institute of Epidemiology and Resistance. Symposium „Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources“, 08.-09.10.2001, IPK Gatersleben, Poster

RICHTER, K.; FISCHER, C.: Die Stabilität der Feuerbrandresistenz bei Apfel. Tagung des Arbeitskreises Phyto bakteriologie der DPG, 06.-07.09.2001, Rostock, Vortrag

RICHTER, K.; FISCHER, C.: Stability of fire blight resistance in apple. 9th Symp. „New Aspects of Resistance Research on Cultivated Plants“ - Bacterial diseases, 15.-16.11.2001, Aschersleben, Vortrag

RIEMER, H. M.; FRESE, L.; HARRER, S.; SCHLIEPHAKE, E.: Deutsches Netzwerk für die Evaluierung von Getreide auf Krankheitsresistenz (EVA II). Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Poster

RIEMER, H. M.; SCHLIEPHAKE, E.: Ein Netzwerk zur Verbesserung der Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen in der Züchtung. GFP-Jahresversammlung, 08.11.2001, Bonn, Vortrag

RIEMER, H. M.; SCHLIEPHAKE, E.: Improvement of the use of plant genetic resources in resistance breeding. Symposium „Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources“, 08.-09.10.2001, IPK Gatersleben, Poster

SCHLIEPHAKE, E.; LEISTNER, H.-U.: Comparison of the genotypic variability by molecular marker analysis in *Rhopalosiphum padi*-clones established from different locations. 6th Int. Symp. on Aphids „Aphids in a New Millennium“, 03.-07.09.2001, Rennes, Frankreich, Poster

## Genbank Gene Bank Braunschweig

FRESE, L.: Evaluation and enhancement of Beta collections for extensification of agricultural production. Meeting of the IIRB study group „Breeding and Genetics“ of the IIRB, 24.-26.09.2001, Valladolid, Spanien, Vortrag

FRESE, L.: Internationale, nationale und regionale Zusammenarbeit für die Erhaltung und Nutzung von Biodiversität in der Agrarproduktion. Veranstaltungsreihe der Agenda21 Initiative des Bildungswerks der DAG, 30.01.2001, Braunschweig, Vortrag

FRESE, L.: Pflanzengenetische Ressourcen – Quelle des Züchtungsfortschritts. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag

FRESE, L.: Sugar beets and related wild species – from collecting to utilisation. Symposium „Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources“, 08.-09.10.2001, IPK Gatersleben, Vortrag

FRESE, L.; HABEKUSS, A.: Erschließung pflanzengenetischer Ressourcen für die pflanzliche Produktion. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft ?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Vortrag

GERMEIER C.: Der ökologische Landbau - naturwissenschaftliche, historische und rechtliche Grundlagen. BAZ , 05.12.2001, Quedlinburg, Vortrag

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

BUENO, M. A.; GOMEZ, A.; AGRUIRIANO, E.; MANZANERA, J. A.; HÖFER, M.: Molecular characterization of apple pure line of microspore embryogenesis. VI. Reunion de Biologica Molecular de Plantes, 31.05.–02.06.2001, Toledo, Spanien, Poster

BUENO, M. A.; MANZANERA, J. A.; PINTOS, B.; GOMEZ, A.; HÖFER, M.: Pure line production of woody species: *Quercus suber* and *Malus domestica*. 43. Int. Meeting of the European Tissue Culture Society, 30.09.–03.10.2001, Granada, Spanien, Poster

FISCHER, C.: Apfelsorten mit hohem Qualitätsanspruch in Dresden-Pillnitz. Internationale Grüne Woche, 18.-28.01.2001, Berlin, Poster

FISCHER, C.: Apfelsortenzüchtung in Deutschland und Vorstellung neuer Apfelsorten. BUGA, 14.09.2001, Potsdam, Vortrag

FISCHER, C.: Apfelsortenzüchtung in Dresden-Pillnitz. Tagung von Experten aus Ministerien, Pflanzenschutz, wissenschaftlichen Einrichtungen, 01.03.2001, Berlin, Poster

- FISCHER, C.: Neue Apfelsorten aus der Pillnitzer Obstzüchtung mit Verkostungen. Sachsens Grüne Tage, 07.-10.11.2001, Torgau, Vortrag
- FISCHER, C.: Neue Apfelsorten aus Dresden-Pillnitz und ihre Fruchtqualität. Internationale Grüne Woche, 19.01.2001, Berlin, Vortrag
- FISCHER, C.; FISCHER, M.: Ergebnisse der Resistenzprüfung gegenüber Apfelschorf im Rahmen des EU-Projektes: DARE FAIRS-CT97-3898. DARE-Meeting, 15.-17.02.2001, East Malling, Großbritannien, Vortrag
- FISCHER, C.; RICHTER, K.: Fire blight apple varieties by conventional breeding. ISHS, 9. Int. Workshop on Fire Blight, 08.-12.10.2001, Napier, Neuseeland, Poster
- FISCHER, C.; RICHTER, K.: Langfristige Alternativen zum Antibiotika-Einsatz - Feuerbrandresistente Apfelsorten. Expertenberatung zum Feuerbrand, 04.-05.12.2001, Tettngang, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.: Entwicklung molekularer Marker an Hanf (*Cannabis sativa* L.) und der Kartierung. Pflanzenzüchterisches Kolloquium, 11.07.2001, Martin-Luther-Universität, Halle, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.: Entwicklung und Kartierung geschlechtsspezifischer Marker bei Hanf (*Cannabis sativa* L.). GPZ-Tagung „Kurt von Rümker-Vorträge“, 20.06.2001, Universität Bonn, Institut für Pflanzenbau, Bonn, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.; HANKE, V.: Etablierung männlicher Sterilität und Parthenokarpie in transgenen Kulturapfelsorten zur Verhinderung des vertikalen Gentransfers auf Wild- und Kulturapfel. Tagung des Wissenschaftlichen Beirates der BAZ, 27.-28.06.2001, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- FLACHOWSKY, H.; SCHUMANN, E.; WEBER, W. E.; PEIL, A.: AFLP marker for male plants of hemp (*Cannabis sativa* L.). 9. GPZ-Tagung „AG Molekulare Marker“, 25.-26.09.2001, Martin-Luther-Universität, Halle, Poster
- HANKE, V.: Gentechnologie in der Pflanzenproduktion - gegenwärtiger Stand und Entwicklungsrichtungen. AGRUB GmbH Sachsen, 03.-05.01.2001, Großwaltersdorf/Kleinbardau/Gersdorf, Vorträge
- HANKE, V.: Nutzung der Gentechnik in der Obstzüchtung. Arbeitskreis Kernobst der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft, 15.03.2001, Dresden, Vortrag
- HANKE, V.: Etablierung männlicher Sterilität und Parthenokarpie in transgenen Kulturapfelsorten. Verbundprojekt „Transgene Gehölze“, 1. Treffen, 16.05.2001, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- HANKE, V.: Fruit breeding at Dresden-Pillnitz. Institutskolloquium, Institut of Hort Research, 04.10.2001, Auckland, Neuseeland, Vortrag
- HANKE, V.: Bio- und Gentechnologie in der Landwirtschaft. Projekttag für Lehrer und Schüler, Sächsische Bildungsgesellschaft für Umweltschutz und Chemieberufe, 23.10.2001, Dresden, Vortrag
- HANKE, V.; GEIDER, K.: A new approach to evaluate fire blight resistance in vitro. ISHS, 9. Int. Workshop on Fire Blight, 08.-12.10.2001, Napier, Neuseeland, Poster
- HANKE, V.; KIM, W.-S.; GEIDER, K.: Perspektiven in der Obstzüchtung in Dresden-Pillnitz. Obstbau Versuchsring Altes Land, Jork, Beirat Kernobst, 16.11.2000, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- HANKE, V.; URBANIETZ, A.; DUNEMANN, F.: Phytopathological and molecular characterization of *Podosphaera leucotricha*. EU-Projekt SMADIA, 1. Treffen, 28.09.2001, East Malling, Großbritannien, Vortrag
- HÖFER, M.: Gametische Embryogenese bei Apfel. Tagung des Wissenschaftlichen Beirates der BAZ, 27.-28.06.2001, BAZ, Institut für Obstzüchtung, Dresden-Pillnitz, Vortrag
- KÜHNE, TH.; FISCHER, C.; RICHTER, K.; HANKE, V.: Resistenzforschung und Resistenzzüchtung - Schaffung genetischer Voraussetzungen für die umweltschonende Erzeugung gesunder und hochwertiger Kulturpflanzen. Tagung von Experten aus Ministerien, Pflanzenschutz, 01.03.2001, Berlin, Vortrag

PEIL, A.; FLACHOWSKY, H.; SCHUMANN, E.; WEBER, W. E.: AFLP-Marker zur Charakterisierung der Geschlechtschromosomen bei Hanf. 9. GPZ-Tagung „AG Molekulare Marker“, 25.-26.09.2001, Martin-Luther-Universität, Halle, Vortrag

SCHUSTER, M.: Cherry breeding at Dresden-Pillnitz. ISHS, 4. Int. Cherry Symposium, 24.-29.06.2001, Hood River (OR) und Richland (WA), USA, Vortrag

SCHUSTER, M.: Kirschenzüchtung im Institut für Obstzüchtung Dresden-Pillnitz der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen. 11. Elbhangfest, 23.-24.07.2001, Dresden-Pillnitz, Poster

SCHUSTER, M.; WOLFRAM, B.: Meiotic investigations in a *Prunus avium* x *P. canescens* hybrid. ISHS, 4. Int. Cherry Symposium, 24.-29.06.2001, Hood River (OR) und Richland (WA), USA, Poster

## Institut für landwirtschaftliche Kulturen Institute of Agricultural Crops Groß Lüsewitz

ACKERMANN, D.; SCHMIDT, B.; SONNTAG, K.; SELLNER, M.: *In vitro* culturing of plants useful as raw materials with the temporary immersion technique. Biotechnica 2001, 09.-11.10.2001, Hannover, Poster

ANTONOVA, O. Y.; KOSTINA, L. J.; SCHÜLER, K.; THIEME, R.: Proof of identity of long-term stored potato germplasm by use of molecular markers. Symposium „Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources“, 08.-09.10.2001, IPK-Genbank, Gatersleben, Poster

BROER, I.; KÖHNE, ST.; SONNTAG, K.; NEUMANN, K.: Etablierung eines Systems zur induzierbaren männlichen Sterilität in transgenen *Brassica-napus*-Linien. NAROSSA, 7. Int. Conference for Renewable Resources, 11.-12.06.2001, Magdeburg, Poster

DARSOW, U.: Fortschritte in der Züchtung auf *Phytophthora*-Resistenz bei Kartoffeln. Tagung der GPZ und DPG „Fortschritte in der Krankheitsbekämpfung und Resistenzzüchtung bei landwirtschaftlichen Kulturpflanzen“, 10.-12.12.2001, Fulda, Vortrag

DARSOW, U.: Resistenzzüchtung bei der Kartoffel - Genetischer Pflanzenschutz für einen gesunden und ökologisch verträglichen Kartoffelanbau. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag

DARSOW, U.; SCHÜLER, K.; SCHILDE-RENTSCHLER, L.: Genbankherkünfte bei Kartoffeln - Evaluierung der *Phytophthora*-Resistenz und Nutzung als genetische Ressourcen für die Resistenzzüchtung. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Poster

HACKAUF, B.; MAKAROVA, N.; WEHLING, P.: Molecular analysis of self-incompatibility in rye EUCARPIA Rye Meeting, 04.-07.07.2001, Radzików, Polen, Poster

HACKAUF, B.; WEHLING, P.: Development of microsatellite markers in rye. EUCARPIA Rye Meeting, 04.-07.07.2001, Radzików, Polen, Vortrag

HACKAUF, B.; WEHLING, P.: Entwicklung und Kartierung von Mikrosatelliten-Markern im Roggen. 9. Arbeitstagung der GPZ AG Molekulare Marker, 25.-26.09.2001, Halle, Vortrag

HERRMANN, M.; OETTLER, G.; WAHLE, G.; SCHACHSCHNEIDER, R.; SCHINKEL, B.: Ergebnisse zur Evaluierung genetischer Ressourcen bei Triticale. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Poster

LELLBACH, H.: Rostresistentes Weidelgras - Voraussetzung für hohe Futterqualität. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag

- LELLBACH, H.: Stand der Züchtungsforschung zur Kronen- und Schwarzrostresistenz bei Weidelgräsern. 52. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 20.-22.11.2001, Gumpenstein, Österreich, Vortrag
- ROUX, S. R.: Aktuelle Arbeiten und zukünftiger Forschungsbedarf zu Schwarzrost und *Rhynchosporium*-Blattflecken bei Roggen. Statusseminar Roggenforschung, 13.03.2001, Hannover, Vortrag
- ROUX, S. R.; RUGE, B.; WEHLING, P.: Evaluierung und züchterische Erschließung von Genbankherkünften als potenzielle Resistenzressourcen bei Roggen. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- RUDLOFF, E.; SONNTAG, K.: Nutzung der somatischen Hybridisierung für die Verbesserung von Brassica-Ölpflanzen, GFP-Jahrestagung, 08.-09.11.2001, Bonn, Vortrag
- RUGE, B.; ROUX, S. R.; WEHLING, P.: Leaf rust resistance in rye - Evaluation, genetic analysis and mapping with molecular markers. EUCARPIA Rye Meeting, 04.-07.07.2001, Radzików, Polen, Vortrag
- SCHMIDT, B.; WERTH, H.; DÖSCHER, B.; SONNTAG, K.; SELNER, M.: In-Vitro-Vermehrung von Rohstoffpflanzen über temporäre Immersionssysteme. NAROSSA, 7. Int. Conference for Renewable Resources, 11.-12.06.2001, Magdeburg, Poster
- SCHOLZ, M.; RUGE, B.; HACKAUF, B.: Identification of novel interspecific hybrids between *Hordeum vulgare* and *Hordeum bulbosum*. Symposium „Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources“, 08.-09.10.2001, IPK-Genbank, Gatersleben, Poster
- SONNTAG, K.: Agrobakterien-vermittelter Gentransfer bei *Brassica napus*. Workshop „Agrobakterien-vermittelte Transformation und Regeneration transgener Pflanzen“, Arbeitskreis Gentechnik der deutschen Sektion der IAPTC, 13.-14.07.2001, Bonn, Vortrag
- SONNTAG, K.: Transformation ausgewählter Genkonstrukte zur Erzeugung neuer Raps-Ausgangsformen: Gegenwärtiger Stand der Arbeiten und das weitere Vorgehen, 2. Verbundtreffen „Neuartige Rapsöle“, 26.-27.09.2001, Siebelingen, Vortrag
- SONNTAG, K.; RUDLOFF, E.; GRAMENZ, J.; WANG, Y.; GROENEVELD, I.: Nutzung biotechnologischer Methoden zur Erweiterung der genetischen Diversität bei Raps (*Brassica napus* L.). Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Poster
- THIEME, R.; HEIMBACH, U.; THIEME, T.: Breeding for aphid and virus resistance in potatoes. Sixth Int. Symposium on Aphids, 03.-07.09.2001, Rennes, Frankreich, Poster
- WANG, Y.; GRAMENZ, J.; HACKAUF, B.; SONNTAG, K.: Somatic hybridization for development of rapeseed with high erucic acid content. NAROSSA, 7. Int. Conference for Renewable Resources, 11.-12.06.2001, Magdeburg, Poster
- WEHLING, P.: Development and mapping of SSR markers in rye. 1. Statusseminar GABI, 20.-21.02.2001, Bonn, Vortrag
- WEHLING, P.: Erschließung genetischer Ressourcen für die Resistenzzüchtung bei Getreide. Wissenschaftliches Kolloquium der Agrarwissenschaftlichen Fakultät zum 60. Geburtstag von Prof. Dr. W. E. Weber, 17.10.2001, Martin-Luther-Universität Halle, Vortrag
- WEHLING, P.: Structural and functional comparison of disease resistance genes between rye and other plants. 1. Statusseminar GABI, 20.-21.02.2001, Bonn, Vortrag
- WEHLING, P.: Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturpflanzen an der BAZ-Groß Lüsewitz. Expertengespräch zum Thema „Die Zuckerrübe als Teil der BAZ-Aktivitäten?“, 21.09.2001, Quedlinburg, Vortrag
- WEHLING, P.; RUGE, B.; LINZ, A.: *Hordeum bulbosum* - eine neue genetische Ressource für die Züchtung virusresistenter Gerste. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag

# Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität

## Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials

### Groß Lüsewitz

- BALKO, C.: Trockenstress bei Kartoffeln - Variabilität und indirekte Selektionskriterien. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- FLAMME, W.; JANSEN, G.: Sommer- und Wintergersten mit veränderter Kohlenhydratzusammensetzung als Quelle für diätetische Lebensmittel, Futtermittel und Industrierohstoffe. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- FLAMME, W.; JANSEN, G.; JUGERT, M.: Getreide, Mehl und unser täglich Brot aus der Sicht der Qualitätsforschung und -züchtung. Internationale Grüne Woche, 25.01.2001, Berlin, Vortrag
- FLAMME, W.; JANSEN, G.; JÜRGENS, H.-U.: Near Infrared Spectroscopy (NIR) - spectroscopy, colour measurement and single kernel characterization in rye breeding. EUCARPIA Rye Meeting, 04.-07.07.2001, Radzików, Polen, Poster
- HUTH, M.; GEBHARDT, E.; DONGOWSKI, G.; WEBERS, V.; FLAMME, W.; JACOBI, A.: Neue Ballaststoffprodukte aus Gerste. 12. Int. Tagung zu Problemen der Getreideverarbeitung und Getreidechemie „Funktionelle Getreidelebensmittel“, 20.-21.09.1999, Bergholz-Rehbrücke, Poster
- JANSEN, G.: Labortests und Analytik zu vorhandenen Prüfstämmen, Inhaltsstoffanalysen. Projektbesprechung: Untersuchungen zur Farbstoffderivation aus Kulturkartoffelstämmen (*Solanum tuberosum* Genpool) und Prüfung der wirtschaftlichen Nutzbarmachung darin enthaltener Farbpigmente, 27.11.2001, Groß Lüsewitz, Vortrag
- JANSEN, G.; FLAMME, W.: Rheology - instrumentation and application to quality breeding of rye. EUCARPIA Rye Meeting, 04.-07.07.2001, Radzików, Polen, Poster
- JANSEN, G.; SEDDIG, S.; JÜRGENS, H.-U.; FLAMME, W.: Rohstoff- und Stärkequalität von Wintergerste im CO<sub>2</sub>-Anreicherungsversuch 2000. 2. Arbeitstreffen zum „Braunschweiger Kohlenstoff-Projekt“ (FACE/Mikrometeorologie) des Instituts für Agrarökologie, 18.12.2001, Braunschweig, Vortrag
- WEGENER, C.: Eine transgen vermittelte Nassfäulerresistenz in Kartoffeln - Ergebnisse aus mehrjährigem Feldanbau. Wintertagung der AG Kartoffelzüchtung und Pflanzguterzeugung der GPZ, 21.-22.11.2001, Göttingen, Vortrag
- WEGENER, C.: Transgenic resistance against *Erwinia* soft rot - four years of field experiments. 9th Ascherslebener Symp. „New Aspects of Resistance Research on Cultivated Plants“, 15.-16.11.2001, Aschersleben, Vortrag

# Institut für gartenbauliche Kulturen

## Institute of Horticultural Crops

### Quedlinburg

- AHMED, M. A.; BUDAHN, H.; PETERKA, H.: Towards the QTL-mapping of nematode resistance in oil radish (*Raphanus sativus* L.). AG Molekulare Marker der GPZ, 25.-26.09.2001, Halle, Vortrag
- KLOCKE, E.: Die Sprache der Moleküle : Grundlagen molekularer Markertechniken. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- KLOCKE, E.: Gentechnik und Lebensmittel - Einblicke in unsere tägliche Portion Gene. Sonderlehrgang der VKD Landesgruppen Sachsen-Anhalt und Niedersachsen für Küchenleiterinnen, Küchenleiter und Diätfachkräfte, 24.-25.04.2001, Quedlinburg, Vortrag



- KLOCKE, E.: Gentechnologische Ansätze zur TuMV-Resistenz bei *Brassica oleracea*. GFP-Jahrestagung, Abteilung Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzen, 08.-09.11.2001, Bonn, Vortrag
- KLOCKE, E.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.: Molekulare Analyse von wiederholt rückgekreuzten synthetischen allopolyploiden Bastarden innerhalb der Gattung *Brassica*. AG Molekulare Marker (4) 9. Vortragstagung der GPZ, 08.-09.10.2001, Halle/Saale, Poster
- KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.; KRÄMER, R.; SCHUBERT, J.: Agrobakterien vermittelter Transfer der TuMV-Virushüllprotein- und Nib –Gene in *Brassica oleracea*. Workshop des AK Gentechnik der deutschen Sektion der IAPTC, 13-14.07.2001, Bonn, Vortrag
- KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.; KRÄMER, R.; SCHUBERT, J.: Agrobacterium mediated transfer of TuMV genes into *Brassica* ssp. Research Institute for Phytopathology, 25.06.2001, Golitsino, Moskauer Region, Russland, Vortrag
- KLOCKE, E.; SCHUMANN, G.: Molecular markers - new tools for plant breeding. Seminar der Deutschen Stiftung für internationale Entwicklung. „Seed Technology - Organization and Management of Seed Programmes“, 11.07.2001, Quedlinburg, Vortrag
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.: Resistenz gegenüber dem Turnip mosaic virus (TuMV). BAZ, Versuchsfeld, Informationsveranstaltung für das Personal, 13.03.2001, Quedlinburg, Vortrag
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; KLOCKE, E.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.: Natürlicher Schutz der Pflanzen vor Krankheiten - Virusresistenz im Kohlgemüse. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- KRÄMER, R.; MARTHE, F.; RABENSTEIN, F.; PROLL, E.; SCHUBERT, J.; EHRIG, F.; LÖPTIEN, H.; KECKE, S.; SCHWARZ, S.: Einfluss des Turnip mosaic virus (TuMV) auf Ertrag und Nekrosenbildung beim Weißkohl (*Brassica oleracea* var. *capitata*). GFP-Jahrestagung, Abteilung Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzen, 08.11.2001 Bonn, Vortrag
- LINKE, B.; NOTHNAGEL, TH.; BÖRNER, T.: Nuclear-mitochondrial disharmony can influence flower formation in carrot. 14. Annual Meeting of the German Society on Developmental Genetics, 21.-24.03.2001, Ulm, Poster
- MARTHE, F.; GRIESBACH, E.; RYSCHKA, U.: *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* - Resistance improvement of cabbage (*Brassica oleracea*) by using black mustard (*B. nigra*). 9th Symp. on New aspects of resistance research on cultivated plants - Bacterial diseases, 15.-16.11.2001, Aschersleben, Vortrag
- MARTHE, F.; SCHÜTZE, W.; KRÜGER, H.; SCHOLZE, P.; KRÄMER, R.; GRIESBACH, E., RYSCHKA, U.: Maca (*Lepidium meyerii*) - Kultivierung, Resistenzreaktion und Sekundäre Inhaltsstoffe unter mitteleuropäischen Anbaubedingungen. Symposium „Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources“, 08.-09.10.2001, Gatersleben, Poster
- NOTHNAGEL, TH.; BUDHAN, H.: Entwicklung eines cms-Systems für die Hybridzüchtung von Gemüsebrassicaceen. 8. Arbeitstagung der GPZ-AG Saatgut und Sortenwesen im Institut für Gemüsebau der Universität Hannover, 29.-30.03.2001, Vortrag
- NOTHNAGEL, TH.: Evaluation of resistance against *Alternaria dauci*. Annual Meeting of the GenRes 105 - The future of the European carrot : A programme to conserve, characterise, evaluate and collect carrot and wild relatives, 21.- 22.11.2001, Scottish Agricultural Science Agency, Edinburgh, Schottland, Vortrag
- PANK, F.: Arzneipflanzen aus Sammlung, Garten und Anbau. Posterausstellung anlässlich der Veranstaltung „Grünes Museum“, 26.08.2001, Stiftung Kloster Michaelstein, Blankenburg/Harz, Poster
- PANK, F.: Grundlagen des Arznei- und Gewürzpflanzenbaus. Martin-Luther-Universität Halle, 28.06. und 05.07.2001, Halle, Vortrag
- PANK, F.: Verbesserung der Rohstoffhomogenität durch Hybridsortenzüchtung am Beispiel des Majorans (*Majorana hortensis* Moench). Tagung der AG 17 der GPZ, 15.03.2001, Salzgitter-Ringelheim, Vortrag

- PANK, F.: Ziele, Methoden und erste Ergebnisse der züchterischen Bearbeitung von Johanniskraut (*Hypericum perforatum* L.). GFP-Jahrestagung, 08.-09.11.2001, Bonn, Vortrag
- PANK, F.; TAUBENRAUCH, K.; KRÜGER, H.: Qualität verschiedener Fenchelsorten (*Foeniculum vulgare* Mill.) im Vergleich. Fachtagung für Heil- und Gewürzpflanzen, 12.-15.11.2001, SLVA Bad Neuenahr-Ahrweiler, Poster
- PETERKA, H.; BUDAHN, H.; SCHRADER, O.: Entwicklung von alloplasmatischem Porree durch Artkreuzung, GPZ AG Sorten- und Saatgutwesen, 29.03.2001, Hannover, Vortrag
- SCHRADER, O.; AHNE, R.; BUDAHN, H.; PETERKA, H.: Multiple FISH zur Karyotypanalyse bei Zwiebel, Porree und deren Bastarden. 7. Arbeitstagung der AG Cytogenetik/Chromosomenanalyse der GPZ e. V., 01.-02.06.2001, Biozentrum der Christian-Albrechts-Universität Kiel, Vortrag
- SCHUMANN, G.; KLOCKE, E.: Modern breeding technologies and variety development. Seminar der Deutschen Stiftung für internationale Entwicklung. „Seed Technology - Organization and Management of Seed Programmes“, 11.07.2001, Quedlinburg, Vortrag

## Institut für Pflanzenanalytik

### Institute of Plant Analysis

#### Quedlinburg

- HEINE, H.; EGER, H.; KRÜGER, H.: Qualität und Ertrag von Thymiansorten (*Thymus vulgaris* L.). XXXVI. Vortrags- tagung „Gewürz- und Heilpflanzen“ der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) in Zusammenarbeit mit der Vereinigung für Angewandte Botanik, 19.-20.03.2001, Jena, Poster
- HEINE, H.; EGER, H.; KRÜGER, H.: Qualität und Ertrag von Thymiansorten (*Thymus vulgaris* L.). Fachtagung für Heil- und Gewürzpflanzen, 12.-15.11.2001, SLVA Bad Neuenahr-Ahrweiler, Poster
- HEINE, H.; EGER, H.; KRÜGER, H.: Results of variety trials with thyme (*Thymus vulgaris* L.). World Conference on Medicinal and Aromatic Plants, 08.-11.07.2001, Budapest, Ungarn, Poster
- HOBERG, E.: Sensorische Eigenschaften von resistenten Wein- und Apfelsorten. Ausstellung Lebenswissenschaften „Über den Tellerrand geschaut“, 07.-12.09.2001, Quedlinburg, Vortrag
- HOBERG, E.; ULRICH, D.: Bericht über die Identifikation neuer Spargelinhaltsstoffe. 6. Sitzung des Versuchs- und Informationsausschusses Spargel, 27.09.2001, Osnabrück, Vortrag
- HOBERG, E.; ULRICH, D.: Geschmack- Geschmackssache oder ein Qualitätsmerkmal in der Züchtung. Sommertagung der Abteilung Gemüse-, Heil- und Gewürzpflanzen, 18.06.2001, Halle, Vortrag
- HOBERG, E.; ULRICH, D.: Geschmack - ein Qualitätsmerkmal. Mitgliederversammlung InnoPlanta e. V., 14.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- JOUBERT, E.; SCHULZ, H.; SCHÜTZE, W.: Green rooibos for the functional food market - A quality perspective. 16th Int. Congress of the South African Association for Food Science and Technology, 10.-12.09.2001, Durban, Südafrika, Poster
- KELLER, E. R. J.; SENULA, A.; SCHULZ, H.: Wild species as genepool for introgression of interesting characters into crop plants, the case of Allium. Symposium „Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources“, 08.-09.10.2001, Gatersleben, Poster
- KRÜGER, H.: Möglichkeiten der Analytik zur Verbesserung der Selektionsschärfe in der Züchtung von Kümmel und Fenchel. Fachtagung für Heil- und Gewürzpflanzen, 12.-15.11.2001, SLVA Bad Neuenahr-Ahrweiler, Vortrag
- KRÜGER, H.: Zur Analytik der Variabilität von Arznei- und Gewürzpflanzen. Fachgruppentagung der AG 17 der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V., 15.03.2001, Salzgitter, Vortrag

- KRÜGER, H.; HAMMER, K.; HAMMERSCHMIDT, F.-J.; HENNIG, L.: Methyl eugenol and gamma-asarone - two new main components in fennel. Fachtagung der Gesellschaft für Arzneipflanzenforschung, 10.-13.09.2001, Erlangen, Poster
- KRÜGER, H.; MARTHE, F.: Enantiotaxonomical aspects in the species *Rosmarinus*, *Petroselinum* and *Ocimum*. 32nd Int. Symp. on Essential Oils und Symposium „Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources“, 09.-12.09.2001 und 08.-09.10.2001, Wroclaw, Polen und Gatersleben, Deutschland, Poster
- PFEFFER, S.; SCHULZ, H.; KRÜGER, H.: Potential of near-infrared spectroscopy (NIRS) for rapid quality evaluation of essential oils. 32nd Int. Symp. on Essential Oils, 09.-12.09.2001, Wroclaw, Polen, Poster
- QUILITZSCH, R.; SCHULZ, H.: Qualitative und quantitative Inhaltsstoffbestimmungen an Salbei, Rosmarin, Kamille und Echinacea mittels Reflexionsverfahren im mittleren Infrarot (MIR). Fachtagung Heil- und Gewürzpflanzen, 12.-15.11.2001, Bad Neuenahr-Ahrweiler, Poster
- SCHRADER, B.; ANDREEV, G. N.; SCHULZ, H.; FUCHS, R.: Zerstörungsfreie FT-Raman-Spektroskopie in der Praxis. GDCh-Jahrestagung Chemie, 23.-29.09.2001, Würzburg, Vortrag
- SCHULZ, H.: Kann die Qualität von Nahrungsmitteln objektiv erfasst werden? Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- SCHULZ, H.: Möglichkeiten und Grenzen NIR-spektroskopischer Qualitätsbestimmung pflanzlicher Drogen. 11. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzen, 07.-08.02.2001, Bernburg, Vortrag
- SCHULZ, H.: Quality requirements for plant materials used in cosmetics. Symposium on Natural Products & Cosmetics 2001, 26.-28.02.2001, London, Großbritannien, Vortrag
- SCHULZ, H.: Schnelle Bestimmung wertgebender Schwefelkomponenten in ausgewählten Allium-Wildtypen und -Zuchtformen. XXXVI. Vortragstagung „Gewürz- und Heilpflanzen“ der Deutschen Gesellschaft für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungsmittel) in Zusammenarbeit mit der Vereinigung für Angewandte Botanik, 19.-20.03.2001, Jena, Vortrag
- SCHULZ, H.: Utilisation of plant genetic resources for valuable raw materials used in foods, cosmetics and pharmaceutical products. Symposium „Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources“, 08.-09.10.2001, Gatersleben, Vortrag
- SCHULZ, H.; QUILITZSCH, R.; PFEFFER, S.: Rapid characterization of essential oils by micro mid-infrared diamond ATR spectrometry. 32nd Int. Symp. on Essential Oils, 09.-12.09.2001, Wroclaw, Polen, Poster
- SCHULZ, H.; STEUER, B.; KRÜGER, H.: Potential of NIRS for supporting breeding and cultivation of medicinal and spice plants. 10th Int. Conference on Near-Infrared-Spectroscopy, 10.-15.06.2001, Kyongju, Korea, Vortrag
- SCHÜTZE, W.: Verbesserung des Gesundheitswertes von Lebensmitteln, Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag
- SCHÜTZE, W.; MARTHE, F.: Übersicht über die Glucosinolatgehalte/Glucosinolatverteilungsmuster einiger Kohlsorten der GZG Marne. Ansatzpunkte zur Verbesserung des Gesundheitswertes von Brassicaceen-Gemüse durch Züchtung. Präsentation von Versuchsergebnissen, 17.05.2001, Marne, Vortrag
- SCHÜTZE, W.; MARTHE, F.; RYSCHKA, U.; SCHUMANN, G.; PETERKA, H.: Optimierung der Glukosinolat-Verteilung in Brassicaceen-Gemüse - bisherige Erfahrungen aus der Züchtungsforschung. Ergebnispräsentation an der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Institut für Lebensmittelwissenschaft und Lebensmittelchemie, 15.11.2001, Bonn, Vortrag
- ULRICH, D.: Analytische Erfassung und Beeinflussung der sensorischen Qualität in der Pflanzenzüchtung. Workshop „Züchtungsforschung, Pflanzenzüchtung und Ökologischer Landbau“, BAZ Quedlinburg und NABU Deutschland, 22.-23.11.2001, Quedlinburg, Vortrag

ULRICH, D.: Aromaanalytik - ein Werkzeug in der Pflanzenzüchtung. Wissenschaftliches Kolloquium, 04.12.2001, Großbeeren, Vortrag

ULRICH, D.; HOBERG, E.: Application of chemometrical methods in flavor analysis. Pittcon 2001, 02.-09.03.2001, New Orleans, USA, Vortrag

ULRICH, D.; HOBERG, E.: Flavour analysis in asparagus breeding. 10th Int. Asparagus Symposium, 30.08.-02.09.2001, Niigata, Japan, Vortrag

## Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof Institute of Grapevine Breeding Geilweilerhof Siebeldingen

DETTWEILER, E.: Sorten- und Klondiversität: Ein Weg zur Erhaltung und Nutzung der genetischen Ressourcen der Rebe. OIV Paris, 27.03.2000, Paris und VINEST Transnational Seminar, Porto Conte Ricerche, 18.-19.06.2001, Tramariglio, Sardinien, Vortrag

DETTWEILER, E.; JUNG, A.; THIS, P.: Résultats du programme GENRES 081 concernant l'utilisation de marqueurs microsatellites. OIV Groupe d'Experts „Sélection de la vigne“, 27.03.2001, Paris, Vortrag

DETTWEILER, E.; SCHUMANN, F.: Sorten- und Herkunftsbewusstsein bei Wein. IGR Symposium Vielfalt auf dem Markt, 05.-06.11.2001, Sulingen, Vortrag

FISCHER, B.; KORTEKAMP, A.; SALAKHUTDINOV, I.; TÖPFER, R.; ZYPRIAN, E.: Charakterisierung der Plasmapararesistenz bei der Weinrebe. Tagung „Molekularbiologie der Pflanzen“, 01.-02.03.2001, Dabringhausen, Poster

HARST, M.; TÖPFER, R.: Weinbau der Zukunft mit oder ohne Gentechnik? Intervitis/Interfructa, 17.05.2001, Stuttgart, Vortrag

JUNG, A.; DETTWEILER, E.: Alte bedrohte Rebsorten. Sammlung, Erhaltung, Identifikation - Neubeschreibung, Evaluierung, Dokumentation. Symposium „Biologische Vielfalt mit der Land- und Forstwirtschaft?“, 15.-17.05.2001, FAL Braunschweig, Poster

SALAKHUTDINOV, I.: Genkartierung bei „Regent“ und „Lemberger“. Mitgliederversammlung Förderer und Freunde des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof, 24.08.2001, Siebeldingen, Vortrag

TÖPFER, R.: Genetic engineering in grape and wine production. Unified Wine & Grape Symposium, 23.-25.01.2001, Sacramento, USA, Vortrag

TÖPFER, R.: Transgene Reben von den Anfängen bis zur Nutzung. Badischer Rebveredlertag 2001, 16.02.2001, Breisach, Vortrag

TÖPFER, R.: Vision in life sciences (and how to get there). Economic aspects. bioVision - World Life Sciences Forum, 07.-10.02.2001, Lyon, Frankreich, Vortrag

TÖPFER, R.: Weinbau mit und ohne Gentechnik. 13. Symposium GENial? Der Mensch von Morgen. Heidelberger Club für Wirtschaft und Kultur e. V., 27.05.2001, Heidelberg, Vortrag

ZARHLOUL, M. K.; SYRING-EHEMANN, A.; HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.; FRIEDT, W.; LÜHS, W.: Genetic engineering of saturated fatty acid content in rapeseed (*Brassica napus*). 24th World Congress and Exhibition of the ISF, 16.-20.09.2001, Berlin, Poster

ZARHLOUL, M. K.; SYRING-EHEMANN, A.; HAUSMANN, L.; TÖPFER, R.; FRIEDT, W.; LÜHS, W.: Genetic modification of saturated fatty acids in the seeds of oilseed rape (*Brassica napus*). DFG & Working Group Plant Lipids: Symposium „Plant Lipid Metabolism: From Basic Research to Biotechnology“, 15.-18.07.2001, Meisdorf, Poster

- ZYPRIAN, E.: Differenzierung von Unterlagssorten der Weinrebe mit Mikrosatelliten-Markern. 40. Arbeitstagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus bei der DLG, 28.03.2001, Bad Kreuznach, Vortrag
- ZYPRIAN, E.: Molekulare Kartierung der Weinrebe und QTL-Analyse züchterisch bedeutsamer Merkmale. 9. Arbeitstagung der AG Molekulare Marker der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung, Martin-Luther-Universität Halle, 26.09.2001, Halle, Vortrag
- ZYPRIAN, E.: Vom Genotyp zum Phänotyp - Molekulare Grundlagen. Rebenzüchertagung, 14.09.2001, Siebeldingen, Vortrag

## XI. Lehrtätigkeit

### Academic Teaching

---

#### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

Universität Hamburg	Prof. Dr. habil. W. Preil	„Grundlagen der Zell- und Gewebekultur“, Vorlesung
Universität Hannover	PD Dr. habil. T. Debener	„In-vitro-Kultur und Molekularbiologie“, Praktikum
Universität Hannover	Prof. Dr. habil. J. Grunewaldt	„Spezielle Gartenbauliche Pflanzenzüchtung“, Vorlesung
Universität Kiel	Prof. Dr. habil. J. Grunewaldt	„Zell- und Gewebekulturtechniken in der Pflanzenproduktion“, Vorlesung

#### Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden

Hochschule für Technik und Wirtschaft Dresden	Dr. habil. V. Hanke	„Grundlagen der Pflanzenzüchtung“, Vorlesung
---	---------------------	--

#### Institut für landwirtschaftliche Kulturen Institute of Agricultural Crops Groß Lüsewitz

Universität Greifswald	Dr. K. Sonntag	„Pflanzliche Zell- und Gewebekultur“, Vorlesung
------------------------	----------------	---

#### Institut für Stressphysiologie und Rohstoffqualität Institute of Stress Physiology and Quality of Raw Materials Groß Lüsewitz

Universität Rostock	Prof. Dr. sc. W. Flamme	„Biotechnologie bei Pflanzen - Überblick und analytische Methoden, Gentechnikgesetz, Freisetzung, GVO“ Vorlesung
Universität Rostock	DCh G. Jansen	„Biotechnologie bei Pflanzen - Biochemische, physikalische und chemische Analysenmethoden“, Vorlesung
Universität Rostock	Dr. H.-U. Jürgens	„Biotechnologie bei Pflanzen - Biochemische, physikalische und chemische Analysenmethoden“, Vorlesung
Universität Rostock	Dr. S. Seddig	„Biotechnologie bei Pflanzen - Markergestützte Selektion“, Vorlesung



## XII. Gastwissenschaftler - Ausland

### Foreign Guest Scientists

---

#### Institut für Zierpflanzenzüchtung Institute of Ornamental Plant Breeding Ahrensburg

Salah Din Hassan Khattab      Dept. of Horticulture, Suez Canal University, Ismailia, Ägypten,  
04/2000-03/2004

#### Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik Institute of Resistance Research and Pathogen Diagnostics Aschersleben

Dr. Alexander Berestetski      All-Russian Research Institute for Plant Protection, St. Petersburg, Russia,  
02/2000-02/2001

Aglisca Edreva      Institute of Genetics, Sofia, Bulgarien, 06/2001

Dr. Jordanca Georgieva      Institute of Genetics, Sofia, Bulgarien, 06/2001

Dr. Audrius Kacergius      Institute of Botany, Vilnius, Lithuania, 10-12/2001

Dr. Jaroslav Matousek      Institut für Pflanzliche Molekularbiologie, Ceske Budejovice, Tschech. Republik,  
03/2001

Dr. Rossitza Rodewa      Bulgarian Academie of Science, Institute of Genetics „Acad. D. Kostoff“, Sofia,  
Bulgaria, 07-08-/2001

Dr. Mahmoud Saker      National Research Centre, Cairo, Egypt, 07/2001

Dr. Zdeno Subr      Institute of Virology, Slovak Academy of Science, Bratislava, Slowakia, 05-07/2001

Dr. Elena Sukhacheva      Shemyahin und Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academie  
of Sciences, Moscow, Russia, 02-03/2001

#### Institut für Epidemiologie und Resistenz Institute of Epidemiology and Resistance Aschersleben

Prof. Dr. Olga Afanasenko      All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland,  
03-04/2001

Iva Kudliková      Research Institute of Crop Production, Prague-Ruzyně, Czech Republic; 12/2001

Dr. Nina Mironenko      All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russland,  
03-04/2001

Dr. Eugen Radchenko      All-Russian Institute of Plant-Protection (VIZR), St. Petersburg, Russia, 8/2001

Jana Šarová      Research Institute of Crop Production, Prague-Ruzyně, Czech Republic, 12/2001



Dr. Violetta Sotirova	Institute of Genetics, Sofia, Bulgaria, 11/2001
Dr. Marlon Stufkens	Crop & Food Research, Christchurch, New Zealand, 8/2001
Dr. David Teulon	Crop & Food Research, Christchurch, New Zealand, 8/2001

## Genbank Gene Bank Braunschweig

Lei Deng	DSE-Regierungspraktikantin, Baoding, Provinz Hebei, China, 04-06/2001
Dr. Igor Loskutov	N.I. Vavilov Institute of Plant Industry, St. Petersburg, Russia, 11/2001

## Institut für Obstzüchtung Institute of Fruit Breeding Dresden-Pillnitz

Geza Bujdoso	Research Institute for Fruit and Ornamentals, Budapest, Ungarn, 03-08/2001
Prof. Xue Guangrong	Research Institute of Pomology, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Xingcheng, Liaoning Province, China, 06/2001
Prof. Sun Xisheng	Research Institute of Pomology, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Xingcheng, Liaoning Province, China, 06/2001
Susan Yamout	Greenwich Uni (Hadlow College), Kent, Großbritannien, 08/2001

## Institut für landwirtschaftliche Kulturen Institute of Agricultural Crops Groß Lüsewitz

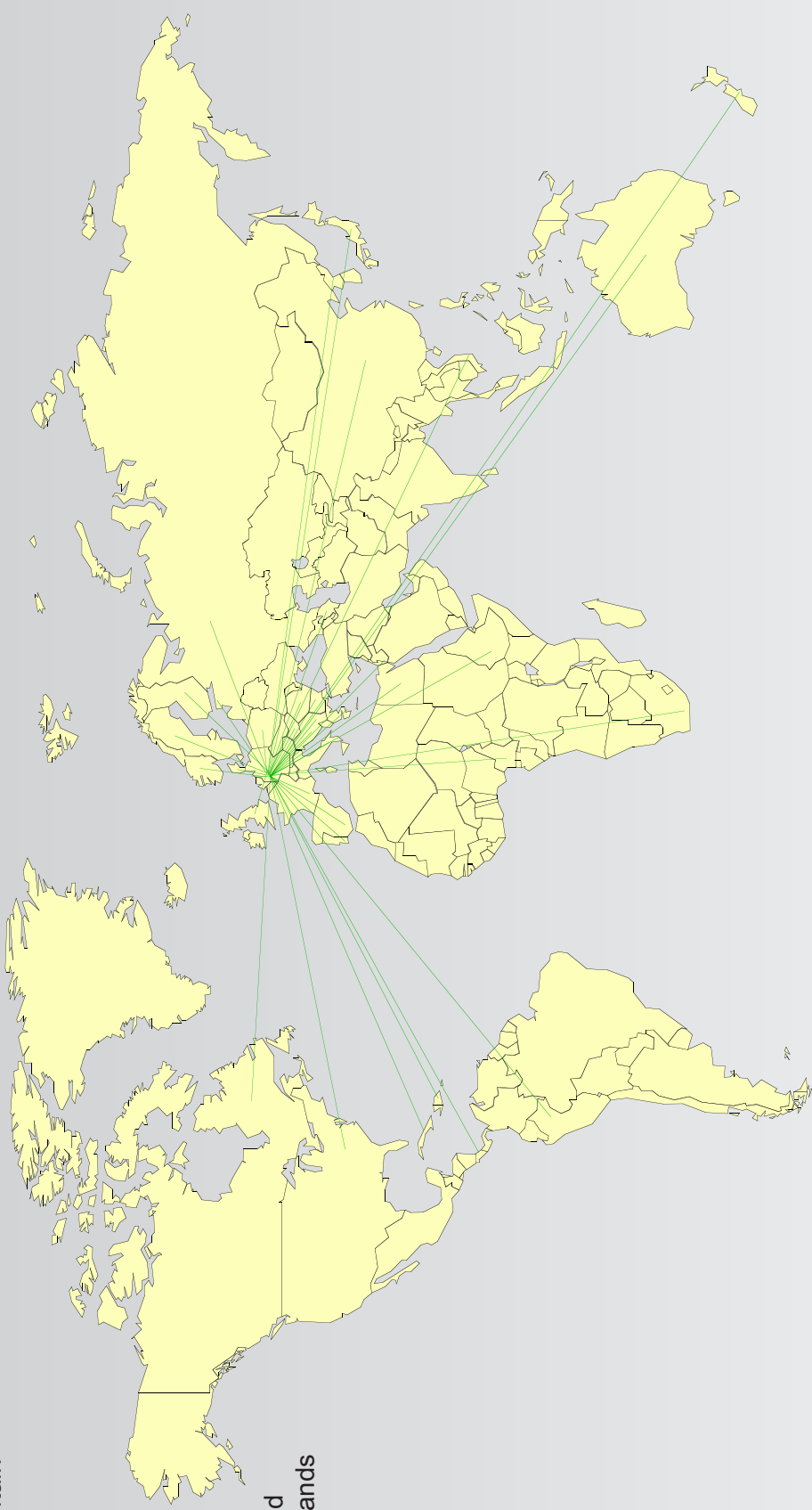
Olga Antonova	N.I. Vavilov Institut für Pflanzenproduktion, St. Petersburg, Russland, 06-09/2001
Jan Bouma	Potatoe Research Institute Havlickuv Brod, Ltd. Havlickuv Brod, Tschechische Republik, 12/2001
Malgorzata Chudy	Universität Stettin, Polen, 08-09/2001
Marie Greplova	Potatoe Research Institute Havlickuv Brod, Ltd. Havlickuv Brod, Tschechische Republik, 12/2001
Emilia Kopic	Universität Stettin, Polen, 08-09/2001
Dr. Lenuta Rakosy-Tican	Babes-Bolyai Universität, Cluj-Napoca, Rumänien, 07-08/2001; 11-12/2001
Diro Terefe	Awassa College of Agriculture, Awassa, Äthiopien, 03/2001
Dr. Youping Wang	Sichuan University, Chengdu, China, 01/2000-12/2001



# Internationale wissenschaftliche Zusammenarbeit der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen

## International scientific cooperation of the Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants

- Ägypten/Egypt
- Aserbaidschan/Azerbaijan
- Australien/Australia
- Belgien/Belgium
- Bulgarien/Bulgaria
- China/China
- Dänemark/Denmark
- Finnland/Finland
- Frankreich/France
- Griechenland/Greece
- Großbritannien/Great Britain
- Indien/India
- Israel/Israel
- Italien/Italy
- Jugoslawien/Yugoslavia
- Kanada/Canada
- Kroatien/Croatia
- Litauen/Lithuania
- Moldawien/Moldavia
- Neuseeland/New Zealand
- Niederlande/The Netherlands
- Österreich/Austria
- Polen/Poland
- Portugal/Portugal
- Rumänien/Romania
- Russland/Russia
- Schweden/Sweden
- Schweiz/Switzerland
- Slowenien/Slovenia
- Spanien/Spain
- Südafrika/South Africa
- Tschechische Republik/  
Czech Republic
- Türkei/Turkey
- Ukraine/Ukraine
- Ungarn/Hungary
- USA/USA



## Geographische Verteilung der Standorte



## Geographic Location of BAZ Institutes

