

Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau

Development of late blight (*Phytophthora infestans*) resistant breeding material for organic farming

FKZ: 10OE071, 10OE121 und 10OE122

Koordination des Verbundvorhabens:

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Am Gereuth 8, 85354 Freising
Tel.: +49 8161 71-3637
Fax: +49 8161 71-4102
E-Mail: Pflanzenbau@LfL.bayern.de
Internet: <https://fl.bayern.de/ipz/>

Autoren:

Sieber, Karen; Forster, Georg M.; Diekmann, Kerstin; Sprengel, Michael; Kellermann, Adolf; Dehmer, Klaus-J.; Hammann, Thilo

Gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft.

Die inhaltliche Verantwortung für den vorliegenden Abschlussbericht inkl. aller erarbeiteten Ergebnisse und der daraus abgeleiteten Schlussfolgerungen liegt beim Autor / der Autorin / dem Autorenteam. Bis zum formellen Abschluss des Projektes in der Geschäftsstelle Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft können sich noch Änderungen ergeben.

Entwicklung von *Phytophthora*- resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau



BLE-Projekt
2810OE071 (LfL), 2810OE121 (JKI), 2810OE122 (IPK)



Gefördert durch:



aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages

BÖLN

Bundesprogramm Ökologischer Landbau
und andere Formen nachhaltiger
Landwirtschaft

Abschlussbericht

Verbundprojekt: „Entwicklung von <i>Phytophthora</i> -resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“	
Zuwendungsempfänger: 1. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung 2. Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen 3. Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (GLKS)	Förderkennzeichen: 2810 OE 071 2810 OE 121 2810 OE 122
Laufzeit des Vorhabens: 01.04.2012 – 31.03.2018	Berichtszeitraum: 01.04.2012 – 31.03.2018

Inhaltsverzeichnis

Abschlussbericht.....	2
Inhaltsverzeichnis	3
Abbildungsverzeichnis	6
Tabellenverzeichnis	11
Abkürzungsverzeichnis	14
Teil I: Einleitung	15
1. Einleitung	15
1.1. Gegenstand des Vorhabens.....	16
1.2. Ziele und Aufgabenstellung.....	18
1.3. Planung und Ablauf des Projektes	19
2. Wissenschaftliche und technische Anknüpfungspunkte.....	22
2.1. Resistenzzüchtung:.....	22
2.2. Kartoffelzüchtung für den ökologischen Landbau.....	24
2.3. Markergestützte Selektion.....	24
2.4. Erschließung, Bewertung und Nutzung genetischer Ressourcen	25
Teil II: Teilbericht der LfL	26
3. Material und Methoden.....	26
3.1. Bereitstellung von Sämlingsknollen.....	26
3.2. Züchtung und Pflanzenbauliche Versuche	28
3.2.1. Pflanzenbauliche Versuchsanlage.....	29
3.2.2. Krautfäulebefall und Reifekorrektur	29
3.2.3. Agronomische Bewertung	29
3.3. Laboruntersuchungen und genetische Analysen.....	30
3.3.1. Virustest	30
3.3.2. Nematodentest.....	30
3.3.3. Krebstest.....	30
3.3.4. Marker-gestützte Selektion.....	31
3.3.5. PCR an Phytophthoraresistenzgenen (R-Gene).....	31
3.3.6. SSR-Analysen.....	32
3.3.7. Identifizierung der Phytophthora-Pathotypen auf den Versuchsflächen	32
4 Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse an der LfL	33
4.1. Untersuchung von züchterischem Ausgangsmaterial (Diversity Panel)	33
4.1.1. Jugendentwicklung.....	33
4.1.2. Befall mit Krautfäule	34
4.1.3. Krautfäule und Reifezeit	37
4.1.4. Ertrag	39
4.1.5. Ertragsvariation und deren Ursachen	41

4.1.6.	Anbaueignung im ökologischen Landbau	42
4.1.7.	Wuchsparemeter und Anbaueignung im ökologischen Landbau	45
4.1.8.	Ertragskomponenten	49
4.1.9.	Fazit	53
4.2.	Züchtungsarbeiten	53
4.2.1.	Entwicklung eines Selektionsschemas	54
4.2.2.	Sämlingsknollenselektion	55
4.2.3.	Krautfäule-Bewertung von A-Klonen	56
4.2.4.	Vergleich weiterentwickelter Projektstämme mit dem Ausgangsmaterial	58
4.2.4.1.	Krautfäule.....	58
4.2.4.2.	Reife und Krautfäule-Befall.....	60
4.2.5.	Qualität und Gesundheit.....	61
4.3.	Untersuchung von Phytophthora-R-Genen	64
4.4.	Identifizierung der Phytophthora-Pathotypen auf den Versuchsflächen.....	66
5.	Diskussion der Ergebnisse	67
5.1.	Erschließung des Leistungspotenzials genetischer Ressourcen	68
5.1.1.	Wie geeignet ist aktuelles Sortenmaterial für den Ökologischen Anbau?	68
5.1.2.	Erfolgschancen der Ökokartoffelzüchtung	69
5.2.	Weiterentwicklung der Nachhaltigkeitskriterien im ökologischen Landbau durch Ökozüchtung	69
5.3.	Ein praxisorientiertes Projekt mit modellhaftem Charakter	71
Teil III: Teilbericht des JKI.....		73
3.	Material und Methoden.....	74
3.1.	Pflanzenmaterial	74
3.2.	Krautfäuleprüfung im Feld.....	74
3.3.	Bewertung der Krautfäuleresistenz im Labor.....	75
3.3.1.	Einzelblatttest.....	76
3.3.2.	Knollentauchtest.....	77
3.3.3.	Scheibentest	78
3.3.4.	Erweiterung der genetischen Diversität der Kulturkartoffel mit dem Schwerpunkt auf quantitativer Phytophthora-Resistenz.....	80
3.3.5.	Identifikation genetischer Marker für Krautfäuleresistenz.....	80
3.3.5.1.	DNA-Extraktion und Genotypisierung	80
3.3.5.2.	Phänotypische Analyse für die genomweite Assoziationstudie	81
3.3.5.3.	Genomweite Assoziationsstudie	82
4.	Aufzählung der wichtigsten wissenschaftlich-technischen und weiterer projektrelevanter Ergebnisse am JKI	83

4.1. Genomweite Assoziationsstudie	90
4.1.1 Phase 1: 2012 bis 2014.....	90
4.1.2. Phase 2: 2015 bis 2017.....	92
5. Diskussion.....	95
Teil IV: Teilbericht des IPK.....	97
3. Material und Methoden.....	97
3.1 Material.....	97
3.2. Methoden.....	99
3.2.1. DNA-Extraktion und -Quantifikation	99
3.2.2. Genotypisierung mittels Mikrosatellitenmarker	99
3.2.3. Genotypisierung mittels Cytoplasmamarker	101
4. Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse	103
4.1. Ergebnisse der SSR-Analysen.....	103
4.2. Ergebnisse der Cytoplasma-Marker-Analyse	107
5. Diskussion.....	108
Teil V: Allgemeine Angaben.....	109
6. Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse.....	109
6.1. Praxisrelevante Ergebnisse:.....	109
6.2. Erfindungen/Schutzrechtsanmeldungen und erteilte Schutzrechte.....	110
6.3. Wirtschaftliche Anschlussfähigkeit	110
7. Aufstellung der Projektziele	111
8. Hinweise auf weiterführende Fragestellungen	111
8.1. Müssen die Zuchtziele erweitert werden?	112
8.2. Wie kann die Marker-gestützte Selektion vorangetrieben werden?	112
9. Zusammenfassung.....	113
10. Literaturverzeichnis	114
11. Gesamtliste der Vorträge und Veröffentlichungen	118
11.1. Vorträge und Poster	118
11.1.1. IPK.....	118
11.1.2. JKI.....	119
11.1.3. LfL.....	119
11.1.4. Ökolandwirte und Verbände:.....	122
11.2. Veröffentlichungen	123
11.3. Veranstaltungen.....	123

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1:	Schadbild an der Kartoffel verursacht durch den Erreger <i>Phytophthora infestans</i> . A: Sporulierender Blattbefall. B: Spore C: Kartoffelkraut bei fortgeschrittener Krautfäule-Infektion.	15
Abbildung 2:	Herkunft der 3.317 Genbank-Akzessionen. Aufgeschlüsselt nach Herkunftsland und Kontinenten.	17
Abbildung 3:	Aufgaben sowie Material- und Informationsfluss bei innerhalb des Projektverbunds.	20
Abbildung 4:	Resistenzeigenschaften wurden durch Kreuzungen aus einer Vielzahl von Wildarten in die Kulturkartoffel eingebracht.	23
Abbildung 5:	A: links: Sämlinge rechts: Gelelektrophorese mit positiven und negativen Markerergebnissen. B: Schadbild der Erreger an Wurzeln (<i>Globodera rostochiensis</i> und <i>G. pallida</i>) und am Blatt (PVY) Fotos für Nematoden entnommen bei: http://www.eppo.int/QUARANTINE/nematodes/Globodera_pallida/HETDSP_images.htm und http://www.gansplanthealth.com/Estima.html	25
Abbildung 6:	Ablauf der Samenerzeugung: Kastrierte Blüten werden von Hand mit Pollen der gewünschten Vaterpflanze bestäubt. Aus den Beeren einer Kreuzung werden die Samen gelöst, getrocknet und verpackt.	26
Abbildung 7:	Ablauf der Sämlingsknollen-Bereitstellung. Nach Samenkeimung in Pikierschalen werden die Pflänzchen in Töpfen im Kaltgewächshaus gezogen. Nach induzierter Abreife werden die Knollen geerntet und selektiert.	27
Abbildung 8:	Anbauumfang des Züchtungsprogramms auf den zwei ökologisch bewirtschafteten Flächen. Die aus Samen virusfrei im Gewächshaus angezogenen Sämlingsknollen (Sämlinge) kommen im Folgejahr (1. Knollenvermehrung) in den Feldanbau.	27
Abbildung 9:	Übersicht über die Versuchsflächen, Infektionsmethode und Pflanzenschutz. LL: Landsberg am Lech, ND: Neuburg/Donau, FS: Freising, UE: Uelzen, GL: Groß Lüsewitz.	28
Abbildung 10:	Einzelstauden aus Sämlingsknollen. Links: Feldaufgang in LL15, Mitte: nach KF-Epidemie in LL18, Rechts: Ernteknollen in ND18.	28
Abbildung 11:	Regression der Krautfäule-Befallswerte auf die mittlere Reifezeit. Adj. mittleren KF-Befallshöhen aus neun Versuchen in vier Jahren gegenüber der in drei	

Jahren ermittelten adj. mittleren Reifezeit. Die Parameter sind hochsignifikant korreliert ($\alpha < 0,001$). Ein reifeunabhängiger Parameter zur Bewertung der Krautfäuleresistenz ist das Residium zur Regressionsgerade $\Delta rAUDPC$	39
Abbildung 12: Varianzkomponenten des Ökoertrags. Den Restricted Maximum Likelihood (REML)-Schätzwerte der Varianz (Var) des Ökoertrags liegen 12 Versuche in den Jahren 2012 bis 2015 an den Orten LL, ND und UE zugrunde.....	42
Abbildung 13: Cluster-Dendrogramm des relativen Ertrags. Algorithmus: complete. Über 15 Einzelversuche an den Ökostandorten Landsberg (LL); Schrobenhausen (ND), Uelzen (UE) und dem konventionellen Standort Freising (FS) zwischen den Jahren 2012 und 2015 wurden 84 Prüfgliedern durchgängig bewertet.	43
Abbildung 14: Korrelation der adj. mittleren Relativerträge zwischen den Umwelten mit und ohne Einfluss von Krautfäulebefall. Die adjustierten Mittelwerte für die Erntemassen ohne KF-Einfluss wurden aus den Versuchen LL14 ND14, FS14, LL15, ND15, UE15, und FS15, die Mittelwerte für Erntemassen unter KF-Einfluss in den Versuchen ND12, UE12, UE13 UE14, LL12 und LL13 generiert. Der statistische Zusammenhang beider Größen war hochsignifikant ($\alpha \leq 0,001^{**}$).	44
Abbildung 15: Änderung des Relativertrags in Abhängigkeit von der reifekorrigierten Krautfäule-Resistenz (MCR). Dargestellt ist die Änderung des relativen Ertrags aus sieben Umwelten ohne und sechs Umwelten mit Einfluss von Krautfäule gegenüber der reifekorrigierten KF-Resistenz (MCR). Es besteht ein hochsignifikanter Zusammenhang zwischen den beiden Größen ($\alpha \leq 0,001^{**}$).	46
Abbildung 16: Zusammenhang zwischen der Jugendentwicklung und der von der reifeunabhängigen Krautfäule-Resistenz (MCR) bereinigten Ertragskompensation. Dargestellt ist die um die reifeunabhängige Krautfäule-Resistenz (MCR) bereinigte Ertragskompensation gegenüber der adjustierten mittleren Jugendentwicklung (1 = sehr gut). Es ergibt sich ein signifikanter Zusammenhang zwischen den Größen (F-Statistik = 17,87; $Pr < F: 0,0001$) bei 146 betrachteten Prüfgliedern.....	48
Abbildung 17: Größenproportionale Darstellung der Anzahl an angebauten und sukzessive selektierten Nachkommen der verschiedenen Generationen A bis E.....	54
Abbildung 18: Vogelperspektive auf die erste Knollenvermehrung in LL 2017. Die Nachkommenschaften sind in Form von Doppelblöcken zu zweimal fünf Pflanzen angeordnet.	55
Abbildung 19: Aufspaltung von 47 Nachkommenschaften bezüglich des Krautfäulebefalls von Einzelpflanzen. Krautfäulebefall in Noten von Note 1 (kein Befall) bis 9. Standort	

Landsberg 2016. Die ersten neun Nachkommenschaften wurden am JKI erstellt durch KF-Inokulation am Setzling und Braunfäule-Tauchtest an der Saatknohle vorselektiert. Die weiteren Nachkommenschaften wurden an der LfL ohne Resistenztest erzeugt.	56
Abbildung 20: Krautfäulebefall und Reife von Standardsorten und Projektstämmen der A-Generation 2017. Befallsbonitur aus Versuch in einfacher Wiederholung am Standort Landsberg. Die Reifezeit wurde am Standort Freising festgestellt. 49 Stämme (Stämme einfach +) wurden ins Folgejahr übernommen, 78 Stämme (Stämme einfach -) wurden verworfen.	57
Abbildung 21: Krautfäulebefall der in Uelzen 2017 angebauten Prüfglieder. Neben zwölf Sorten kamen 23 JKI-Stämme und 31 Projekt-Stämme zum Anbau.	58
Abbildung 22: Korrelation des Krautfäulebefalls zwischen den Standorten UE und LL im Jahr 2017. Quadranten des Diagramms sind mit I bis IV beschriftet. Mit einem Korrelationskoeffizienten von $r^2 = 0,60$ ($\alpha < 0,0001$) war der Zusammenhang hochsignifikant.	59
Abbildung 23: Krautfäulebefall und Reife von Standardsorten und Projektstämmen der Generationen B, C, D und E im Jahr 2017. Befallsbonitur aus zweifach wiederholtem Versuch in Landsberg. Die Reifezeit wurde am Standort Freising festgestellt. 14 Stämme (Stämme zweifach +) wurden ins Folgejahr übernommen, 20 Stämme (Stämme zweifach -) wurden verworfen.	60
Abbildung 24: Pflanzenbestände in Landsberg am 23. Juli 2018. Vergleich der Reaktion v.l.n.r.: Jelly (A), 131031/01 (B), 13463/1 (C), 12797/9 (D) am.....	61
Abbildung 25: Am Standort UE in 2017 geerntete Knollen der Standardsorten Anuschka (A), Ditta (B), Jelly (C), Princess (D) und der resistenten Sorten Twinner (E) und Alouette (F) sowie der Zuchtstämme 131076/10 (G), 131031/01 (H), 131020/01 (I) und 11.1084/02 (J).	63
Abbildung 26: Grafische Darstellung der <i>Phytophthora</i> -Resistenzloci im Kartoffelgenom. Die römischen Ziffern I-XII bezeichnen die Chromosomen. Grün umrandet sind Regionen, für die geeignete Marker etabliert werden konnten.....	64
Abbildung 27: Anfälligkeit der Klone innerhalb der für den Marker BLB3 spaltenden Nachkommenschaft der Eltern Soraya x 97.7550.02. Der Befallsgrad ergibt sich aus vier Einzelbonituren an dreifach wiederholten Parzellen im Jahr 2016.....	65
Abbildung 28: Ergebnisse der Genotypenanalysen an <i>Phytophthora infestans</i> . Quelle: http://euroblight.net/pathogen-characteristics-and-host-resistance/sampling-sites-and-genotype-maps/	66

Abbildung 29:	Minimal Spanning Tree anhand der eingesendeten P.i.-Proben bis 2017. Quelle: http://euroblight.net/currently/news/nyhed/artikel/potato-blight-tracking-in-europe-2017/	67
Abbildung 30:	Krautfäuleresistenzprüfung im Feld	76
Abbildung 31:	Einzelblatttest zur Ermittlung der Krautfäuleanfälligkeit	76
Abbildung 32:	Labortest erntefrischer, unverletzter Knollen zur Ermittlung der relativen Knollenfäule-Resistenz	78
Abbildung 33:	Ermittlung der quantitativen Knollenfäule-Resistenz anhand der Abwehrreaktion des Knollenmarks	79
Abbildung 34:	Δ -rAUDPC-Werte aus der Feldprüfung Groß Lüsewitz im Mittel der Jahre 2012 bis 2014. Standardsorten sind rot hervorgehoben.	83
Abbildung 35:	Bivariater Scatterplot (unteres Panel), Verteilung (Diagonale) und Korrelation der ermittelten Merkmale von 99 Klonen aus Feldprüfung, Blatttest, Scheibentest und Knollentauchtest, zusammengefasst für 2012, 2013 und 2014	86
Abbildung 36:	Δ -rAUDPC-Werte aus der Feldprüfung Groß Lüsewitz im Mittel der Jahre 2015 bis 2017. Der Entwicklungsstand der B- bis E-Klone bezieht sich auf das Jahr 2017. Standardsorten sind rot hervorgehoben.	87
Abbildung 37:	Einzelmarker-Merkmal-Assoziationen für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC ausgehend von einem gemischten linearen Modell. Marker befinden sich auf der X-Achse. Signifikante Grenzwerte für $p=0,001$ (–) und $p=0,01$ (–) sind mit eingezeichnet.	91
Abbildung 38:	Einzelmarker-Merkmal-Assoziationen für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC des Prüfsortiments aus den Jahren 2015 bis 2017. Die Signifikanz-Grenzwerte wurden für ein multiples Testen durch die Kontrolle der FDR von 5 % (False Discovery Rate; BENJAMINI & HOCHBERG, 1995) gesetzt.	93
Abbildung 39:	Anzucht der Genbankmuster im Gewächshaus (links), gefriergetrocknete Proben (oben rechts), Auszüge aus dem Laborinformationsmanagementsystem zur Probenverwaltung (Mitte und unten rechts).	98
Abbildung 40:	Genotypenabhängiges Regenerationsvermögen von kryokonservierten Genbankmustern der Kartoffel. Die beiden Sorten wurde nahezu zeitgleich regeneriert, die Sorte Centennial Russet (links) ist jedoch in ihrer Entwicklung weiter als die Sorte Elles (rechts).	98

Abbildung 41:	Agarosegelbild einer erfolgreichen DNA-Extraktion und -Verdünnung von 96 Genbankmustern.	99
Abbildung 42:	Screenshot einer Ergebnisdatei geöffnet in dem Programm Gelprocessor 1.0. Sichtbar sind Fragmente von sechs verschiedenen Markern und des Größenstandards. Die Pfeile markieren die Probenlaufbahnen. Für Probe 1 ist das Bandenprofil angezeigt.	100
Abbildung 43:	Bildschirmansicht der Datenbank generiert im Programm Bionumerics 7.6. Key: eindeutiger Schlüssel für jede Probe, Accession: Akzessionsnummer, DNA-Plate: Lagerort der Probe; Plate Position; Position am Lagerort, variety: Akzessionsname; listing: Jahr der Registrierung; origin: Herkunftsland; Cytoplasm type: cytoplasma Typ farblich differenziert; flower cl: Blütenfarbe; flesh cl: Fleischfarbe in Form von Boniturnoten; skin cl: Schalenfarbe in Form von Boniturnoten; starch: Stärkegehalt in Form von Boniturnoten; grüne Punkte: zu dem jeweiligen Marker liegen Ergebnisse zu der jeweiligen Probe vor; entry fields: Liste der vorhandenen Informationsfelder; Fingerprint files: eingelesene Originaldateien.	101
Abbildung 44:	Fotografische Darstellung aller beobachteter Cytoplasma-Typen. Links: Chloroplastentyp: T = <i>Solanum tuberosum</i> subsp. <i>tuberosum</i> , D = <i>S. demissum</i> , W = nicht spezifizierte <i>Solanum</i> -Wildarten, M = Vorfahre andiner Landrassen, A = <i>S. tuberosum</i> subsp. <i>andigena</i> , P = <i>S. phureja</i> ; Rechts: Mitochondrientyp	102
Abbildung 45:	Hauptkomponentenanalyse basierend auf den Ergebnissen von 15 Mikrosatellitenmarkern.	104
Abbildung 46:	Hauptkomponentenanalyse basierend auf den Genbankmustern des Kulturkartoffelsortiments. Erkennbar ist eine leichte Differenzierung der deutschstämmigen Akzessionen von den amerikanischen und britischen Akzessionen.	104
Abbildung 47:	Duplikatgruppe vorwiegend rotschaliger Akzessionen. GLKS 12138 weist als einzige Sorte eine ockerfarbene Schale auf.	106
Abbildung 48:	Duplikatgruppe blaufleischiger Genbankmuster.	106
Abbildung 49:	Prozentuale Verteilung der verschiedenen Cytoplasma-Chloroplasten-Typen. Über beide Sortimente überwiegt der Anteil des T-Cytoplasmas (blauer Balken), während bei der Betrachtung des AKS eine gleichmäßigere Verteilung der Typen auffällt (roter Balken).	107

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1:	Sortenempfehlung Kartoffeln für den ökologischen Anbau in Bayern 2018 ...	16
Tabelle 2:	Übersicht über Referenzen zu projektrelevanten Phytophthora-Resistenzgenen und deren Markerregionen	31
Tabelle 3:	Qualität der erhobenen Daten bezüglich des Merkmals Jugendentwicklung in den Einzelversuchen ohne Uelzen und ohne das Jahr 2012. Nach dem Ampelsystem sind die Werte mit abnehmender Qualität mit den Farben von Grün zu Rot hinterlegt.....	34
Tabelle 4:	Beschreibung der Witterungsverhältnisse während der Vegetationsperiode und dem damit zusammenhängenden Ausbrechen einer KF-Epidemie in den Einzelversuchen.	34
Tabelle 5:	Qualität der erhobenen Daten bezüglich des Merkmals Blattnekrotisierung mit Krautfäule (KF) in den Einzelversuchen. In den Versuchen in Schrobenhausen (ND) in 2013 und 2014 wurde Welke zum Teil durch Colletotrichum bonitiert. In Landsberg (LL) trat in 2013 keine und in Uelzen (UE) 2014 kaum KF auf. Nach dem Ampelsystem sind die Werte mit abnehmender Qualität mit den Farben von Grün zu Rot hinterlegt.....	35
Tabelle 6:	Korrelation der Nekrotisierung des Blattapparats und Anzahl der übereinstimmenden Prüfglieder zwischen den Einzelversuchen (N) an den Standorten Landsberg (LL), Schrobenhausen (ND) und Uelzen (UE) zwischen den Jahren 2012 und 2015. Die Signifikanz der Korrelation beträgt: $\alpha = 0,05^+$; $0,01^*$; $0,001^{**}$. Nach dem Ampelsystem sind die Werte mit abnehmender Qualität mit den Farben von Grün zu Rot hinterlegt.	37
Tabelle 7:	Qualität der erhobenen Daten bezüglich des Merkmals Reifedauer in Tagen zwischen Auflaufen und Reifewelken in den Einzelversuchen in Freising.	38
Tabelle 8:	Qualität der erhobenen Daten bezüglich des Merkmals geerntete Knollenmasse in allen Einzelversuchen. Das Ertragsmittel bezieht sich auf die fünf Standardsorten Anuschka, Princess, Lolita, Ditta und Jelly. Nach dem Ampelsystem sind die Werte mit abnehmender Qualität mit den Farben von Grün zu Rot hinterlegt.....	41
Tabelle 9:	Ergebnis der Varianzanalyse zum Einfluss der Parameter reifekorreierter Krautfäulebefall (MCR) und Jugendentwicklung auf die Ertragskompensation.....	45
Tabelle 10:	Ertragskomponenten und deren Einflussfaktoren unter Bedingungen ohne Krautfäule (oKF) und unter Krautfäule-Befallsdruck (KF). Verrechnet wurde die	

Knollenzahl je Staude (Z), Ertragskompensation (Komp.), die Masse und den Anteil an der Gesamtmasse in den drei Größenfraktionen <35mm, 35-55mm,>55mm	51
Tabelle 11: Übersicht über die Züchtungsarbeiten seit 2011	54
Tabelle 12: Liste der zum Anbau 2018 durch das JKI abgegebenen oder zu vermehrenden Projektstämme	62
Tabelle 13: Anzahl Prüfglieder in den Versuchsjahren 2012 bis 2017	74
Tabelle 14: Internationales Differentialsortiment (nach Black 1953, modifiziert)	75
Tabelle 15: Erfassung des Krautfäulebefalls (Einzelblatttest)	77
Tabelle 16: Erfassung des Befalls im Knollentauchtest	78
Tabelle 17: Bewertung des Befalls im Scheibentest	79
Tabelle 18: Phytophthora-Befall von ausgewählten Sorten und Zuchtstämmen im Mittel der Versuchsjahre 2012 bis 2014	84
Tabelle 19: Phytophthora-Befall von ausgewählten Sorten und Zuchtstämmen in den Versuchsjahren 2015 bis 2017, unterteilt nach den Zuchtstufen C-, D-, E-Klon, den älteren JKI-Zuchtstämmen sowie ausgewählten Sorten (Entwicklungsstand 2017).	88
Tabelle 20: Korrelationskoeffizienten zwischen Reife, rAUDPC-Werten, rAUDPC-Werten, Einzelblatttest, Knollentauchtest und dem Scheibentest im Mittel der Jahre 2015 bis 2017.	89
Tabelle 21: Intervall der besten linearen Vorhersagen (BLUP) über alle Umwelten, genotypische und Restfehlervarianz sowie die Heritabilität der untersuchten Prüfglieder in den Jahren 2012 bis 2014	90
Tabelle 22: Signifikante Einzelmarker-Merkmal-Assoziationen für rAUDPC und Δ -rAUDPC bei einem Signifikanzniveau von $p < 0,01$	91
Tabelle 23: Signifikante Quantitative Trait Loci (QTL) aus der Assoziationsstudie der Jahre 2012 bis 2014 für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC	92
Tabelle 24: Intervall der Least Square Means über alle Umwelten, genotypische und Restfehlervarianz sowie die Heritabilität der untersuchten Prüfglieder in den Jahren 2015 bis 2017	93
Tabelle 25: Signifikante Quantitative Trait loci (QTL) aus der Assoziationsstudie für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC	95

Tabelle 26:	Liste der ausgewählten 20 Mikrosatellitenmarker mit Angabe zur Art der Wiederholungseinheit (‘Repeat‘), Position im Kartoffelgenom (‘linkage group‘, LG), polymorphen Informationsgehalt (PIC). sowie Nennung der Literaturreferenz aus der diese Informationen stammen.....	100
-------------	--	-----

Abkürzungsverzeichnis

AKS *Akzessionen andiner oder äquatorialer Herkunft*

BLUP *engl.: Best Linear Unbiased Prediction*

DArT *Diversity Array Technology Trade Mark*

DNA *engl.: Deoxyribonucleic Acid*

dpi *engl.: days past inoculation*

ELISA *engl.: Enzyme-linked Immunosorbent Assay*

FS *Freising*

GFPi *Gesellschaft für Pflanzeninnovationen*

GL *Groß Lüsewitz*

GLKS *Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente*

GWAS *engl.: Genome Wide Association Study*

IPK *Leibnitz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung*

IPS *Institut für Pflanzenschutz der LfL*

JKI *Julius Kühn Institut*

KF *Krautfäule*

KKS *Kulturkartoffelsortiment*

LfL *Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft*

LIMS *LaborInformationsManagementSystem*

LL *Landsberg am Lech*

LSD *engl.: Least Significant Difference*

MAS *engl.: Marker Assisted Selection*

MCR *engl.: Maturity corrected (Lateblight)-Resistance*

ND *Neuburg-Schrobenhausen*

P.i. Phytophthora infestans

PCR *engl.: Polymerase Chain Reaction*

QTL *engl.: Quantitative Trait Loci*

rAUDPC *engl.: relative AreaUnderDiseaseProgressCurve*

SSR *engl.: SingleSequenceRepeats*

UE *Uelzen*

WKS *Wildkartoffelsortiment*

Teil I: Einleitung

1. Einleitung

Unter ökologischen Anbaubedingungen können Lebensmittel zwar nachhaltiger und umweltschonender produziert werden, es wird dabei aber durchschnittlich 20 % weniger Ertrag erwirtschaftet als im konventionellen Anbau (NEMECEK *et al.* 2006). Bei Kartoffeln werden die Einbußen vor allem durch Krankheiten und Schädlinge wie Krautfäule, *Alternaria*, *Colletotrichum*, *Botrytis* und Kartoffelkäfer verursacht. Mit den begrenzten Möglichkeiten im ökologischen Pflanzenschutz kann diesen Schädlingen nur mäßig entgegengewirkt werden. Die größte Herausforderung ist nach wie vor die Krautfäule (KF), verursacht durch den Oomyceten *Phytophthora infestans* (P.i.) (siehe Abbildung 1). Zur Bekämpfung dieses Schaderregers kommen hauptsächlich Kupfer-haltige Präparate zum Einsatz. Kupfer ist ein lebenswichtiges Spurenelement für alle Lebewesen und wird von Pflanzen u.a. zur Chlorophyllbildung aufgenommen. Zugleich ist Kupfer jedoch auch ein Schwermetall mit toxischer Wirkung. Eine regelmäßige Applikation als Pflanzenschutzmittel führt innerhalb der Fruchtfolge zu einer starken Anreicherung im Boden und wirkt sich negativ auf die Pflanzenentwicklung aus. Daher gilt für die jährliche Applikationsmenge in Kartoffeln die Obergrenze von 3,5 kg je Hektar. Diese Menge ist während vieler Vegetationsperioden zur sicheren Befallsverhinderung ausreichend. Bei starken und häufigen Niederschlägen aber ist diese schnell unzureichend, zumal die Wirkstoffdepots auf dem Blatt wenig regenfest sind. Aus diesen Gründen besteht seitens der Erzeuger der große Wunsch, als weiteren Baustein des Risikomanagements spürbare Sortenresistenzen gegenüber Krautfäule zu Verfügung zu haben.

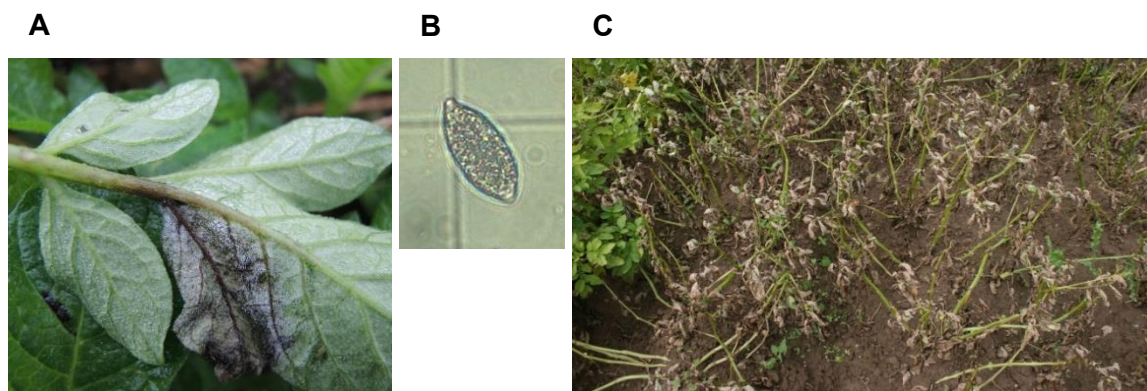


Abbildung 1: Schadbild an der Kartoffel verursacht durch den Erreger *Phytophthora infestans*. A: Sporulierender Blattbefall. B: Spore C: Kartoffelkraut bei fortgeschrittener Krautfäule-Infektion.

Konventionelle Züchtungsunternehmen empfehlen für den ökologischen Anbau oft Sorten mit früher Reifezeit, die schon vor Epidemieausbruch ein gutes Ertragsniveau erreicht haben. Von den Fachzentren der Bundesländer für Ökolandbau werden jährlich

Landessortenversuche durchgeführt und Anbauempfehlungen für den ökologischen Kartoffelanbau veröffentlicht. Im Jahr 2018 stehen 13 Kartoffelsorten auf der bayerischen Empfehlungsliste (Tabelle 1). Trotz genereller Anbaueignung weist von diesen nur die Sorte Allians eine gewisse verringerte Anfälligkeit gegen den Erreger der Kraut- und Knollenfäule auf. Sorten mit KF-Resistenz werden zwar bereits in geringem Umfang auf dem europäischen Markt angeboten, für den inländischen Speisekartoffelmarkt wurden diese bislang nicht in die Anbauempfehlungen der Länder aufgenommen, da sie durchgehend qualitative Mängel aufweisen. Beispielsweise sind Sorten wie Toluca, Sarpo Mira und Connect entweder sehr spät reifend oder im Geschmack unterdurchschnittlich.

Tabelle 1: Sortenempfehlung Kartoffeln für den ökologischen Anbau in Bayern 2018

Frühjahrsanbau 2018, Sortenberatung zu den Sommerungen

In Zusammenarbeit mit: IPZ2a, IPZ3a, IPZ3c, IPZ4a, Fachberater der Erzeugerringe im LKP, Fachzentren für Ökolandbau an den ÄELFs, IAB3a

Kartoffel

Sorte	Status	Reife	Kochtyp	Bemerkung
Anuschka	Empfehlung	sfr	f	
Solist	Empfehlung	sfr	vf	
Colomba	Empfehlung	sfr	vf	
Belana	Empfehlung (Auslauf)	fr	f	
Goldmarie	Empfehlung (Einlauf)	fr	f	
Marabel	Empfehlung	fr	vf	
Musica	Empfehlung	fr	f	
Agria	Empfehlung	mfr	vf	
Allians	Empfehlung	mfr	f	
Ditta	Empfehlung	mfr	f	
Nicola	Empfehlung	mfr	f	
Talent	Empfehlung	mfr	m	
Almonda	Empfehlung (Einlauf)	mfr	f	

1.1. Gegenstand des Vorhabens

Gegenstand des Vorhabens war es, verfügbares Kartoffelmaterial auf seine Anbaueignung im ökologischen Landbau zu prüfen. Parallel dazu sollte unter Nutzung der verfügbaren genetischen Ressourcen ein spezielles Züchtungsprogramm zur Erweiterung des Kartoffelsortenspektrums für den ökologischen Landbau etabliert werden. Hierbei sollte größtes Augenmerk auf die Einbringung bzw. Beibehaltung von KF-Resistenz im Zuchtmaterial gelegt werden, damit der Produktionsprozess im ökologischen Landbau in Zukunft nachhaltiger, effizienter und akzeptabler gestaltet werden kann.

Eine wichtige Quelle genetischer Ressourcen in Deutschland stellen *Phytophthora*-resistente Kartoffelklone aus dem Prebreeding-Programm des Julius Kühn-Instituts (JKI) in Groß Lüsewitz dar. Dessen jahrzehntelangen Kreuzungs- und Selektionsarbeiten generierten

Genotypen mit verschiedensten positiven Eigenschaften. Dieses Pflanzenmaterial ist von außerordentlichem Wert und bietet die Möglichkeit zur Züchtung von resistenten Kartoffelstämmen, die für die Züchtung von Sorten, die auch den Ansprüchen des ökologischen Landbaus genügen, unabdingbar sind.

Eine weitere Quelle wichtiger genetischer Ressourcen ist die Genbank des Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK). In der Nachbarschaft des JKI beherbergen die sogenannten Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (GLKS) Kartoffelmuster, die in drei unterschiedliche Kategorien aufgeteilt sind. Dabei besteht das größte Sortiment (WKS) aus 2.850 Wildkartoffelakzessionen, gefolgt von vorwiegend alten Kartoffelsorten und Zuchtstämmen (KKS) mit ca. 2.750 Mustern. Die kleinste Gruppe umfasst 535 Akzessionen andiner oder äquatorialer Herkunft (AKS). Diese Sortimente stellen mit ihrer hohen biologischen Diversität eine wertvolle Quelle für züchtungsrelevante Eigenschaften wie z.B. neue Resistenzquellen dar.

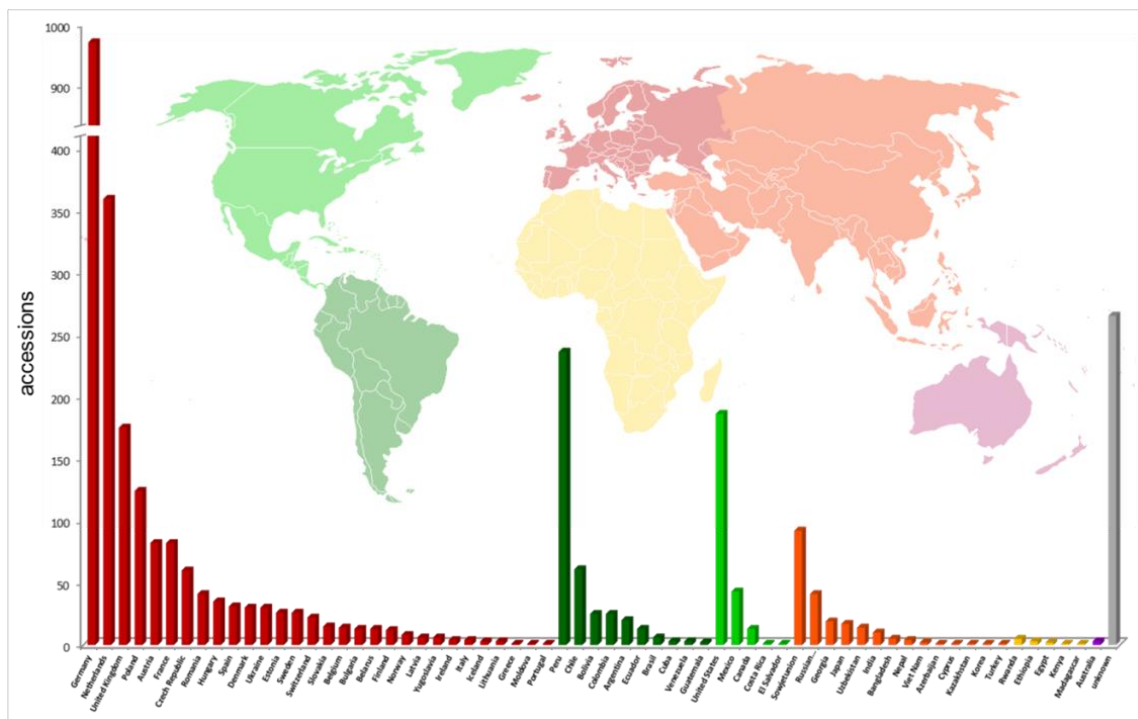


Abbildung 2: Herkunft der 3.317 Genbank-Akzessionen. Aufgeschlüsselt nach Herkunftsland und Kontinenten.

Das Wildkartoffelsortiment als vermutlich wertvollste Quelle ist für die konventionelle Züchtung nur schwer zugänglich, da Kreuzungsbarrieren zwischen der Kulturkartoffel *Solanum tuberosum* und den verschiedenen *Solanum*-Arten im Wildkartoffelsortiment berücksichtigt werden müssen. Auch im andinen Sortiment werden wertvolle Eigenschaften vermutet, die aufgrund einer engeren Verwandtschaft zur Kulturkartoffel leichter einkreuzbar sind. Am Einfachsten ist es, alte Kultursorten zu verwenden und deren positive Eigenschaften und Resistenzen in neuen Kartoffelsorten zu vereinen. Voraussetzung dafür

ist, dass die Kultursorten möglichst umfassend charakterisiert sind, um deren wertvolle Eigenschaften zu kennen und damit einen nachhaltigen Nutzen in Form eines steten Züchtungsfortschritts zu erreichen.

1.2. Ziele und Aufgabenstellung

Die Projektziele stehen im Zusammenhang mit folgenden Förderschwerpunkten:

- i. **„Erschließung des Leistungspotenzials genetischer Ressourcen“:** In einem eigenen Teilprojekt sollte das historische Material der GLKS genetisch beschrieben und die dabei gewonnenen Informationen der Öffentlichkeit über das Informationssystem der Genbank zugänglich gemacht werden. Ziel war es, den Wert dieser Kartoffel- Ressourcen für die Züchtung vertieft zu erschließen, um die genetische Vielfalt der Resistenzquellen besser und nachhaltig nutzen zu können. Dazu sollten zwei der klonal erhaltenen Kartoffel-Sortimente (AKS und KKS) mittels verschiedener Markersysteme (SSR, Cytoplasma-Marker, Resistenzmarker) genotypisiert werden. Es wurden genetische Marker benutzt, die aktuell weltweit Verwendung finden (z.B. REID *et al.* 2011, SANETOMO & GEBHARDT, 2015) und eine Vergleichbarkeit der Ergebnisse über den Rahmen des Projektes hinaus ermöglichen. Zu Projektbeginn waren nur wenige der Genbankmuster molekular charakterisiert. Die neu gewonnenen Informationen sollten dabei den Projektpartnern für die laufenden Züchtungsarbeiten direkt zur Verfügung gestellt werden.

In Zusammenhang mit dieser Förderrichtlinie sollten auch Parzellenversuche an einer repräsentativen Auswahl an in Deutschland verfügbaren Sorten und Stämmen durchgeführt werden. Die Prüfglieder wurden aus den Zuchtprogrammen deutscher Kartoffelzüchter, der beteiligten Institute sowie aus den GLKS ausgewählt, um eine möglichst breite genetische Vielfalt widerzuspiegeln. Im pflanzenbaulichen Versuch sollte ihre Leistungsfähigkeit in der landwirtschaftlichen Praxis der Ökobetriebe geprüft werden. Dabei sollten vor allem KF-Resistenz und agronomische Eigenschaften untersucht und somit das Potenzial der in Deutschland vorhandenen genetischen Ressourcen unter den Bedingungen des Ökologischen Landbaus ermittelt werden.

Die phänotypischen Daten aus dem Prüfgliedeanbau lieferten die Grundlage für Assoziationsstudien. Durch sie sollten Hinweise auf die genetische Basis der *Phytophthora*-Resistenz und weiterer Eigenschaften gewonnen werden. Ziel war es DNA-Marker für die Züchtung zu identifizieren, anhand derer Kartoffelmaterial auf gewünschte Eigenschaften hin frühzeitig und gezielt vorselektiert werden kann.

- ii. **„Weiterentwicklung der Nachhaltigkeitskriterien im ökologischen Landbau“:** Vor dem Hintergrund der Kupferproblematik ist die Entwicklung *Phytophthora*-resistenter Kartoffelstämme für einen nachhaltigen ökologischen Kartoffelbau von zentraler

Bedeutung. Einsparungen bei diesem umstrittenen Pflanzenschutzmittel steigern die Ressourceneffizienz und erhöhen langfristig die Wirtschaftlichkeit im ökologischen Landbau. Daher sollte während des Selektionsprozesses neues Basismaterial mit gut ausgeprägter Kraut- und Braunfäule-Resistenz in Kombination mit weiteren positiven Resistenzeigenschaften geschaffen werden. Um im Wettbewerb mit den konventionellen Sorten bestehen zu können, müssen sich neue widerstandsfähige Sorten auch durch äußere und innere Qualität wie Formstabilität, glatte Schale, gute Speiseeignung und gelbe Fleischfarbe auszeichnen. Die Einbeziehung der genetischen Ressourcen der Genbank und des JKI sowie die Nutzung modernster Methoden zur Selektion und Beschreibung von Zuchtmaterial ermöglichen eine zielgerichtete, nachhaltige züchterische Vorgehensweise in der erforderlichen genetischen Breite.

- iii. **„Praxisorientierte Projekte mit modellhaftem Charakter“:** Die Etablierung eines partizipativen Ansatzes in der Kartoffelzüchtung ist in Deutschland ein Novum. Dazu sollte eine enge Vernetzung von kartoffelanbauenden Biobetrieben und Verbänden des ökologischen Landbaus mit den deutschen Kartoffelzüchtern und den drei am Projekt beteiligten Instituten aufgebaut werden. Ähnlich zu den in Holland seit vielen Jahren praktizierten Züchtungsansätzen (LAMMERTS VAN BUEREN, 2015) war eine Methodik zu erarbeiten, die eine aktive Einbindung praktischer Öko-Kartoffelerzeuger in die Züchtungsarbeiten vorsieht. Der gewählte Weg sollte eine direkte Verknüpfung von Züchtung, Forschung und Praxis ermöglichen.
- iv. **Weiterentwicklung von agrarischen Wissenstransfer- und Informationssystemen:** Um die Transparenz im Züchtungsprozess zu steigern und die Akzeptanz des Vorhabens in der Öffentlichkeit zu erhöhen, wurde eine nach außen sichtbare enge Zusammenarbeit aller Verbundpartner angestrebt. Dies erlaubte auch einen schnellen Austausch von Informationen, Wissen und Forschungsergebnissen zwischen den Wissenschaftlern der Institute, den Betriebsleitern der Öko-Betriebe und den Anbauberatern der Bioverbände. Letztere waren eingebunden, um Informationen und Ergebnisse aus dem Projekt auf direktem Wege auch überregional an landwirtschaftliche Betriebe weiterzugeben.

1.3. Planung und Ablauf des Projektes

Um eine Kartoffelzüchtung speziell für den ökologischen Landbau in Deutschland zu etablieren, wurde ein Projektverbund aufgebaut und ein überregionales Zuchtprogramm entworfen. Dies beinhaltete einen regen und offenen Austausch von Informationen und Pflanzenmaterial zwischen den beteiligten Instituten - dem Julius Kühn-Institut (JKI), dem Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) und der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) - sowie den Ökobetrieben Huber, Kainz und Vinnen, den Beratern der Verbände Bioland, Naturland und Ökoring und den Züchtungsunternehmen

der GFPi. In Abbildung 3 ist der Material- und Informationsfluss innerhalb des Projektverbunds graphisch dargestellt.

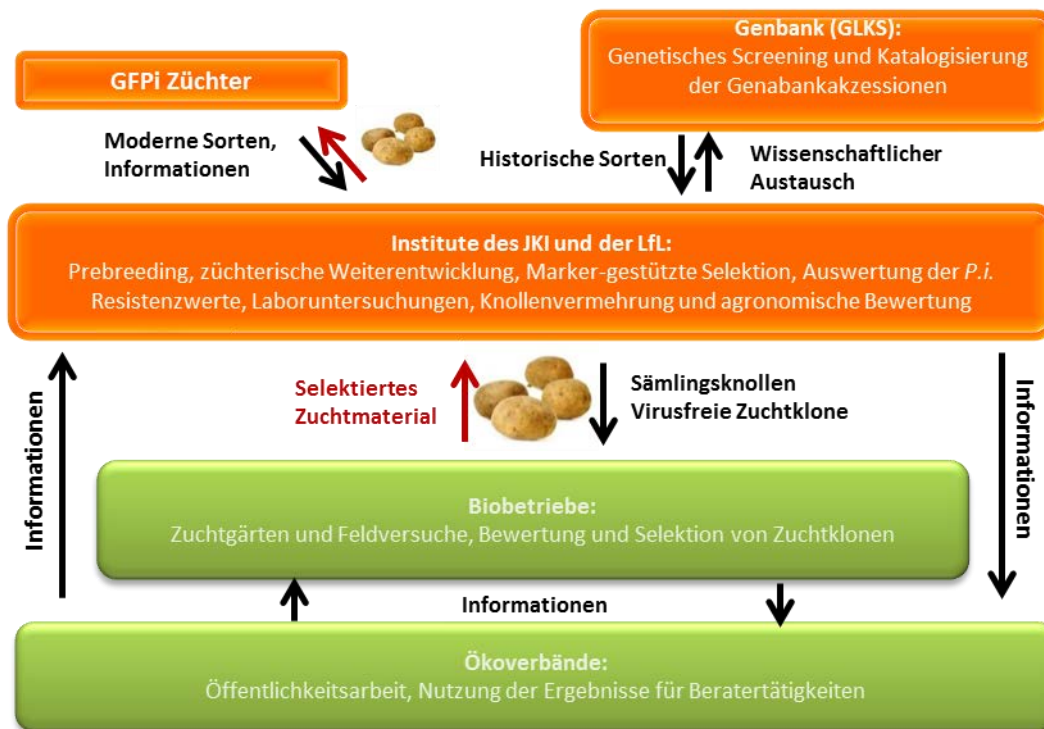


Abbildung 3: Aufgaben sowie Material- und Informationsfluss bei innerhalb des Projektverbunds.

Phase I - Aufstellung des Projektverbundes, Basisscreening

- Auswahl der Prüfglieder (alle Partner)
- Prüfgliedanbau auf den Flächen der beteiligten Ökobetriebe mit Phänotypisierung der Klone
- Vergleichender Anbau der ausgewählten Prüfglieder an JKI und LfL unter künstlicher Inokulation und zur Reifeeinschätzung
- Schulung der Landwirte zur *Phytophthora*-Bonitur
- regelmäßige, gezielte und bedarfsgerechte Bonitur
- Molekulargenetische Analyse der Sorten und älteren Stämme sowie der neu entwickelten Zuchtstämme mit etablierten Resistenzmarkern (LfL, JKI)
- Untersuchung von *P.i.*-Resistenzloci (R-Gene)
- Anzucht der Genbankakzessionen
- Auswahl und Etablierung molekularer SSR Marker zum Screening der Genbankakzessionen (IPK)
- Öffentlichkeitsarbeit mit Feldführungen, Veranstaltungen und Vorträgen
- Einrichtung einer Homepage zur Kommunikation (LfL)

Phase II - Zielgerichtete Neukombination, Genpoolanalyse

- Auswertung und Vergleich der Ergebnisse des Prüfgliedanbaus
- abgestimmte Auswahl der Zuchtstämme
- Durchführung von Kreuzungen (LfL, JKI)
- Gezielte Zusammenführung von Resistenzen mit Hilfe Marker-gestützter Selektion (LfL)
- Entwicklung und Vorselektion von jungen Ausgangsmaterial zur weiteren Selektion auf den Biobetrieben unter ökologischen Anbaubedingungen (JKI, LfL)
- Anlage von Zuchtgärten und Bonitur der Zuchtklone auf den Biobetrieben
- Vergleichender Anbau an JKI und LfL zur Erhaltungszüchtung und Reifebonitur der Zuchtklone
- Assoziationsstudien unter Verwendung der phänotypischen Daten des Prüfgliedanbaus (JKI, LfL)
- Molekulargenetische Analyse der selektierten Linien und Sämlinge (LfL)
- Screening der Genbankakzessionen mit SSR Markern (IPK)
- Verwandtschaftsanalysen und Bewertung der Biodiversität der Genbankakzessionen (IPK)
- Öffentlichkeitsarbeit mit Feldführungen und VersuchsDemonstrationen, Vorstellung des Projekts mit Vorträgen, Zeitungsartikeln, bei Tagungen und Informationsveranstaltungen.

Phase III - Auswertung und Verwertung der bisherigen Versuchsergebnisse

- Auswertung der Assoziationsstudie und Identifizierung von möglichen *P.i.*-Resistenzmarkern
- Bewertung neuer Zuchtklone durch mehrjährige und mehrortige Prüfungen
- Förderung der Professionalität und Eigenständigkeit der Landwirte in der züchterischen Selektion
- Überführung der gewonnenen Informationen in das Genbankinformationssystem GBIS (IPK)
- Publikation der Ergebnisse
- Abgabe von erzeugtem und beschriebenen Ausgangsmaterial an Züchter zur weiteren Verwendung

2. Wissenschaftliche und technische Anknüpfungspunkte

2.1. Resistenzzüchtung:

Trotz eines halben Jahrhunderts intensiver Züchtungsbemühungen an den weltweit führenden Kartoffelforschungseinrichtungen stehen bisher nicht ausreichend geeignete Speisesorten mit Kraut- oder Knollenfäule-Resistenz zur Verfügung. Die ausgeprägte Anpassungsfähigkeit des Oomyceten *Phytophthora infestans* führte in der Vergangenheit immer wieder zu schnellen Resistenzdurchbrüchen. Dies geschah insbesondere nach der gezielten Einkreuzung einzelner dominanter R-Gene, die meist nur eine rassenspezifische Resistenz vermitteln. Eine Resistenz, die einem Durchbruch länger standhalten kann, wird nach DARSOW (2002) quantitativ vererbt, was das Erreichen eines hohen Resistenzniveaus zu einem langwierigen, stetigen Prozess mit zahlreichen Rekombinationszyklen werden lässt.

Da die Resistenzen durch Kreuzungen mit Wildarten in die Kulturkartoffel eingebracht werden, besitzen die Nachkommen durch den hohen Anteil an Wildartgenen unerwünschte Eigenschaften wie zum Beispiel späte Reife, unförmige Knollen, lange Stolone oder geringer Ertrag. Wird eine Population ausschließlich nach den erwünschten qualitativen Kriterien selektiert, wie dies bei kommerziellen Züchtung notwendig ist, bleiben keine Krautfäule-resistenten Zuchtstämme übrig (STRAHWALD, 2011). Darum sind staatlich geförderte Züchtungsprogramme wichtig, die primär die Resistenzeigenschaften des Zuchtmaterials im Fokus haben (WILBOIS, 2011). Für kommerzielle Züchtungsunternehmen ist ein solcher Ansatz finanziell nicht tragbar, da ein Erfolg erst nach 20 bis 30 Jahren zu erwarten ist (STRAHWALD, 2011).

In Deutschland kann das Julius Kühn-Institut in Groß Lüsewitz auf ein bereits über 50 Jahre währendes spezielles Zuchtprogramm für die *Phytophthora*-Resistenzzüchtung zurückblicken (DARSOW, 2000). Dabei wurden Resistenzen aus verschiedenen Wildarten eingekreuzt (siehe Abbildung 4) und Kartoffelpflanzen selektiert, deren Widerstandsfähigkeit quantitative zur Ausprägung kam. Diese verleiht der Pflanze zwar keinen absoluten Schutz gegen einen Befall, wirkt aber befallsreduzierend gegen alle oder mehrere Erregerrassen.

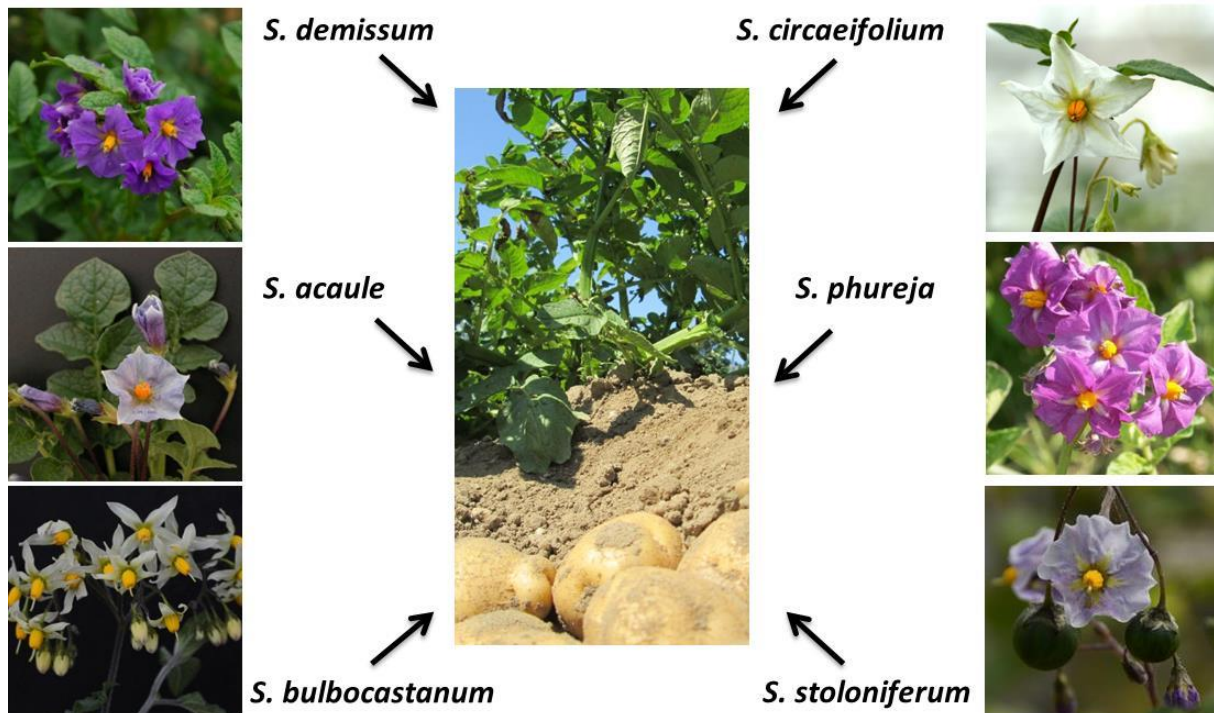


Abbildung 4: Resistenzeigenschaften wurden durch Kreuzungen aus einer Vielzahl von Wildarten in die Kulturkartoffel eingebracht.

An der Ausprägung einer quantitativen sind mehrere bis viele Gene – sogenannte Polygene oder QTL beteiligt. Die züchterische Nutzung der quantitativen Resistenz wird durch ihre komplexe Vererbung wesentlich erschwert. Außerdem unterliegt ihre Ausprägung einem erheblichen Umwelteinfluss. Resistenztests müssen daher über mehrere Jahre und in verschiedenen Umwelten (Jahre x Prüfstandorte) durchgeführt werden, um belastbare Daten zu erhalten.

In den vergangenen Jahren wurden Fortschritte vor allem in der Entkopplung von Spätreife und *P.i.*- Resistenz erzielt. Schließlich wurde angepasstes Zuchtmaterial mit geringer KF-Anfälligkeit an die Züchter abgegeben. Wie die Erfahrungen der Züchter zeigen, erfolgt dieser Schritt aber immer noch zu früh und die Resistenzen verlieren sich sehr früh im Zuchtprozess, da nicht weiter auf Kraut- und Knollenfäuleresistenz selektiert wird. Das primäre Zuchtziel der Sortenzüchtung ist nach wie vor die Steigerung des Ertrages, gefolgt von der Verbesserung der Qualität bzw. Verwendungseignung (DALE & BRADSHAW, 2006; ROSS, 1986). In der Kartoffelzüchtung sind die Zuchtziele besonders komplex. So werden in einer modernen Kartoffelsorte 60 bis 70 wichtige Merkmale vereint. Genetisch werden diese Merkmale oft polygen vererbt, was erschwert die genetische Vorselektion erheblich erschwert. Um genetischer Marker für eine breite *Phytophthora*-Resistenz zu etablieren, wurden am JKI chromosomale Resistenzloci mit Hilfe der Diversity Array Technology (DART) identifiziert. Dies soll eine zukünftige markergestützte Selektion ermöglichen und zur Verkürzung des Zuchtprozesses beitragen.

2.2. Kartoffelzüchtung für den ökologischen Landbau

Der im Projekt gewählte Ansatz folgte dem Modell „Bio-impuls“, der in Holland 2009 initiiert wurde. Das staatlich geförderte Programm nimmt sich dort der Züchtung neuer resistenter Kartoffelsorten für den ökologischen Kartoffelbau an. Das Louis Bolk Institut koordinierte dieses Programm in enger Zusammenarbeit mit der Universität Wageningen und der Forschung, kommerziellen Züchtern und Landwirten (<http://www.louisbolk.org/sustainable-agriculture/plant-breeding/organic-potato-breeding>). Zentraler Aspekt ist hier die Einbindung sogenannter Bauernzüchter. Dies sind praktizierende Landwirte, die neben der Produktion von Speise- oder Verarbeitungskartoffeln auf ihren Höfen Zuchtgärten anlegen, diese selbstständig betreuen und eine Zuchtauswahl treffen. Auf diese Weise fließt die Expertise der Landwirte in die Züchtung ein. Des Weiteren kann schon im frühen Vermehrungsstadium eine Selektion auf langjährig ökologisch bewirtschafteten Flächen durchgeführt werden.

2.3. Markergestützte Selektion

Über genetische Marker können bestimmte Eigenschaften im Zuchtmaterial bereits am Sämling erkannt werden. Eine kleine Blattprobe ist für die Durchführung der dafür nötigen DNA-Analyse ausreichend. Voraussetzung für diese sogenannte markergestützte Selektion (MAS) ist die Verfügbarkeit genetischer Marker für die gewünschten Resistenzeigenschaften. Für wenige bedeutende Eigenschaften ist dies in der Kartoffelzüchtung bereits realisiert: Der Marker *Gro1* ist diagnostisch für eine breite Resistenz gegen den Nematoden *Globodera rostochiensis*, Rassen Ro1-5 (GEBHARDT *et al.*, 2006; SCHWARZFISCHER *et al.*, 2010). Der Marker *HC* für Resistenz gegen *Globodera pallida*, Rasse Pa 3 (SATTERZADEH *et al.*, 2006) und die YES-Marker für extreme PVY-Resistenz sind diagnostisch (Song und Schwarzfischer, 2008). Ihre Anwendung hat sich bereits in der züchterischen Anwendung an der LfL und an anderen Einrichtungen bewährt (SCHWARZFISCHER *et al.*, 2010; DALTON *et al.*, 2011, LOPEZ VIZCON *et al.*, 2012, SLATER *et al.*, 2013).

Für die Ermittlung der *Phytophthora*-Resistenz liegen verschiedenen Marker aus QTL-Kartierungen an Linien von *S. tuberosum* und Studien an Resistenzgenen aus Wildarten vor. DANAN *et al.* (2011) trugen alle verfügbaren Ergebnisse zusammen und konstruierten basierend auf 19 verschiedenen Studien eine Konsensus-Genkarte, in die auch Reifedaten einbezogen wurden. Diese Veröffentlichung bietet eine übersichtliche Zusammenstellung fast aller bisher in Wildarten und Wildartkreuzungen identifizierten und veröffentlichten Resistenzgenloci. In wieweit diese Resistenzloci im aktuellen Sortenmaterial integriert sind, ist bislang nicht bekannt. Unter Nutzung von Markern könnte eine quantitative *Phytophthora*-Resistenz mit *Phytophthora*-R-Genen und anderen Resistenzen kombiniert werden, um die Resistenzausstattung im Zuchtmaterial zu erhöhen.

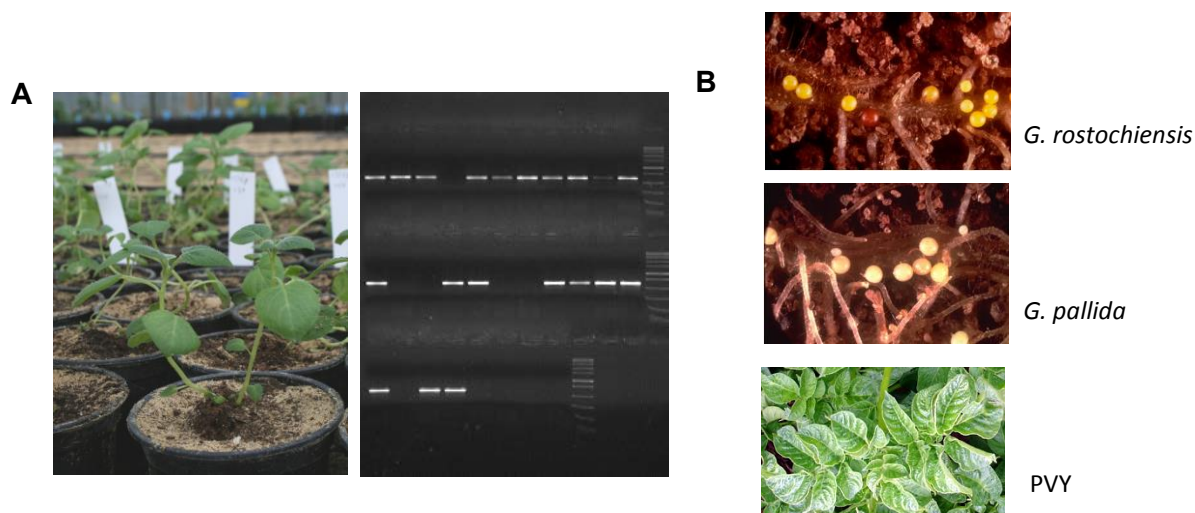


Abbildung 5: A: links: Sämlinge rechts: Gelelektrophorese mit positiven und negativen Markerergebnissen. B: Schadbild der Erreger an Wurzeln (*Globodera rostochiensis* und *G. pallida*) und am Blatt (PVY) Fotos für Nematoden entnommen bei: http://www.eppo.int/QUARANTINE/nematodes/Globodera_pallida/HETDSP_images.htm und <http://www.gansplanthealth.com/Estima.html>

2.4. Erschließung, Bewertung und Nutzung genetischer Ressourcen

Um die Biodiversität im Kartoffelzuchtmaterial zu erweitern und Resistenzen neu einzubringen, war es wichtig, die in der Genbank des IPK konservierte Biodiversität der Kartoffel für verschiedenste Resistenzen, aber auch die generelle Diversität in Kulturkartoffelmaterial als Grundlage für die Nutzung von Heterosiseffekten genauer zu erfassen und zu charakterisieren. Diese Arbeit stellte auch die wesentliche Grundlage für Züchtungsarbeiten zur Kombination der *Phytophthora*-Resistenz mit anderen für den Marktwert einer Sorte entscheidenden Merkmalen dar. Umgekehrt waren langfristig vorgelegte Arbeiten mit *Solanum*-Wildarten aus der Genbank unabdingbar für die Entwicklung der aktuellen JKI-Zuchtstämme mit quantitativer *Phytophthora*-Resistenz. Das IPK basierte die genetische Charakterisierung der mehr als 3.300 Kartoffelakzessionen vorwiegend auf Mikrosatellitenmarkern. Dieses robuste Markersystem wird weltweit an vielen Kartoffelforschungseinrichtungen und auch von Kartoffelzüchtern zur Sortenidentifizierung und zur Evaluierung von Populationsstrukturen verwendet (z.B.: ESNAULT *et al.*, 2016, FAVORETTO *et al.*, 2011, GHISLAIN *et al.*, 2009, LOPEZ-VIZCON *et al.*, 2012, LUNG'AHU *et al.*, 2011, REID *et al.*, 2011).

Teil II: Teilbericht der LfL

Zuwendungsempfänger: Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung	Förderkennzeichen: 2810 OE 071
---	--

Aufgabe der LfL war es, in Deutschland verfügbare Sorten und Stämme auf ihre generelle Anbaueignung im ökologischen Landbau zu prüfen (Teilprojekt I). Parallel dazu wurde ein Zuchtprogramm aufgebaut, um neue Stämme zu entwickeln, die sich vor allem durch eine erhöhte KF-Resistenz auszeichnen (Teilprojekt II). Zentraler Aspekt war der partizipative Ansatz, bei dem Landwirte in die Selektionsarbeiten miteinbezogen wurden. An der LfL wurden Kreuzungen durchgeführt, die Nachkommen wurden auf den Ökobetrieben geprüft und selektiert. Ziel war es, das KF-Resistenzniveau des Donors zu erhalten und im Folgenden anhand ihrer Qualitätseigenschaften zu selektieren. Von vorne herein wurde darauf geachtet über geeignete Kreuzungseltern Resistenzen gegen Nematoden und Virenbefall ins Zuchtmaterial einzubringen.

3. Material und Methoden

3.1. Bereitstellung von Sämlingsknollen

Für die Zuchtgärten der Ökobetriebe wurden an der LfL Sämlingsknollen generiert. Hierfür sind zwei Jahre nötig. Im ersten Jahr wurden gezielt Kreuzungen durchgeführt, die Samen nach der Beerenernte aufbereitet, gezählt und über den Winter in Papiertütchen trocken gelagert. Abbildung 6 veranschaulicht den Ablauf in Bildern.

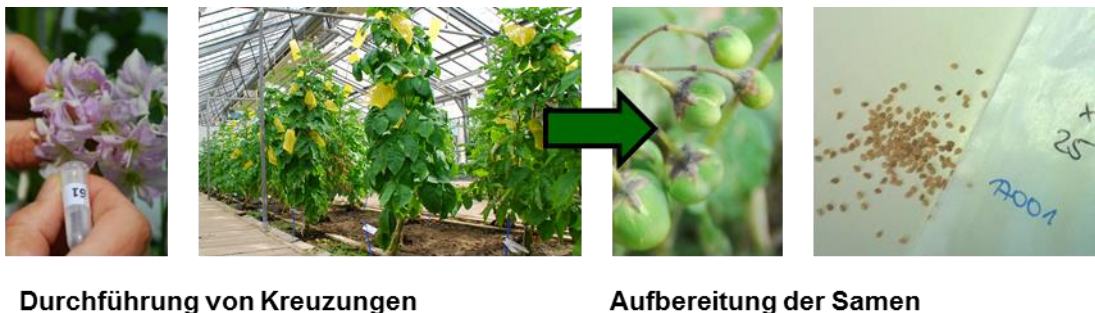


Abbildung 6: Ablauf der Samenerzeugung: Kastrierte Blüten werden von Hand mit Pollen der gewünschten Vaterpflanze bestäubt. Aus den Beeren einer Kreuzung werden die Samen gelöst, getrocknet und verpackt.

Im Folgejahr wurden die Samen geeigneter Kreuzungen in 150iger Pikierschalen gesät (Abbildung 7). Nach 3-4 Wochen wurden die Pflänzchen in Töpfe gepflanzt und im Gewächshaus angezogen. Die Knollenernte erfolgte nach 14 bis 16 Wochen. Bei der Selektion auf Knollenmerkmale wurden mehr als zwei Drittel der Knollen aufgrund von Mängeln bezüglich der Stolonhängigkeit, Knollenform, Schalenfarbe, Schalenbeschaffenheit oder Fleischfarbe ausgesondert.



Abbildung 7: Ablauf der Sämlingsknollen-Bereitstellung. Nach Samenkeimung in Pikierschalen werden die Pflänzchen in Töpfen im Kaltgewächshaus gezogen. Nach induzierter Abreife werden die Knollen geerntet und selektiert.

In den Projektjahren 2012 bis 2018 wurden jährlich zwischen 2.300 und 7.000 Sämlingsknollen auf den beiden ökologisch geführten Flächen in Landsberg am Lech und Neuburg-Schrobenhausen angebaut (siehe Abbildung 8).

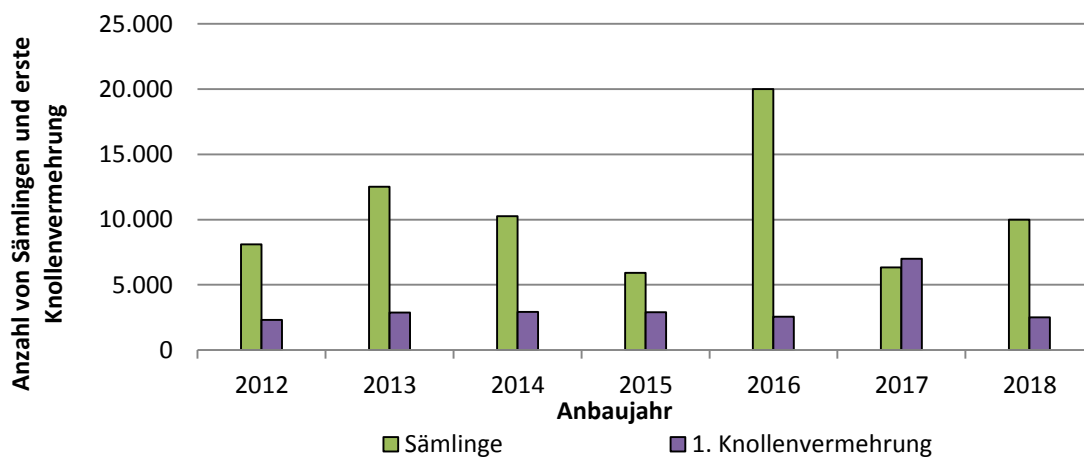


Abbildung 8: Anbauumfang des Züchtungsprogramms auf den zwei ökologisch bewirtschafteten Flächen. Die aus Samen virusfrei im Gewächshaus angezogenen Sämlingsknollen (Sämlinge) kommen im Folgejahr (1. Knollenvermehrung) in den Feldanbau.

3.2. Züchtung und Pflanzenbauliche Versuche

Zwischen 2012 und 2015 wurden Versuchsserien zur Bewertung von Sorten und Zuchtstämmen durchgeführt. Die dazu dargestellten Ergebnisse beinhalten die Beurteilung von historischen und am Markt verfügbaren Sorten sowie von Zuchtstämmen verschiedener Züchtungsfirmen und der beteiligten Institute. Standorte in Süd- und Norddeutschland repräsentierten unterschiedliche Klima- und Standortbedingungen. Während die Versuchsglieder in Groß Lüsewitz (GL) und Freising (FS) unter konventionellen Bedingungen angebaut wurden, lieferten die Flächen in den Landkreisen Landsberg am Lech (LL), Neuburg an der Donau (ND) und Uelzen (UE) Ergebnisse unter Bedingungen des Ökolandbaus. Die Lage der Prüfstandorte ist in Abbildung 9 dargestellt.

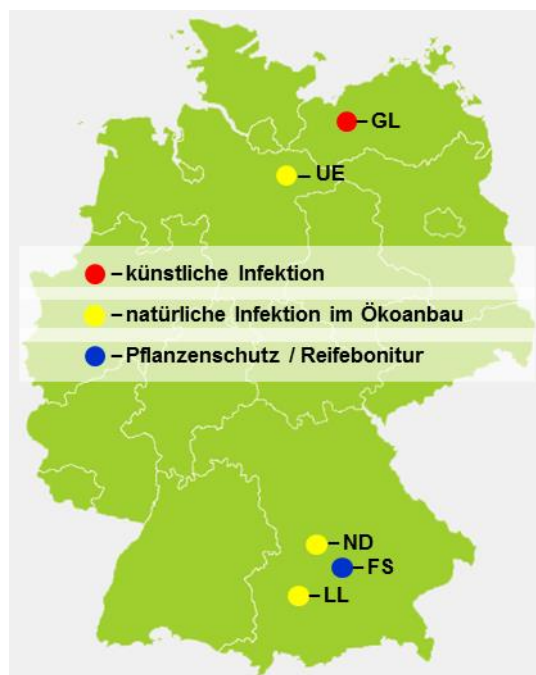


Abbildung 9: Übersicht über die Versuchsfelder, Infektionsmethode und Pflanzenschutz. LL: Landsberg am Lech, ND: Neuburg/Donau, FS: Freising, UE: Uelzen, GL: Groß Lüsewitz.

Darüber hinaus wurden auf den Flächen der Ökobetriebe in LL und ND Zuchtgärten angelegt, um Nachkommenschaften aus dem Züchtungsprogramm zu prüfen. Aus der ersten Knollenvermehrung (Abbildung 10) wurden anhand von Pflanzen- und Knollenbonituren Klone ausgewählt und als A-Klone im Folgejahr weitergeführt. In einem rekurrenten Selektionsgang wurden die Klone in jedem weiteren Anbaujahr über eine steigende Anzahl an Parametern und Versuchsorten bewertet. Ihre Bezeichnung änderte sich nach jedem Gang alphabetisch aufsteigend (B-, C-, usw. Klone). Der Ökobetrieb von Christian Vinnen in UE diente als weiterer Prüfstandort für Stufen ab der B-Generation. Die Kartoffelklone wurden nach der Ernte gemeinsam mit den Betriebsleitern selektiert.



Abbildung 10: Einzelstauden aus Sämlingsknollen. Links: Feldaufgang in LL15, Mitte: nach KF-Epidemie in LL18, Rechts: Ernteknollen in ND18.

3.2.1. Pflanzenbauliche Versuchsanlage

Je nach Pflanzgutverfügbarkeit wurden wiederholte oder nicht-wiederholte Prüfungen durchgeführt. Parzellen wurden als Doppelreihe mit je fünf Pflanzen mit einem Abstand in der Reihe von 33 cm, zwischen den Reihen von 75 cm und ab der Saison 2013 mit Stirnrandpflanzen (Sorte Arosa) angelegt. Das Pflanzgut war auf 40 - 50 mm Größe kalibriert.

Der wiederholte Versuchsaufbau enthielt an den Standorten LL, ND, UE und FS in unvollständigen Blockanlagen je zwei Wiederholungen je Prüfglied. Die Planung und Auswertung der Einzelversuche erfolgte mit der Software PLABPLAN (UTZ, 1998) und PLABSTAT (UTZ, 2011). Die Merkmale wurden als Serie mit SAS statistical software Version 10.4 (SAS Heidelberg) in der Prozedur Mixed ausgewertet. Die Kombinationen aus Ort (O_k) und Jahr (J_L) wurde zu Umwelten (U_{KL}) zusammengefasst, welche mit der Wiederholung und dem Block als zufällige Effekte in das Modell eingingen. In SAS wurden für die Regressionsanalyse die Prozeduren (1) REG mit den Optionen „SELECTION=STEPWISE; SLENTRY=0,05 und SLSTAY=0,05 und (2) ROBUSTREG mit den Optionen „DIAGNOSTICS“ und „LEVERAGE“ verwendet. Die Clusteranalyse erfolgte mit der Prozedur CLUSTER (METHOD=AVERAGE). Die Varianzkomponentenschätzung erfolgte mit der Prozedur VARCOMP (METHOD=REML).

3.2.2. Krautfäulebefall und Reifekorrektur

Die Schätzung des von KF befallenen oder bereits verlorenen Blattapparats erfolgte in zwei bis sechs Bonituren zwischen den Kalendertagen 185 und 228. In Abstufungen von 1/3 Noten wurden Befallswerte zwischen eins und neun vergeben, welche den Befallsverlauf sigmoid wiedergeben. Diese wurden wie durch TRUBERG *et al.* (2009) beschrieben zu rAUDPC-Werten zusammengefasst, wobei sich für jeden Genotyp der letzte Boniturtermin aus dem Erreichen der Note neun ergab. Ebenso wurde reifekorrigierte KF-Resistenz als Δ rAUDPC-Wert berechnet. Dazu wurden ab 2013 am Standort FS in einem Versuch unter Fungizidschutz Reifebonituren durchgeführt. Es wurden die Anzahl der Tage seit dem Auflaufen der Parzellen bis zum Erscheinen von Blatt- und Stängelvergilbungen gezählt.

3.2.3. Agronomische Bewertung

Über alle Versuche und Parzellen hinweg wurden folgende agronomischen Eigenschaften erfasst:

- Anzahl der Lücken und Virus-befallener Pflanzen
- Auflauftag nach Pflanzen
- Pflanzenentwicklung vor der Blüte
- Pflanzenentwicklung zur Blüte

- Erntemasse der Fraktionen <35mm; 35-55mm; >55mm
- Knollenzahl
- Spezifische Dichte (Stärkegehalt)
- Knollengröße, Knollenform, Fleischfarbe, Augentiefe, Schalenbeschaffenheit, Keimfreude, Mängel
- Speisewert

3.3. Laboruntersuchungen und genetische Analysen

Marker- und Laboranalysen wurden an der LfL durchgeführt, um Aussagen über die Resistenzausstattung der Prüfglieder und Zuchtklone zu erhalten. Ergänzend wurde auf Nematoden-Resistenzen (*G. rostochiensis*; *G. pallida*) und Krebs-Resistenzen (*Synchytrium endobioticum*) an Nachkommen resistenter Eltern geprüft. Kontrollen zur Virusbelastung der Knollen wurden aus phytosanitären Gründen durchgeführt, damit möglichst virusfreies Pflanzgut zum Anbau kam.

3.3.1. Virustest

Jede Knolle aus der Vermehrung oder Züchtung stammende Pflanzknolle wurde durch ein Enzyme-linked Immunosorbent Assay (ELISA) am Presssaft eines Dunkelkeims auf den Befall der Kartoffelviren R, Y, M und S untersucht. Der Ablauf folgte einer internen Arbeitsanweisung, Chemikalien wurden von der Firma Bioreba bezogen. Virus-positive Knollen wurden aussortiert.

3.3.2. Nematodentest

Im Projekt selektierte Zuchtstämme wurden im Biotest auf ihre Resistenz gegenüber Kartoffelzystennematoden getestet. Dies war insbesondere für solche Klone notwendig, bei welchen nicht der Marker Gro1 vorhanden war. Für die Pathotypen Ro1, 2, 4, 3 & 5 sowie Pa2 und Pa3 wurden jeweils fünf Drillingsknollen in Töpfe mit infizierter Erde gepflanzt und der Besatz mit Zysten am Wurzelwerk festgestellt. Der Test erfolgte jeweils ab März am Institut für Pflanzenschutz (IPS) der LfL.

3.3.3. Krebstest

Dem im Resistenzprogramm vorgesehenen Zuchtziel Resistenz gegen Kartoffelkrebs wurde durch die Erzeugung und Prüfung von Nachkommen krebsresistenter Kreuzungseltern nachgekommen. Im Wesentlichen waren dies die gegenüber mehreren Pathotypen resistenten Sorten Megusta und Andante. Die Resistenz der Nachkommen gegenüber den Pathotypen 1, 2, 6, und 18 wurde von IPS untersucht. Jeweils zehn Augenstecklinge je Zuchtstamm und Pathotyp wurden nach der Glynne-Lemmerzähl-Methode infiziert und in Noten zwischen eins (resistent) und fünf (anfällig) bonitiert.

3.3.4. Marker-gestützte Selektion

Zur Vorauswahl des Zuchtmaterials wurden molekulare Analysen durchgeführt, die die klassischen Züchtungsarbeiten unterstützten. Laboruntersuchungen gaben später Aufschluss über die tatsächlichen Resistenzausprägungen der Kreuzungsnachkommen (siehe 3.3.2. und 3.3.3.). Jährlich wurden circa 1000 Sämlinge mit Resistenz-Marker für Immunität gegen Y-Virus (YES3-3A, SONG & SCHWARZFISCHER, 2008) und/oder gegen Nematoden *Globodera rostochiensis* (GEBHARDT *et al.* 2006) und *G. pallida* (SATTARZADEH *et al.* 2008) untersucht. DNA-Extraktionen und Markeramplifikation erfolgten im Standardprotokoll mit dem Phire Plant Direct PCR Kit (ThermoFisher Scientific).

Marker-negative Pflanzen wurden beim Pikieren ausselektiert, um den Anteil mehrfachresistenter Klone in den Nachkommenschaften zu erhöhen. Mit dem etablierten Analyseverfahren wurden auch Markeranalysen an Prüfgliedern, Zuchtklonen und an Genbankakzessionen der GLKS durchgeführt.

3.3.5. PCR an Phytophthoraresistenzgenen (R-Gene)

DNA für weiterführende molekulare Analysen wurden unter Verwendung des CTAB Protokoll von DOYLE & DOYLE (1988) gewonnen.

PCR-Reaktionen zur Untersuchung von R-Genen im Zuchtmaterial erfolgten nach Standardprotokollen. Primersequenzen wurden aus den jeweiligen in

Tabelle 2 aufgeführten Veröffentlichungen entnommen. Produkte wurden mittels Agarosegelelektrophorese aufgetrennt und mit Ethidiumbromidfärbung im UV-Illuminator sichtbar gemacht.

Tabelle 2: Übersicht über Referenzen zu projektrelevanten Phytophthora-Resistenzgenen und deren Markerregionen

Gen	Marker	Herkunft	Chromosom	Referenz
<i>Rpi-blb3</i>	Blb3	<i>S. bulbocastanum</i>	4	ZHU 2013 Phd
<i>Rpi-abpt</i>	Abpt1	verschiedene Wildarten	4	KIM <i>et al.</i> 2012
<i>R1</i>	R1	<i>S. demissum</i>	5	BALLVORA <i>et al.</i> 2002
<i>Rpi-blb1</i>	Blb1	<i>S. bulbocastanum</i>	8	FADINA <i>et al.</i> 2013 PANKIN <i>et al.</i> 2011 COLTON <i>et al.</i> 2006
<i>Rpi-sto1</i>	Sto1	<i>S. stoloniferum</i>	8	ZHU <i>et al.</i> 2012
<i>R3b</i>	R3b	<i>S. demissum</i>	11	RIETMAN 2011

3.3.6. SSR-Analysen

Um Verwechslungen und Vermischungen zu vermeiden, einzelne Knollen sicher zu identifizieren und Eltern von Kreuzungsnachkommen zu überprüfen, wurde speziell für den Projektverlauf ein auf 6 SSR-Markern beruhender genetischer Fingerprint (SSR-Print) etabliert. Alle Primer waren mit dem Farbstoff Cy3 versehen, um eine Detektion mit dem Typhoon FLA 9500 (GE Healthcare, Finland) bei einer Wellenlänge 532 nm zu ermöglichen. Für den SSR-Print wurden je Probe zwei Multiplex-PCR-Reaktionen vorbereitet. Ansatz 1 enthielt Primer für die Repeats STI0001, STM1052 und STM5114, Ansatz 2 wurde für die Regionen STI5148, STM5127 und STI0060 durchgeführt (GHISLAIN *et al.* 2009, REID & KERR, 2007, MILBOURNE, *et al.* 1998). Die Allele wurden mittels Polyacrylamidgelelektrophorese im Standardverfahren aufgetrennt und visuell ausgewertet.

3.3.7. Identifizierung der Phytophthora-Pathotypen auf den Versuchsflächen

Um die Informationen, die durch das Differenzialset gewonnen wurden zu ergänzen, wurden auf den Versuchsflächen jährlich mehrere DNA-Proben des Erregers genommen. Die Proben wurden in Auftrag gegeben und am James Hutton Institut im Rahmen des europaweiten *P.i.*-Monitoring des Euroblight Networks (<http://euroblight.net/>) mittels SSR-Analysen (LI *et al.* 2013) analysiert. Die Probennahme erfolgte unter Anwendung von FTA-Cards (Whatman) nach dem vom Network zur Verfügung gestellten Protokoll (http://euroblight.net/fileadmin/euroblight/Monitoring_2013_project/EuroBlight_sampling.pdf).

4 Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse an der LfL

4.1. Untersuchung von züchterischem Ausgangsmaterial (Diversity Panel)

Im pflanzenbaulichen Versuch wurde das Leistungsniveau einer repräsentativen Auswahl der in Deutschland verfügbaren Sorten und genetischen Ressourcen in der landwirtschaftlichen Praxis der Ökobetriebe und auf einer konventionellen Fläche geprüft. Im Focus standen KF-Resistenz und agronomische Eigenschaften wie Jugendentwicklung, Reife, Ertrag und Stärkegehalt.

Über eine Versuchsserie an drei Standorten über vier Jahre zeigten sich Unterschiede in der KF-Anfälligkeit der geprüften Klone. Darüber hinaus korrelierte die KF-Anfälligkeit innerhalb der geprüften Klone mit deren Reifezeit. Es zeigten sich weitere Zusammenhänge zwischen geprüften Parametern. Diese werden in den folgenden Abschnitten beschrieben.

4.1.1. Jugendentwicklung

Die Jugendentwicklung von Kartoffelpflanzen wurde an den süddeutschen Standorten ab der Saison 2013 mit Noten von eins (= sehr gut) bis neun(= sehr schwach) bonitiert. Sie korrelierte eng mit deren Auflaufgeschwindigkeit, welche wiederum vom Umgang mit dem Pflanzgut abhing. Von der Anlieferung bis zur Vorbereitung und Aufteilung über die Versuche wurde es kühl und dann bis zur Pflanzung zum Vorkeimen bei Gewächshaustemperatur zwischengelagert. Durch unterschiedliche Legetermine der Versuche kam es zu Unterschieden in der Vorkeimdauer. Dies hatte Auswirkung auf die in Tabelle 3 aufgeführte Qualität der erhobenen Daten zur Jugendentwicklung. Die Wiederholbarkeiten innerhalb der Einzelversuche reichte von 47,2 bis 81,6 %, der Variationskoeffizient von 22,4 bis 15,4 %. Die relative Grenzdifferenz ($\alpha = 5\%$) reichte von 44,0 bis 30,7 %, in der Serie lag dieser Wert bei 1,2 Notenstufen. Innerhalb der einzelnen Versuche kam es auch zu blockweisen Unterschieden in der Jugendentwicklung, die vermutlich durch Bodenheterogenität verursacht wurden. Diese konnten durch Gittereffizienzen bis zu 128 % ausgeglichen werden.

Tabelle 3: Qualität der erhobenen Daten bezüglich des Merkmals Jugendentwicklung in den Einzelversuchen ohne Uelzen und ohne das Jahr 2012. Nach dem Ampelsystem sind die Werte mit abnehmender Qualität mit den Farben von Grün zu Rot hinterlegt.

Jugendentwicklung		Parameter			
Beschreibung	Versuch	Wiederholbarkeit	% C.V.	rel. GD ($\alpha=5\%$)	Gittereffizienz
Heterogenität	FS13	74,0	22,4	44	102,9
	FS14	81,6	15,4	31,4	117,3
Heterogenität	FS15	62,4	17,8	35,3	128,4
Staunässe	LL13	74,9	16,3	32,3	109,3
	LL14	73,0	15,6	30,7	100,0
	LL15	59,6	16,2	32	115,2
Trockenheit	ND13	47,2	17,4	34,6	104,8
Trockenheit	ND14	68,8	16	31,7	104,3
Staunässe	ND15	51,4	17,5	34,4	107,7

Die Bewertung der Jugendentwicklung wird in späteren Kapiteln in Zusammenhang zu weiteren Merkmalen gesetzt.

4.1.2. Befall mit Krautfäule

Die Beurteilung der KF-Anfälligkeit der Prüfglieder wurde unter natürlichen Infektionsbedingungen durchgeführt. In einigen Jahren konnten hierfür ideale Voraussetzungen gefunden werden, da die KF-Infektion witterungsbedingt früh in der Pflanzenentwicklung ausbrach. Die Infektionsbedingungen auf den Versuchsflächen sind in Tabelle 4 aufgeführt.

Tabelle 4: Beschreibung der Witterungsverhältnisse während der Vegetationsperiode und dem damit zusammenhängenden Ausbrechen einer KF-Epidemie in den Einzelversuchen.

Jahr / Ort	Infektionsbedingungen		
	LL	ND	UE
2012	starke Krautfäule	starke Krautfäule	starke Krautfäule
2013	feucht, späte Krautfäule	trocken, keine Krautfäule	starke Krautfäule
2014	feucht, Krautfäule	trocken, kaum Krautfäule	trocken, kaum Krautfäule
2015	trocken, leichte Krautfäule	späte Krautfäule	späte Krautfäule

Der Standort ND erwies sich als unsicherer Standort für KF-Befall. Ausgeprägte Frühjahrs- und Sommer-Trockenheit beeinträchtigte sowohl die Bestandentwicklung als auch die

Infektionsentwicklungen, weshalb die Bewertung der Pflanzen an diesem Standort in den Jahren 2013 und 2014 ausfiel.

Am Standort LL trat im Jahr 2013 eine späte und kaum bonitierbare Infektion auf. Die Versuche LL13, ND14 und ND13, in dem nicht *P.i.* sondern *Colletotrichum ssp.* zum Absterben der Pflanzen führte, flossen nicht in die Serienauswertung zum KF-Befall ein.

Die Witterung beeinflusste sowohl die Pflanzenentwicklung als auch den Krankheitsverlauf und damit die Bonituren. Die Wiederholbarkeit der Infektion innerhalb von Einzelversuchen lag bei Ø 84 %, der relative Variationskoeffizient (% C.V.) bei Ø 12 % und die relative Grenzdifferenz (rel. GD; $\alpha = 5\%$) bei 23,8 %. Wiedereinsetzender Regen nach Trockenheit regt zu erneutem Blattwachstum an, was die Grundlage der Schätzung verzerren konnte. Im umgekehrten Fall können zunächst starke Zunahmen von KF-Befall durch eine heiß/trockene Witterung unterbrochen werden. Bei spätem Einsetzen der KF reiften frühe Prüfglieder bereits ab. Hierdurch konnte nicht mehr der gesamte Blattapparat bewertet werden, die maximale Befallsnote reduziert sich. Diese Unterschiede wirken sich negativ auf die Vergleichbarkeit der Einzelversuche aus.

Tabelle 5: Qualität der erhobenen Daten bezüglich des Merkmals Blattnekrotisierung mit Krautfäule (KF) in den Einzelversuchen. In den Versuchen in Schrobenhausen (ND) in 2013 und 2014 wurde Welke zum Teil durch *Colletotrichum* bonitiert. In Landsberg (LL) trat in 2013 keine und in Uelzen (UE) 2014 kaum KF auf. Nach dem Ampelsystem sind die Werte mit abnehmender Qualität mit den Farben von Grün zu Rot hinterlegt.

Blattnekrotisierung [rAUDPC]		Parameter			
Beschreibung	Versuch	% Wiederholbarkeit	% C.V.	rel. GD ($\alpha = 5\%$)	Gittereffizienz
KF	LL12	87,4	12,0	23,8	117,8
(KF)	LL13	59,8	30,3	60,0	102,6
KF	LL14	77,0	15,5	30,7	105,6
(KF)	LL15	80,8	17,6	35,7	100,0
KF	ND12	95,0	7,3	14,5	104,2
<i>Colletotrichum ssp.</i>	ND13	86,0	12,5	24,6	100,0
Trockenheit	ND14	68,9	28,3	55,9	100,0
KF	ND15	83,2	15,6	30,8	103,7
KF	UE12	83,0	9,1	17,9	114,6
KF	UE13	90,1	7,9	15,7	100,9
(KF)	UE14	74,0	10,8	21,3	112,4
KF	UE15	83,4	12,4	23,6	104,3

Tabelle 5 zeigt, wie gut das Merkmal Blattnekrotisierung in den Einzelversuchen zu bonitieren war. In optimalen Versuchen erreichte die Wiederholbarkeit des KF-Befalls 77 bis

95 %, der Variationskoeffizient sank bis auf 7,3 % und die relative Grenzdifferenz auf 14,5 %. Hohe % C.V.-Werte geben eine hohe Variabilität der Bonitur für einzelne Prüfglieder wieder, hohe Werte der rel. GD bedeuten eine geringe Auflösung der Unterschiede, d.h. kleine Differenzen werden in der Auswertung nicht sichtbar.

Innerhalb der auswertbaren Einzelversuche waren Blockeffekte vorhanden, die mit der Gittereffizienz korrelierten. Je höher der Wert der Gittereffizienz desto höher der Blockeffekt. Über die Versuchsanlage als α -Gitter konnten die Ausprägungsverzerrungen bis 117,8 % rechnerisch korrigiert werden. Der Grund für Blockeffekte ist möglicherweise das nesterweise Auftreten von KF. Anfällige oder latent befallene Prüfglieder zeigen früheren Befall und können bei Nachbarparzellen mit geringer anfälligeren Prüfgliedern durch Ansteckung dennoch zu einem erhöhten Befallswert führen. Der Einfluss der Blockeffekte, der mit der Gittereffizienz dargestellt werden kann, ist an allen Standorten im Jahr 2012 höher als in den nachfolgenden Jahren. Es ist anzunehmen, dass sich durch die Hinzunahme von anfälligen Stirnrandpflanzen der Infektionsdruck im Versuch gleichmäßiger verteilte und sich damit die Blockeffekte reduzierten. Die Qualität der erhobenen KF-Daten war in Anbetracht dessen zufriedenstellend. TRUBERG *et al.* (2010) zeigten den geringen zusätzlichen Nutzen von mehr als zwei Wiederholungen. Mehr als drei, allerdings optimal gewählten KF-Bonituren innerhalb eines Versuchs lösen Unterschiede zwischen Prüfgliedern ausreichend auf. Die Autoren unterstrichen jedoch die Bedeutung, eine mehrjährige Versuchsreihe durchzuführen, da wie hier die Witterungsabhängigkeit des Krankheitsverlaufs zu einigen Ausfällen führen kann. Dies bestätigte sich auch in diesem Projekt.

Tabelle 6 zeigt die Anzahl der zwischen den Versuchen übereinstimmenden Prüfglieder sowie Korrelation des KF-Befalls zwischen allen Versuchen. Sie schwankte innerhalb der rot markierten und deutlich durch KF-Epidemien beeinflussten Versuchen zwischen $0,48 \leq r^2 \leq 0,86$. Niedrige Korrelationen gegenüber diesen Versuchen ergaben sich für LL13, ND14 und UE14, welche bereits durch geringere Wiederholbarkeiten (59,8; 68,9 und 74,0 %, siehe Tabelle 5) auffielen. Zusammen mit ND13 wurden vier von zwölf Versuchen nicht für die Serienerrechnung verwendet.

Die Varianzanalyse der Versuchsserie aus den acht Einzelversuchen ND12, LL12, UE12, UE13, LL14, LL15, ND15 und UE15 ergab für das Merkmal rAUDPC Signifikanz für die festen Effekte Genotyp (Freiheitsgrade: 162; F-Statistik: 64,43; $Pr > F$: <0,001) und Interaktion aus Umwelt x Genotyp (Freiheitsgrade: 897; F-Statistik: 7,10; $Pr > F$: <0,001).

2013 wurde die Auswahl der Prüfglieder überarbeitet. Aufgrund geringer Pflanzgutverfügbarkeit bei Zuchtklonen und Sorten mussten einige Prüfglieder ersetzt werden. Darüber hinaus fügten wir ausgewählte Klone hinzu, um das genetische Spektrum

zu erweitern. Für 162 Prüfglieder wurden adjustierte Mittelwerte für den KF-Befall berechnet. Diese werden nachfolgend in Bezug zur Reifezeit gesetzt.

Tabelle 6: Korrelation der Nekrotisierung des Blattapparats und Anzahl der übereinstimmenden Prüfglieder zwischen den Einzelversuchen (N) an den Standorten Landsberg (LL), Schrobenhausen (ND) und Uelzen (UE) zwischen den Jahren 2012 und 2015. Die Signifikanz der Korrelation beträgt: $\alpha = 0,05^+$; $0,01^*$; $0,001^{**}$. Nach dem Ampelsystem sind die Werte mit abnehmender Qualität mit den Farben von Grün zu Rot hinterlegt.

N	r ²	2012		2013			2014			2015		
		ND	UE	LL	ND	UE	LL	ND	UE	LL	ND	UE
2012	LL	0.86**	0.62**	0.37**	0.21**	0.72**	0.72**	0.03	0.35**	0.67**	0.67**	0.64**
	ND	117	0.69**	0.41**	0.23**	0.76**	0.77**	0.08*	0.41**	0.69**	0.74**	0.72**
	UE	117	117	0.46**	0.38**	0.59**	0.53**	0.19**	0.41**	0.48**	0.62**	0.55**
2013	LL	107	107	107	0.38**	0.37**	0.27**	0.38**	0.24**	0.38**	0.48**	0.27**
	ND	107	107	107	149	0.31**	0.19**	0.46**	0.12**	0.27**	0.45**	0.24**
	UE	107	107	107	149	149	0.67**	0.12**	0.56**	0.64**	0.71**	0.71**
2014	LL	108	108	108	145	145	145	0.10**	0.41**	0.61**	0.59**	0.67**
	ND	108	108	108	145	145	145	163	0.07*	0.17**	0.24**	0.10
	UE	108	108	108	145	145	145	163	163	0.36**	0.38**	0.48**
2015	LL	104	104	104	141	141	141	158	158	158	0.76**	0.58**
	ND	106	106	106	143	143	143	160	160	160	162	0.67**

4.1.3. Krautfäule und Reifezeit

Die natürliche Abreife konnte bonitiert werden, wo keine KF und andere Blattkrankheiten auftraten. Hierfür wurden die Klone in Freising ab 2013 unter konventionellen Bedingungen und regelmäßigen Pflanzenschutzmaßnahmen angebaut. Die Wiederholbarkeit der Reifezeit lag mit durchschnittlich 74 % unter der der KF-Anfälligkeit (siehe Tabelle 7). Nach ø 100 Tagen zeigten die Prüfglieder Reifeerscheinungen, die Spannweite lag zwischen 70 und 130 Tagen. Die Prebreeding Stämme des JKI benötigten ø 104 Tage, sechs Prüfglieder waren mit Reifezeiten > 120 Tage der späten Reifegruppe zuzuordnen. In der Vegetationsperiode 2015 verkürzte sich die Vegetationsdauer durch Trockenheit um 37 Tage gegenüber dem Mittel der ersten beiden Jahre.

Tabelle 7: Qualität der erhobenen Daten bezüglich des Merkmals Reifedauer in Tagen zwischen Auflaufen und Reifewelken in den Einzelversuchen in Freising.

Reifedauer		Parameter				
Beschreibung	Versuch	Wiederholbarkeit	% C.V.	% Gittereffizienz	rel. LSD 5%	Mittelwert
Heterogenität	FS13	69,2	8,7	117,0	17,2	107,4
ohne Stirnrand	FS14	77,4	4,7	110,4	9,3	118,2
Heterogenität	FS15	74,6	7,5	111,6	14,9	74,2

Die Varianzanalyse der drei Einzelversuchen ergab für das Merkmal Reifedauer Signifikanz für die festen Effekte Genotyp (Freiheitsgrade: 153; F-Statistik: 12,5; $Pr > F$: <0,001) und Interaktion aus Umwelt x Genotyp (Freiheitsgrade: 282; F-Statistik: 22,2; $Pr > F$: <0,001).

Die Daten zur Reife wurden mit denen zum KF-Befall in einer Regressionsanalyse verrechnet. Die Werte-Verteilung der in die drei Segmente (1) JKI-Zuchtstämme, (2) Sorten & Stämme und (3) resistente Sorten aufgeteilten Prüfglieder ist in Abbildung 11 dargestellt. Die Mittelwerte der drei Gruppen im KF-Befall lagen bei 0,26 (1), 0,51 (2) und 0,23 (3), somit bestand ein erheblicher Unterschied im Resistenzgrad. Über alle Prüfglieder hinweg war ein hochsignifikanter Zusammenhang zwischen einer höheren KF-Anfälligkeit und einer früheren Abreife vorhanden. Eine um eine Reifegruppe bzw. 20 Tage spätere Abreife führte zu einem um zehn Prozentpunkte geringeren KF-Befall. Alle JKI-Zuchtstämme und die resistenten Sorten befinden sich unterhalb der Regressionsgerade, während der Großteil der Sorten und Stämme oberhalb liegen.

Da es unter ökologischen Bedingungen zu einer Vermischung der Phänomene natürliche Abreife und Krankheitsbefall kommt, können diese nicht getrennt voneinander betrachtet werden. Dies macht es schwierig die Parameter und deren Effekte auf die weiteren Variablen statistisch getrennt voneinander zu betrachten. Daher eignet sich die reifeunabhängige KF-Resistenz (englisch: Maturity Corrected Resistance (MCR)) in Form der Residuen der Regression beider Parameter zur weiteren Analyse der Anbaueignung für den ökologischen Anbau. In Abbildung 11 ist ein Residuum zur Regressionsgerade als $\Delta rAUDPC$ -Wert entsprechend dem Abstand zwischen dem KF-Befall und der Trendlinie eingezeichnet.

Durch seine frühe bis mittelspäte Abreife schneidet das JKI-Material (schwarz eingezeichnet) nicht nur im absoluten KF-Befall, sondern auch in seiner MCR besonders gut ab und ist den meisten am Markt befindlichen Sorten deutlich überlegen.

Im Sortensegment bestehen in der MCR signifikante Unterschiede. Der KF-Befall im sehr frühen und frühen Bereich resistantesten Sorten liegt auf dem Niveau der anfälligsten Sorten im mittelspäten Bereich. Die Sorten Caprice, Bettina, BNA9 und BNA10 schneiden

besonders bezüglich ihrer KF-Resistenz überdurchschnittlich ab. Die ebenfalls am Markt erhältlichen Sorten Sarpomira, Axona und Saka6 gaben zwar die beworbene absolute KF-Resistenz wieder, ließen sich wegen ihrer sehr späten Abreife und teilweise geringer Qualität aber nur eingeschränkt für den Ökologischen Anbau empfehlen. Die sehr frühe Sorte Biogold und die frühen Sorten Bionica, Vitabella und Toluca aus dem Bioimpuls-Projekt beeindruckten zwar durch ihr hohes KF-Resistenzniveau, zeigten aber Schwächen in einem der Parameter Virusanfälligkeit, Knollenqualität und Resistenz gegenüber *Colletotrichum ssp.*.

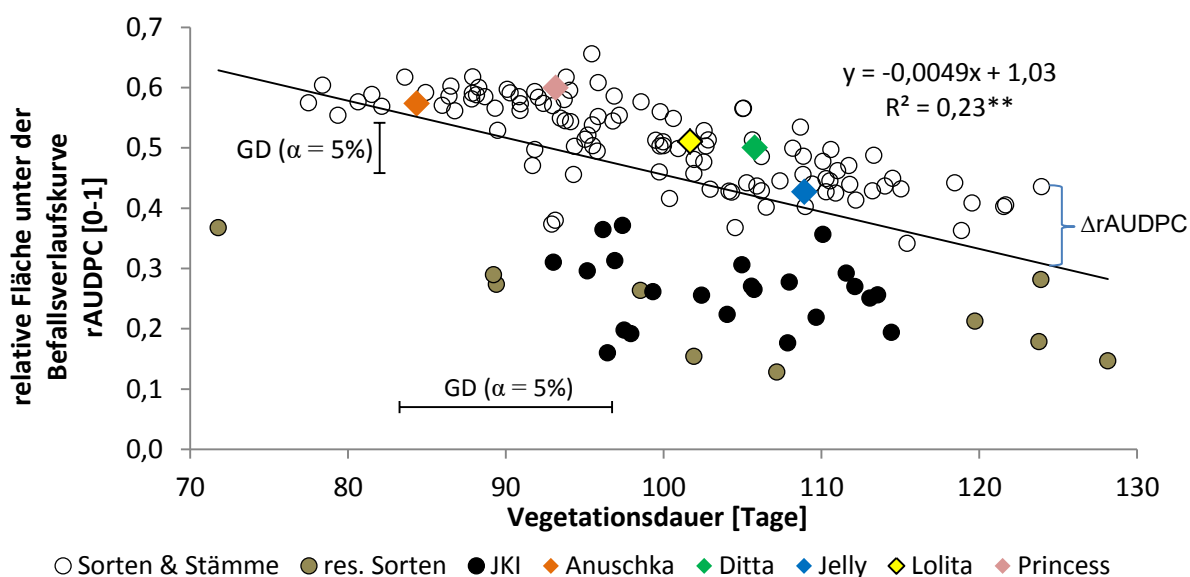


Abbildung 11: Regression der Kraut- und Wurzelfäule-Befallswerte auf die mittlere Reifezeit. Adj. mittleren KF-Befallshöhen aus neun Versuchen in vier Jahren gegenüber der in drei Jahren ermittelten adj. mittleren Reifezeit. Die Parameter sind hochsignifikant korreliert ($\alpha < 0,001$). Ein reifeunabhängiger Parameter zur Bewertung der Kraut- und Wurzelfäule-Resistenz ist das Residuum zur Regressionsgerade $\Delta rAUDPC$.

4.1.4. Ertrag

In der Versuchsserie zwischen 2012 und 2015 wurde der Ertrag über die Erntemaschine je Prüfglied und Parzelle festgestellt. Der Mittelwert der fünf Standardsorten Anuschka, Princess, Ditta, Lolita und Jelly wurde als Index auf 100% gesetzt. Relative Erträge der restlichen Prüfglieder werden relativ zu diesem angegeben.

Die erzielte Genauigkeit der Ertragsermittlung ist Tabelle 8 aufgeführt. Die Wiederholbarkeit der Knollenmasse innerhalb von Einzelversuchen lag bei $\bar{\sigma}$ 73 %, der relative Variationskoeffizient (% C.V.) bei $\bar{\sigma}$ 16 % und die relative Grenzdifferenz (rel. LSD $\alpha = 5\%$) bei $\bar{\sigma}$ 31 %. Die Gittereffizienz des α -Gitters erreichte aufgrund einer Bodenheterogenität in FS15 184 %.

Die Erträge innerhalb der Versuche ND12, UE12 und FS13 wurden mit den niedrigsten Wiederholbarkeiten (45 - 57 %) ermittelt. Wie bei der Bewertung der KF verzerrte die Versuchsanlage ohne Stirnrandpflanzen in 2012 die Knollenentwicklung und den Ertragszuwachs der Prüfglieder. Einzelpflanzen am Parzellenrand stehen mehr Ressourcen zur Verfügung und bilden daher größere oder mehr Einzelknollen. In den Versuchen ab 2013 konnte die Wiederholbarkeit auf den Ökoflächen durch den Anbau von Stirnrandpflanzen auf 69 bis 90 % erhöht werden. In FS14 liegen die Erträge aufgrund fehlender Stirnrandpflanzen deutlich über dem ortsüblichen Niveau. In den Versuchen in FS14 und FS15 und in LL15 konnte über die Verrechnung als α -Gitter die Versuchsgenauigkeit deutlich gesteigert werden. Die relative Grenzdifferenz ($\alpha = 5\%$) reichte in den verwerteten Versuchen von 39 bis 21 %. Die Aussagekraft litt, wenn die Witterung den Einfluss von Bodenheterogenitäten verstärkte. Daher zeigen die Ertragsbeschreibungen beispielsweise im Vergleich zu Wertprüfungen oder Landessortenversuchen eine geringere Präzision. Dies ist der geringen Parzellengröße von zehn Pflanzen und der nur zwei Wiederholungen je Versuch geschuldet. Um Ausfälle oder Variation in der Leistung von Einzelpflanzen auszugleichen, sind für genaue Ertragsprüfungen vierfach wiederholte Parzellen in einer Größe von 40 Pflanzen üblich. Dennoch konnte über die Versuchsserie, bei der mehrere Umwelten und Jahre zusammengefasst wurden, die Präzision gesteigert und damit hinreichend genaue Aussagen getroffen werden.

Tabelle 8: Qualität der erhobenen Daten bezüglich des Merkmals geerntete Knollenmasse in allen Einzelversuchen. Das Ertragsmittel bezieht sich auf die fünf Standardsorten Anuschka, Princess, Lolita, Ditta und Jelly. Nach dem Ampelsystem sind die Werte mit abnehmender Qualität mit den Farben von Grün zu Rot hinterlegt.

Knollenmasse		Parameter				
Beschreibung	Versuch	Ertragsmittel (dt/ha)	Wiederholbarkeit (%)	C.V. (%)	rel. GD ($\alpha=5\%$)	Gittereffizienz (%)
ohne Stirnrand	FS13	367	45,4	29,4	58,3	121,9
	FS14	736	81,4	10,5	20,8	155,9
	FS15	308	72,3	12,3	24,4	184,2
später Anbau (KF)	LL12	197	72,5	20,0	39,4	101,5
	LL13	390	72,0	16,9	33,4	102,6
	KF LL14	480	79,1	14,2	28,1	-
	LL15	223	78,8	13,5	26,9	146,7
KF Trockenheit	ND12	283	56,8	16,2	32,0	-
	ND13	130	76,3	16,0	31,7	-
	ND14	97	68,8	17,4	34,3	-
	KF ND15	217	86,1	12,2	24,2	105,5
KF (KF)	UE12	316	56,5	15,5	30,7	102,2
	UE13	214	76,2	16,2	32,2	103,2
	UE14	279	90,1	21,1	26,3	109,7
	KF UE15	420	83,1	10,6	20,9	112,5

4.1.5. Ertragsvariation und deren Ursachen

Die Variation der Erträge aller Prüfglieder über die Versuche steht im Einfluss von Umwelten und Genotyp, der spezifischen Eigenschaften der Prüfglieder und deren Interaktionen. Hier wurden die Blattnekrotisierung in einer Varianzkomponentenanalyse mittels der SAS-Prozedur VARCOMP mit einbezogen. Zugrunde lagen die zwölf Versuche in LL, ND und UE zwischen den Jahren 2012 und 2015. Innerhalb 3746 vollständigen Datensätzen wurden die Einzel- und Interaktionseffekte aufgeschlüsselt (siehe Abbildung 12).

Die Blattnekrotisierung, welche unter KF-Befall von der KF-Resistenz und wie in ND13 und ND14 von der allgemeinen Blattgesundheit abhing, erklärt dabei 2 % der Ertragsvariation. Dieser niedrige Wert erklärt sich durch die geringe Häufigkeit des Auftretens von ertragsrelevanter KF. Mit 40 und 15 % beeinflussten vor allem das Zwischenspiel zwischen Ort*Jahr und Jahreseffekte das Ertragsniveau auf den Ökoflächen. Die Sortenwahl, mit 12 % als drittstärkster Faktor identifiziert, nimmt einen bedeutenden Faktor zur Sicherung von Erträgen ein. Es unterstreicht die besondere Bedeutung der Sortenwahl im Ökolandbau.

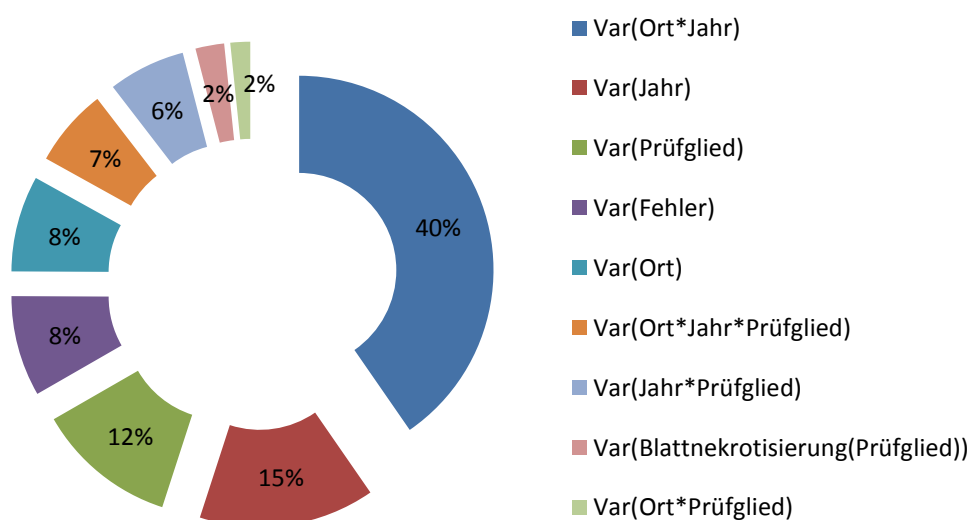


Abbildung 12: Varianzkomponenten des Ökoertrags. Den Restricted Maximum Likelihood (REML)-Schätzwerte der Varianz (Var) des Ökoertrags liegen 12 Versuche in den Jahren 2012 bis 2015 an den Orten LL, ND und UE zugrunde.

4.1.6. Anbaueignung im ökologischen Landbau

Genotypen schnitten im absoluten wie relativen Ertrag innerhalb von Gruppen von Einzelversuchen mit einheitlichen Wachstumsbedingungen unterschiedlich ab. Daraus konnten spezielle Anbaueignungen abgeleitet werden. Die zuvor aufgeführten Parameter wurden in Verbindung gebracht, um definieren zu können, was eine Eignung für den ökologischen Landbau ausmacht und wie diese messbar wird. In einer Clusteranalyse mit den 84 Prüfgliedern, die ohne Ausfall in allen Versuchen im Anbau waren, wurden über die Relativerträge Übereinstimmungen zwischen den Versuchen ermittelt. Das Ergebnis ist als Grafik in Abbildung 13 dargestellt. Nimmt man zur Interpretation der Grafik die Witterungsverhältnisse der jeweiligen Umwelten hinzu, ergeben sich folgende Erläuterungen:

- Gruppe A enthält Versuche, welche vor allem durch Trockenheit in 2013 geprägt waren.
- Gruppe B besteht Versuchen mit später KF (2015) und ohne KF (2014).
- Gruppe C fasst die Umwelten zusammen, deren absolute wie auch relative Erträge durch das späte Einsetzen der KF so hoch waren wie im selben Jahr am konventionellen Standort: LL14 mit FS14 und UE15 mit FS15.
- Gruppe D enthält vier Versuche, in denen die KF deutlich früher in der Vegetation auftrat und dadurch den deutlichsten Ertragseffekt erwarten ließ. Des Weiteren deutet das dreimalige Auftreten von Versuchen in UE auf einen Ortseffekt hin, das heißt der Standort selbst hat Einfluss auf die Ertragswerte.
- In Gruppe E sind zwei Landsberger Versuche (2012 und 2013) enthalten. Unterschiede zur Gruppe D sind vor allem durch den Faktor Standort geprägt. Der anmoorige Boden bot stets eine sichere Wasserversorgung, aber auch einem höheren Unkrautdruck.

Zudem lag der Legetermin 2012 sehr spät und die KF-Werte 2013 korrelieren durch die späte KF-Epidemie deutlich geringer mit den restlichen Versuchen.

Aufgrund der Divergenz wurde die Gruppe A aus weiteren Analysen ausgeschlossen.

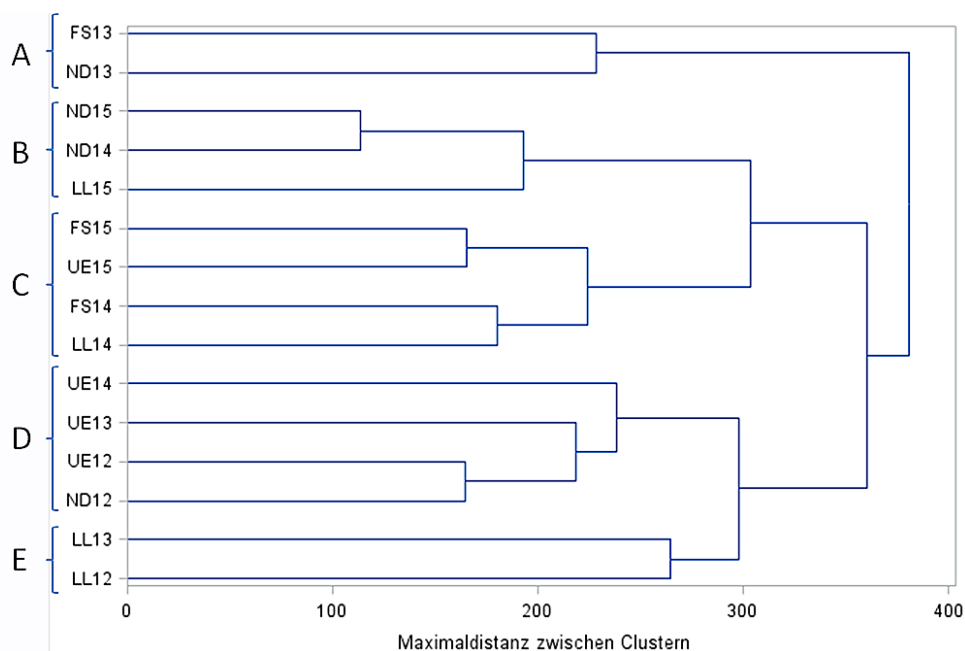


Abbildung 13: Cluster-Dendrogramm des relativen Ertrags. Algorithmus: complete. Über 15 Einzelversuche an den Ökostandorten Landsberg (LL); Schrobenshausen (ND), Uelzen (UE) und dem konventionellen Standort Freising (FS) zwischen den Jahren 2012 und 2015 wurden 84 Prüfgliedern durchgängig bewertet.

Zusammengefasst wurden Ergebnisse von Versuchen bei denen die beobachteten Witterungs- und damit Krankheitseinflüsse zu ähnlichen Prüfgliedverhalten geführt haben. Dies sind:

1. **KF** trat ertragswirksam auf (Gruppe D mit E)
2. konventionelle und ökologische Versuche ohne Wasser-, Trocken-, oder Krankheitsstress (Gruppen B mit C) (ohne **KF**)

Die Analyse macht deutlich, dass Kartoffeln beim Anbau unter ökologischen Bedingungen nicht per se einem erhöhten Stress ausgesetzt sind. Sie verschärfen sich nur in einem Teil der Öko-Umwelten und für diese Fälle sind besonders angepasste Sorten von Vorteil. In Abbildung 14 sind die relativen Erträge von 146 Prüfgliedern unter diesen zwei Umweltbedingungen gegenübergestellt. So zeigen Prüfglieder ohne KF-Befall im Mittel einen ähnlich hohen Relativertrag wie unter KF-Befall. Die Regressionsanalyse zeigt, dass ein hochsignifikanter Zusammenhang zwischen den Wertepaaren besteht. Dieser Zusammenhang lässt sich ebenso über eine Rangkorrelation feststellen. Der Korrelationskoeffizient der Spearman-Korrelation war mit $r^2 = 0,34$ ebenfalls hochsignifikant. Unter den fünf Standardsorten ist Anuschka diejenige, die vom Anbau unter ökologischen Bedingungen im relativen Ertrag am wenigsten leidet. Aus allen Herkünften verteilen sich die Prüfglieder gleichmäßig über- und unterhalb der Regressionsgerade. Je größer der Abstand

nach oben zu dieser Geraden ist, desto mehr profitieren die Prüfglieder vom Wechsel der Umweltbedingungen hin zu ökologischer Bewirtschaftung und zeigen einen höheren Relativertrag. Je weiter die Prüfglieder unterhalb der Geraden liegen, desto mehr fällt ihr Relativertrag ab und desto weniger geeignet sind sie für den ökologischen Anbau. Die generelle Anbaueignung eines Klon zeigt sich jedoch nicht allein im relativen Ertrag. In der Studie werden Klone verschiedener Verwertungsrichtungen und Reifezeiten verglichen. Ein sinnvoller Vergleich ergibt sich allerdings nur bei alleiniger Betrachtung von Klonen innerhalb solcher Gruppen. Beim Wechsel von Anbausystemen und damit verschiedenen Wuchsbedingungen zeigt eine für den ökologischen Anbau geeignete Sorte keinen relativen Leistungsabfall. Als Ertragskompensation bedeutet ein positiver Δ Relativertrag eine Eignung, ein negativer Δ Relativertrag ein Abraten für den Ökologischen Anbau.

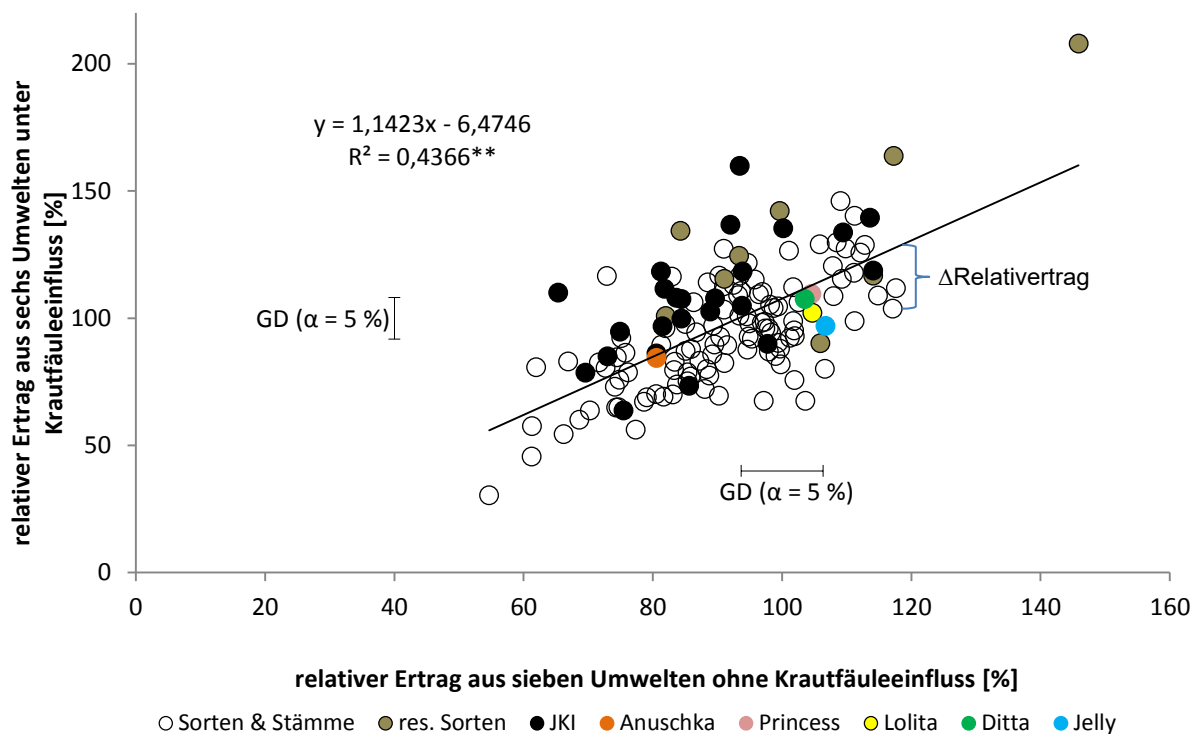


Abbildung 14: Korrelation der adj. mittleren Relativerträge zwischen den Umwelten mit und ohne Einfluss von Krautfäulebefall. Die adjustierten Mittelwerte für die Erntemassen ohne KF-Einfluss wurden aus den Versuchen LL14, ND14, FS14, LL15, ND15, UE15, und FS15, die Mittelwerte für Erntemassen unter KF-Einfluss in den Versuchen ND12, UE12, UE13, UE14, LL12 und LL13 generiert. Der statistische Zusammenhang beider Größen war hochsignifikant ($\alpha \leq 0,001^{**}$).

4.1.7. Wuchsparameter und Anbaueignung im ökologischen Landbau

Im Folgenden wurde durch eine Regressionsanalyse der Einfluss der Parameter KF-Befall, Reife, MCR, Jugendentwicklung und Knollenzahl auf die Ertragskompensation untersucht. Unter der schrittweisen Hinzunahme von Faktoren in der SAS-Prozedur REG zeigten lediglich die Faktoren MCR und Jugendentwicklung Signifikanz. Auch die Prozedur ROBUSTREG resultierte in diesen beiden Faktoren und durch das Modell erklärten sich 37,1 % der Abweichungsquadrate. In Tabelle 9 ist das Ergebnis der Varianzanalyse dargestellt, welche die Grundlage zu Berechnung der Ertragskompensation lieferte:

$$\Delta_{rel}Ertrag = 27,12 - MCR * 98,06 - J * 6,48$$

$$MCR = \text{reifekorrigierter KF-Befall } [\Delta rAUDPC]$$

$$J = \text{Jugendentwicklung } [1 (= \text{sehr gut}) \text{ bis } 9 (= \text{sehr schwach})]$$

Die nicht signifikanten Faktoren KF-Befall und spätere Reife wirkten tendenziell negativ, eine höhere Knollenzahl hingegen positiv auf die Ertragskompensation.

Tabelle 9: Ergebnis der Varianzanalyse zum Einfluss der Parameter reifekorrigierter Krautfäulebefall (MCR) und Jugendentwicklung auf die Ertragskompensation.

Quelle	DF	Summe der Quadrate	Mittleres Quadrat	F-Statistik	Pr > F
Modell	2	18640	9320	42,18	<0,0001
Fehler	143	31594	221		
Korrigierte Summe	145	50234			
Parameter		Schätzwert	Standardfehler	X ²	Pr > X ²
Achsenabschnitt		27,12	6,58	16,98	<0,0001
MCR		-98,06	12,24	64,18	<0,0001
Jugendentwicklung		-6,48	1,59	16,69	<0,0001
Scale		14,86			

Wie bereits am Ende von Kapitel 4.1.3 erwähnt, ist unter den Bewertungsbedingungen auf ökologischen Flächen eine unabhängige Aufnahme des Parameters KF-Befall kaum möglich. Daher wurde im Modell der Effekt des reifeunabhängigen Befallsparameters MCR anstelle des KF-Befalls verwendet. Die Varianzanalyse bestätigt MCR als Kern-Eigenschaft für die Anbaueignung im ökologischen Landbau. In Abbildung 15 ist die in den Versuchen ermittelte MCR dem Δ Relativertrag gegenübergestellt.

Eine Anbaueignung für ökologische Bedingungen ist umso höher, je geringer der Wert von Δ Relativertrag ausfällt und damit ein hohes Kompensationsvermögen darstellt. In den

Quadranten I und II befinden sich die für KF anfälligeren, in den Quadranten III und IV die resistenteren Prüfglieder. Oberhalb der X-Achse sind die Klone mit relativem Ertragszugewinn, unterhalb mit relativem Ertragsverlust eingezeichnet. Die Regressionsgerade zeigt den hochsignifikanten Zusammenhang zwischen den Größen. Auch hier gilt, dass die oberhalb der Regressionsgerade liegenden Prüfglieder weniger Ertragsverluste verzeichnen als aufgrund deren MCR zu erwarten wäre. Sie haben unabhängig von ihrer KF-Resistenz weitere Eigenschaften, die zu einem relativen Ertragsvorteil gegenüber anderen Klonen führen. In Quadrant III unterhalb der Regressionslinie befinden sich sowohl JKI-Stämme als auch andere resistente Sorten. Trotz deren KF-Resistenz nimmt ihr Relativertrag unter Ökobedingungen ab. Hingegen befinden sich unter den KF-anfälligeren Prüfgliedern im ersten Quadranten der Graphik eine Anzahl für den ökologischen Anbau besonders geeigneter Sorten und Stämme.

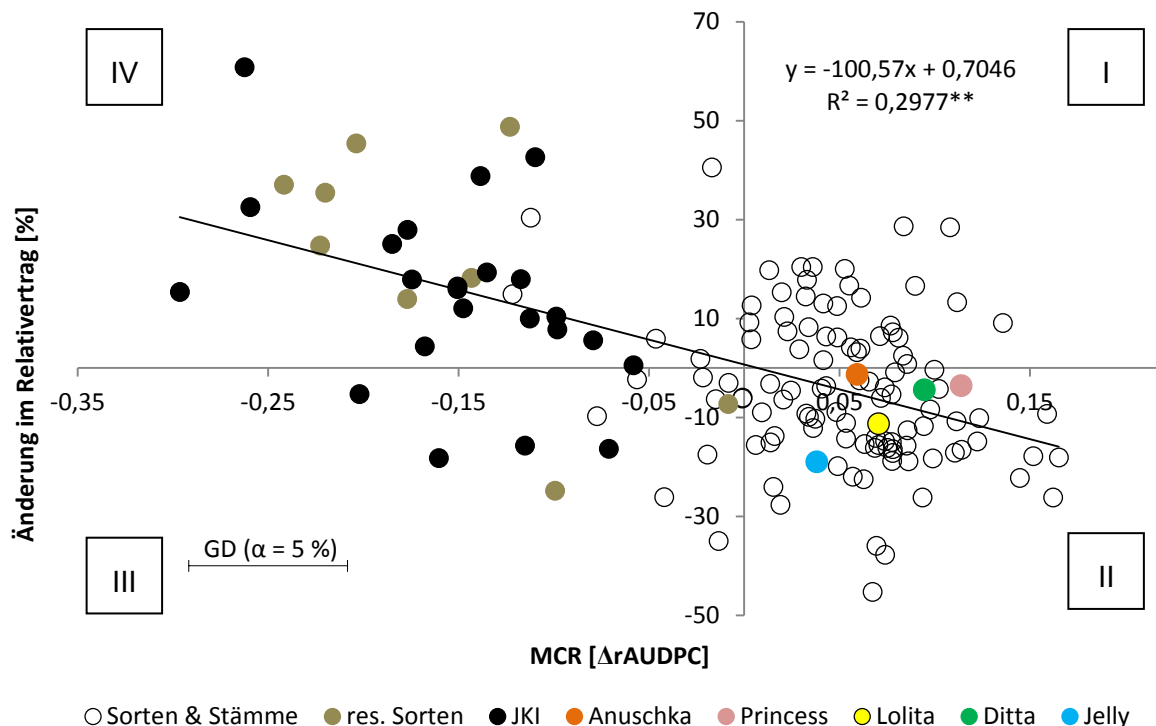


Abbildung 15: Änderung des Relativertrags in Abhängigkeit von der reifekorrigierten Krautfäule-Resistenz (MCR). Dargestellt ist die Änderung des relativen Ertrags aus sieben Umwelten ohne und sechs Umwelten mit Einfluss von Krautfäule gegenüber der reifekorrigierten KF-Resistenz (MCR). Es besteht ein hochsignifikanter Zusammenhang zwischen den beiden Größen ($\alpha \leq 0,001^{**}$).

Eine zügige Jugendentwicklung wurde als zweiter wesentlicher Faktor für die Anbaueignung im Ökolandbau in Form des Δ Relativertrags ausgemacht. In Abbildung 16 ist die Jugendentwicklung gegen die bereits um den Effekt der MCR bereinigte Ertragskompensation aufgetragen. Die Regressionsbestimmung zeigte einen hochsignifikanten Zusammenhang ($F = 14,25$; ($Pr < F: 0,0002$), dieser war aber schwächer

als der zwischen MCR und Δ Relativertrag. Eine Erklärung für den Effekt der Jugendentwicklung ist neben einer möglichen besseren Unkrautkonkurrenz die bessere Nutzung der Zeitspanne bis KF das Laub und damit die Photosynthese-Leistung reduziert.

Die Jugendentwicklung wird an einem Boniturtermin vor der Blüte festgestellt, es kann aber nur in Kombination mit dem Auflauftermin rückgeschlossen werden, ob das Laub früher oder schneller wuchs. Späte Genotypen bilden bis zum Blühzeitpunkt mehr Laub (HAASE *et al.* 2014) und haben damit einen höheren Blattflächenindex. Liegt dieser über dem Optimum bei einer zeitlich durch KF-Befall limitierten Ertragsbildungsphase und der zusätzlich fehlenden Umverlagerung von Photosynthese-Produkten aus dem Laub in die Knollen, kommt es zu einem schlechteren Harvest-Index. Bei limitierter Bereitstellung von Nährstoffen, was im ökologischen Anbau regelmäßiger auftritt, führt dies ebenfalls zum Nichterreichen des vollen Ertragspotentials. Klone mit eigentlich geringerem Ertragspotential können dieses unter Ökobedingungen durch eine schnellere Jugendentwicklung eher vollständig erreichen und damit höhere Erträge als langsamer wachsende Genotypen bilden. Die Jugendentwicklung ist in Abbildung 16 gegen die nach Abzug um den Effekt der MCR verbliebenen Residuen des Δ Relativertrag aufgetragen. Dadurch befinden sich die schwarz und ocker gefüllten KF-resistenten Sorten und JKI Stämme nicht mehr oberhalb der restlichen Prüfglieder. Auch die Varianz der nun wiederum verbleibenden Residuen ist nach Abzug des Effekts der MCR deutlich reduziert.

Im Gegensatz zur KF-Resistenz, welche nur unter Befalls-Bedingungen auf den Ertrag wirksam wurde, ließ sich der statistisch positive Zusammenhang zwischen Jugendentwicklung und relativem Ertrag unter allen Bedingungen feststellen. Unter KF-Befall war dieser zwar sicherer ($r^2 = -0,43^{**}$) als ohne Befall ($r^2 = -0,30^{**}$), Unterschiede im Effekt (Achsenabschnitt und Steigung) bestanden aber nicht. Somit ist die Jugendentwicklung ein für alle Produktionssysteme wichtiges Selektionsmerkmal.

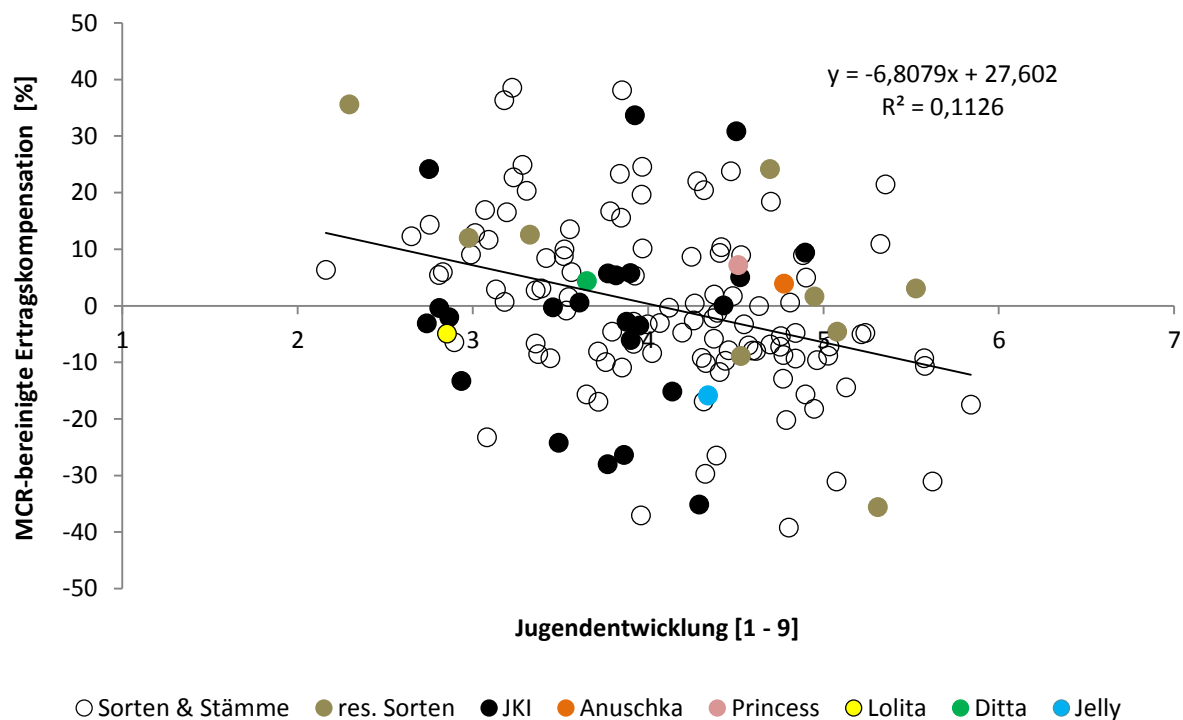


Abbildung 16: Zusammenhang zwischen der Jugendentwicklung und der von der reifeunabhängigen Krautfäule-Resistenz (MCR) bereinigten Ertragskompensation. Dargestellt ist die um die reifeunabhängige Krautfäule-Resistenz (MCR) bereinigte Ertragskompensation gegenüber der adjustierten mittleren Jugendentwicklung (1 = sehr gut). Es ergibt sich ein signifikanter Zusammenhang zwischen den Größen (F-Statistik = 17,87; $Pr < F$: 0,0001) bei 146 betrachteten Prüfgliedern.

Wenn eine zügige Jugendentwicklung einen früheren Wechsel vom vegetativen zum generativen Wachstum zur Folge hat, initiiert sich auch ein früheres Ansetzen und Ausbilden von Knollen. Ein früher Knollenansatz gilt als sogenannte Escape (Entkommens-) -Strategie, welche auch KF-anfälligen Sorten zu einer Eignung für den ökologischen Anbau verhilft. Über alle Versuche und Prüfglieder war die Anzahl der gebildeten Knollen positiv mit der Jugendentwicklung korreliert ($r^2 = -0,30^{**}$). Somit war bei der Untersuchung der Einflussfaktoren auf den Δ Relativertrag auch die Interaktion zwischen Jugendentwicklung und Knollenzahl zu untersuchen, welche aber keine Signifikanz zeigte. Der gewährte Zeitraum von der Entwicklung der Knollen hin zu marktfähiger Ware hängt unter stressfreien Bedingungen von der natürlichen Abreife, unter KF-Infektion sowohl vom KF-Befallsdruck als auch der MCR ab. Unter KF-Befallsbedingungen zeigte sich kein statistischer Zusammenhang zwischen dem erreichten Ertrag und der Reifezeit der Prüfglieder (F-Wert = 0,46; ($Pr > F$: 0,50)). In den durchgeführten Versuchen kann das zum einen am zügigen Fraß der Kartoffelkäferlarven an spät reifenden und resistenten Prüfgliedern gelegen haben, welche sich nach dem Verlust vom Großteil des Laubs in den Versuchen auf die wenigen verbliebenen grünen Parzellen konzentrierten. Eine weitere Erklärung für den fehlenden Zusammenhang kann sein, dass auch später abreifende Genotypen abgesehen

von ihrer reifebedingten KF-Resistenz zusätzliche Resistenz benötigen, um ihr Ertragspotential zu erreichen. Hingegen war ohne KF-Befallsdruck ein signifikanter ($F = 5,77$; $Pr > F: 0,018$) Ertragsanstieg um 0,28 % je zusätzlichem Reifetag zu beobachten. Eine spätere Abreife hatte tendenziell einen negativen aber nicht signifikanten Einfluss auf die Kompensation des Relativertrags.

4.1.8. Ertragskomponenten

Die Zusammensetzung des Ertrags von Speisekartoffeln kann sich erheblich auf den Erlös auswirken. Daher wurden für die Ertragskomponenten Unter-, Mittel (Markt)- und Übergrößen die Erntemassen und Knollenzahlen getrennt bestimmt. Von besonderem Interesse sind nun diejenigen Interaktionen zwischen diesen Komponenten und Parametern, welche sich beim Wechsel der Umweltbedingungen bzgl. des Auftretens von KF ergaben. Sie sind aus Tabelle 10 ersichtlich.

- MCR steigerte unter KF die Knollenzahl, die Gesamtmasse, die Übergrößenmasse und die Marktmasse. Sie verringerte die Untergrößenmasse und deren Anteil. Ohne KF steigerte MCR lediglich den Übergrößenanteil.
- Eine spätere Reifezeit führte nur ohne KF zu einem Anstieg der Übergrößenmasse. Zudem führte sie zu einem geringeren Marktwarenanteil, welcher aber nur unter KF signifikant war.
- Eine steigende Knollenzahl führte ohne KF zu einer geringeren Übergrößenmasse, unter KF hatte sie keinen Einfluss.
- Ohne KF korrelierten die Gesamtmasse und der Marktwarenanteil negativ, während unter KF kein Zusammenhang bestand.
- Unter KF bestand ein leicht positiver Zusammenhang zwischen der Übergrößen- und der Marktwarenmasse, ohne KF waren sie unabhängig voneinander.
- Unter KF hatte der Untergrößenanteil einen signifikanten Einfluss auf die Marktwarenmasse, ohne KF waren sie unabhängig voneinander.
- Ohne KF deutete eine hohe Untergrößenmasse auf einen hohen Marktwarenanteil hin, unter KF bestand kein Zusammenhang.
- Ohne KF bedeutet ein großer Untergrößenanteil einen großen Marktwarenanteil, unter KF dreht sich der Zusammenhang um: ein großer Untergrößenanteil bedeutet einen niedrigen Marktwarenanteil.

Der Ertrag setzt sich aus der Häufigkeit und der Verteilung der Einzelknollenmassen zusammen. Diese Verteilung ist vom Genotyp abhängig, das heißt Mittelwert, Varianz und Integral unterscheiden sich. Bei wechselnden Umweltbedingungen von ohne KF zu mit KF verschieben sich diese, jedoch abhängig von weiteren Eigenschaften des Genotyps wie Reifezeit, MCR oder Knollenzahl. Ziel ist es, bei einer sehr geringen Varianz der Mittelwerte im Marktwarenbereich, also dem Integral einer Verteilungsfunktion, zu maximieren. Während des Knollenwachstums ändert sich die Verteilung, sie ist also nicht statisch sondern dynamisch. Deshalb kann nicht davon

ausgegangen werden, dass sich der Ertrag unter KF aus dem (linkslastigen) Abgreifen einer fixen Verteilungsfunktion einer Einzelknollenmassenhäufigkeit ergibt. Unabhängig davon, dass Jugendentwicklung, Reife, MCR und Knollenzahl die Änderung dieser Verteilung während des Ertragszuwachses positiv beeinflussen, kann angenommen werden, dass manche Genotypen von Grund auf optimalere Verteilungen realisieren. Es gilt festzustellen, ob ein einfaches Selektionsmerkmal eine möglichst optimale Verteilungsfunktion anzeigt und ob eine Selektion unter KF-Bedingungen zu keinen negativen Bedingungen für den Anbau ohne KF führt.

Tabelle 10: Ertragskomponenten und deren Einflussfaktoren unter Bedingungen ohne Krautfäule (oKF) und unter Krautfäule-Befallsdruck (KF). Verrechnet wurde die Knollenzahl je Staude (Z), Ertragskompensation (Komp.), die Masse und den Anteil an der Gesamtmasse in den drei Größenfraktionen <35mm, 35-55mm, >55mm

Korrelationskoeffizient																			
R²	deltarAUDPC	Z_alle	Z_oKF	Z_KF	Komp.	Masse_oKF	Masse_KF	>55mm Masse_oKF	>55mm Masse_KF	>55mm Anteil_oKF	>55mm Anteil_KF	35-55mm Masse_oKF	35-55mm Masse_KF	35-55mm Anteil_oKF	35-55mm Anteil_KF	<35mm Masse_oKF	<35 mm Masse_KF	<35mm Anteil_oKF	<35mm Anteil_KF
Reife1315	-0,03	0,03	0,05	0,02	-0,12	0,20	0,06	0,19	0,04	0,12	0,04	0,02	0,02	-0,12	-0,18	-0,02	0,04	-0,04	0,01
	0,72	0,69	0,57	0,77	0,17	0,02	0,50	0,02	0,60	0,15	0,63	0,77	0,83	0,13	0,03	0,78	0,64	0,65	0,93
MCR		-0,12	-0,04	-0,24	-0,55	-0,10	-0,47	-0,12	-0,43	-0,19	-0,37	0,00	-0,30	0,15	-0,03	0,09	0,19	0,15	0,30
	0,14	0,59	0,00	<.0001	0,23	<.0001	0,15	<.0001	0,02	<.0001	0,97	0,00	0,06	0,72	0,26	0,02	0,08	0,00	
Z_alle		0,95	0,85	0,20	0,39	0,41	-0,21	-0,10	-0,47	-0,26	0,76	0,57	0,45	0,22	0,57	0,39	0,33	0,13	
		<.0001	<.0001	0,01	<.0001	<.0001	0,01	0,23	<.0001	0,00	<.0001	<.0001	<.0001	0,01	<.0001	<.0001	<.0001	0,12	
Z_oKF			0,66	0,03	0,36	0,25	-0,23	-0,17	-0,51	-0,28	0,79	0,41	0,48	0,17	0,60	0,38	0,37	0,19	
			<.0001	0,75	<.0001	0,00	0,01	0,03	<.0001	0,00	<.0001	<.0001	<.0001	0,04	<.0001	<.0001	<.0001	0,02	
Z_KF				0,49	0,36	0,60	-0,10	0,04	-0,27	-0,17	0,56	0,72	0,30	0,23	0,35	0,33	0,17	0,01	
				<.0001	<.0001	<.0001	0,22	0,63	0,00	0,04	<.0001	<.0001	0,00	0,00	<.0001	<.0001	0,04	0,90	
Komp.					0,00	0,75	-0,01	0,54	0,05	0,40	-0,01	0,53	-0,01	-0,02	-0,04	-0,13	-0,06	-0,33	
						<.0001	0,94	<.0001	0,57	<.0001	0,95	<.0001	0,92	0,78	0,64	0,13	0,46	<.0001	
Masse_oKF							0,66	0,70	0,42	0,42	0,34	0,59	0,59	-0,22	0,11	-0,28	-0,27	-0,49	-0,46
							<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	0,01	0,20	0,00	0,00	<.0001	<.0001
Masse_KF								0,44	0,68	0,31	0,53	0,36	0,79	-0,15	0,05	-0,21	-0,27	-0,37	-0,55
								<.0001	<.0001	0,00	<.0001	<.0001	<.0001	0,07	0,52	0,01	0,00	<.0001	<.0001
>55mm Masse_oKF									0,59	0,89	0,61	-0,07	0,19	-0,75	-0,13	-0,63	-0,55	-0,66	-0,56
								<.0001	<.0001	<.0001		0,41	0,02	<.0001	0,11	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001
>55mm Masse_KF										0,59	0,91	-0,13	0,16	-0,51	-0,42	-0,43	-0,57	-0,44	-0,58
									<.0001	<.0001		0,11	0,05	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001
>55mm Anteil_oKF											0,67	-0,37	0,02	-0,87	-0,15	-0,76	-0,62	-0,72	-0,59
										<.0001	<.0001		0,83	<.0001	0,06	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001
>55mm Anteil_KF												-0,24	-0,01	-0,56	-0,46	-0,54	-0,69	-0,52	-0,65
											0,00	0,94	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001
35-55mm Masse_oKF													0,61	0,56	0,33	0,22	0,16	-0,06	-0,06
												<.0001	<.0001	<.0001	0,01	0,05		0,48	0,44
35-55mm Masse_KF														0,19	0,51	-0,07	-0,08	-0,26	-0,43
													0,02	<.0001	0,42	0,35	0,00	<.0001	
35-55mm Anteil_oKF															0,35	0,41	0,40	0,30	0,24
														<.0001	<.0001	<.0001	0,00	0,00	
35-55mm Anteil_KF																-0,02	0,02	-0,12	-0,21
																0,79	0,78	0,14	0,01
<35mm Masse_oKF																	0,71	0,94	0,66
																<.0001	<.0001	<.0001	
<35 mm Masse_KF																		0,68	0,82
																	<.0001	<.0001	
<35mm Anteil_oKF																			0,74
																			<.0001

Das Zuchtmerkmal Knollenzahl und dessen Bedeutung auf den optimalen Marktwarenenertrag diskutierten bereits HAASE *et al.* (2014). Sie kamen zum Schluss, dass unter den bisherigen Sorten für den ökologischen Anbau die vorzuziehen seien, deren Knollenzahl nicht im hohen Bereich liegt. Diese Aussage wird auf die Untersuchung von 16 Sorten gestützt, obwohl sich fünf von diesen (Biogold, Vitabella, Allians, Adelina und Jelly) in der KF-Resistenz sehr deutlich und zwei Sorten (Finessa und Ditta) deutlich abgrenzten. Gleichzeitig wurde erkannt, dass für einen optimalen Anteil an vermarktungsfähigen Knollen das Einzelknollengewicht zwischen 60 und 80 g liegen muss. Je einheitlicher die Sortierung bei der Ernte ist, desto förderlicher ist dies für den Marktwarenenertrag. Gilt die Empfehlung von HAASE *et al.* (2014) nun hauptsächlich bei der Wahl von Sorten ohne deutliche KF-Resistenz, so kann bei der Züchtung von KF-resistenten Kartoffeln umgedacht werden. Das Ziel der sicheren und höheren Marktwarenenerträge lässt sich nur durch höhere Knollenzahlen erreichen. Dabei verhilft eine höhere MCR Genotypen mit einem höheren Ertragspotential zu dessen Ausschöpfung.

Ging man davon aus, dass sich die ideale Knollenzahl für ökologische Bedingungen mit teilweisem KF-Druck von konventionellen Bedingungen unterscheidet, zeigen sich hier andere Ergebnisse. Die Annahme, dass unter KF-Befall ein zu hoher Ansatz zu einer Verteilung des Zuwachses auf zu viele durchschnittlich zu klein wachsende Knollen führt, konnte in den Versuchen nicht festgestellt werden. Lediglich im Übergrößenanteil unterscheiden sich die Effekte der Knollenzahl zwischen den Bedingungen, wobei der Effekt eines abnehmenden Übergrößenanteils als positiv zu bewerten ist. Trotz eines steigenden Anteils und steigender Masse an Untergrößen erhöht sich auch die Zahl und Masse der Mittelgrößen. Ohne KF bleibt ausreichend Zeit zur Ertragsbildung und bei einer hohen Homogenität der Einzelknollengröße ergibt sich ein hoher vermarktbare Ertrag aufgrund der Durchführung reifefördernder Maßnahmen.

Unterschiede in der Bedeutung des Knollenansatzes für den Relativertrag zwischen den zwei definierten Umweltbedingungen mit und ohne KF-Einfluss zeigen sich in einer Regressionsanalyse. Bei Bedingungen unter KF liegt der Achsenabschnitt bei 20,8 % und unter Bedingungen ohne KF bei 57,9 %. Unter KF-Einfluss haben Genotypen mit geringerem Ansatz bereits einen grundsätzlich niedrigeren Relativertrag. Des Weiteren unterscheiden sich zwischen den zwei Bedingungen die Steigungen der Regressionsgeraden: unter KF-Einfluss führt eine zusätzliche Knolle zu einem relativen Ertragszuwachs von 8,0 %. Abgesehen von drei Ausreißern liegen die maximalen Relativerträge bei ca. 140 % und werden mit 10 bis 13 Knollen realisiert. Währenddessen führt eine zusätzliche Knolle ohne KF-Einfluss nur zu 4,2 % relativem Mehrertrag. Die maximalen Relativerträge von ca. 130 % werden ausgenommen von zwei Ausreißern mit neun bis elf Knollen erreicht. Somit zeigt

diese Analyse, dass sich für die Bedingungen mit KF hohe Knollenzahlen ebenso positiv auswirken.

Nachdem nur die Effekte von MCR und Jugendentwicklung Signifikanz für die Ertragskompensation zeigten, können Aussagen bezüglich des Einflusses der Knollenzahl lediglich auf den Ertrag zwischen den Umweltbedingungen unterschieden werden. Die Anzahl der gebildeten Knollen kann aber sehr gut über den Umgang mit dem Pflanzgut gesteuert werden. Eine Vorkeimung oder in manchen Fällen der Abbruch der apikalen Keimes führt zu einer höheren Triebzahl je Knolle, wodurch sich der Knollenansatz künstlich erhöhen lässt. Der Umgang mit Pflanzgut besitzt im ökologischen Anbau einen hohen Stellenwert weshalb diese positiven Effekte hier bereits deutlich mehr als im konventionellen Kartoffelbau genutzt werden.

4.1.9. Fazit

Die geprüften Klone zeigten in Bezug auf KF, Ertrag, Wachstum, Reife und Ertragskomponenten große Unterschiede. Eine für den ökologischen Anbau perfekte Kartoffel hat unter optimalen Anbaubedingungen bereits ein hohes Ertragsniveau und kann einen hohen Infektionsdruck durch ihre MCR kompensieren.

Der Marktwarenenertrag hängt zum einen von einem hohen Rohertrag, zum anderen von einer hohen Ausbeute ab. Die Ergebnisse der Versuche zeigen, dass auch Klone mit hoher Knollendichte für den ökologischen Anbau auf den Versuchsfeldern geeignet waren. Hieraus lässt sich ein eindeutiges Selektionskriterium definieren. Gleichzeitig muss sie die vom Verbraucher gewünschten Anforderungen hinsichtlich Speisequalität erfüllen. Sowohl unter den geprüften KF-resistenten Sorten als auch unter dem JKI-Prebreeding-Material gibt es keine optimale Kombination dieser Eigenschaften. Daher bestätigt sich der Auftrag des Projekts zur Entwicklung solchen Kartoffelmaterials.

4.2. Züchtungsarbeiten

Durch die Kombination von moderner Züchtungsforschung mit partizipativer Züchtung, bei der die Ökolandwirte aktiv in die Züchtungsarbeiten mit eingebunden sind, werden seit Projektbeginn neue Kartoffelstämme entwickelt, die den Anforderungen des modernen Ökolandbaus gerecht werden sollen.

Um speziell die Resistenz gegenüber dem Erreger der Kraut- und Knollenfäule zu erhöhen, wurde im laufenden Projekt vor allem auf Prebreeding-Material des JKI zurückgegriffen. Dieses stammte aus der zweiten bis vierten von *Solanum*-Wildarten erhaltenen Rückkreuzungsgeneration. Um dieses Zuchtmaterial qualitativ weiterhin zu verbessern, wurden weitere Züchtungsschritte durchgeführt. Erst durch die in Kapitel 4.1 beschriebene

Erhebung des KF-Resistenzniveaus dieser Prebreeding Klone wurde sichtbar, wie resistent neu gezüchtetes Material sein muss, um als KF-resistent zu gelten. In Tabelle 11 ist der Züchtungsumfang in Zahlen dargestellt. Sowohl das JKI und die LfL produzierten aus eigenen Kreuzungen Sämlingsknollen, welche gemeinsam zum Anbau kamen.

Tabelle 11: Übersicht über die Züchtungsarbeiten seit 2011

Jahr	2011	2012*	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Kreuzungen	27	70	91	134	94	149	55	84
Sämlinge	4.990	8.092	12.521	10.264	5.919	19.996	6.325	2.420
1. Knollenvermehrung		2.318	2.871	2.914	2.911	2.568	6.989	4.565
A-Klone			187	247	190	249	216	417
B-Klone				123	76	41	70	135
C-Klone					19	37	33	48
D-Klone						9	21	12
E-Klone							6	8

* Projektbeginn

4.2.1. Entwicklung eines Selektionsschemas

Innerhalb der letzten Jahre wurden Tausende Genotypen auf den Ökozuchtflächen zur Selektion angebaut. Dabei wurden in den frühen Phasen prozentual mehr Klone verworfen als in späteren. Bei der Knollenselektion wurde anhand der Qualitätskriterien zur Knollenbeschaffenheit entschieden (Sortenliste Kartoffeln, Bundessortenamt) und die während der Vegetationsperiode durchgeführte Bewertung von Laub, Reifezeit und KF-Befall in die Entscheidung mit einbezogen. Die jährliche Reduktion des Materialumfangs ist größenproportional in Abbildung 17 dargestellt und verdeutlicht die äußerst geringe Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Klonen mit den gewünschten Eigenschaften.



Abbildung 17: Größenproportionale Darstellung der Anzahl an angebauten und sukzessive selektierten Nachkommen der verschiedenen Generationen A bis E.

4.2.2. Sämlingsknollenselektion

Ab 2015 wurden die Zuchtgärten so angelegt, dass Klone der ersten Knollenvermehrung einzelpflanzenspezifisch bonitiert wurden. In Abbildung 18 ist ein Teil des Zuchtgartens in LL17 abgebildet, wo Sämlingsknollenpflanzen in der ersten Feldgeneration in Doppelbeeten mit je fünf Pflanzstellen wuchsen. In den oberen vier Doppelbeeten (A-D) befinden sich Einzelknollenramsche des JKI, welche ohne Vorkeimung eine geringere Wüchsigkeit zeigten. In den unteren zwei Blöcken (E, F) und in den zwei Reihen links (G) waren Klone der LfL aus drei bzw. fünf vorgekeimten Saatknohlen je Pflanzstelle. Durch mehr Pflanzknollen war die Zahl der Ernteknohlen deutlich erhöht. Im weiteren Verlauf der Anbausaison spalteten hier wie in den Zuchtgärten ND15, LL16, und LL18 KF-Epidemien die angebauten Populationen bezüglich ihrer KF-Anfälligkeit. In Abbildung 19 sind beispielhaft die Befalls-Verteilungen der in LL16 angebauten Sämlinge dargestellt. Für diese ist der KF-Befall ohne Einfluss der Reife dargestellt. Die in den vorderen Bereichen der Grafik befindlichen JKI-Populationen entstammen Kreuzungen zweier resistenter JKI-Stämme. Sie umfassten Familien von sieben bis 82 Klonen und zeigen oft eine gleichmäßige Anfälligkeitsverteilung. Dieses Material war bereits aufwändig auf KF-Resistenz im Sämlingstest und auf Braunfäule-Anfälligkeit im Knollentauchtest geprüft worden. Während dieser Untersuchungen wurde die Anzahl der Kandidaten pro Kreuzung stark reduziert. Im Gegensatz dazu sind die LfL-Populationen im Bereich der Kreuzungen 9 bis 19 größer und zeigen höhere Anteile in sehr anfälligen und resistenten Bereichen. Ab Kreuzung 44 sind Nachkommenschaften abgebildet, deren Eltern als spätreifend eingestuft sind. Bei diesen ist der Anteil hochanfällig eingestufte Klone viel geringer, da wie in Kapitel 4.1.3 bereits gezeigt, bei gleichzeitiger Bonitur verschiedener Reifezeiten spätere einen geringeren Befall zeigen, aber trotzdem keine erhöhte MCR besitzen. Unter diesen gestaltet sich die Knollenselektion auf Grundlage der KF-Bonitur schwieriger. Daher erfolgte eine exaktere Bewertung als A-Klon im darauf folgenden Jahr.

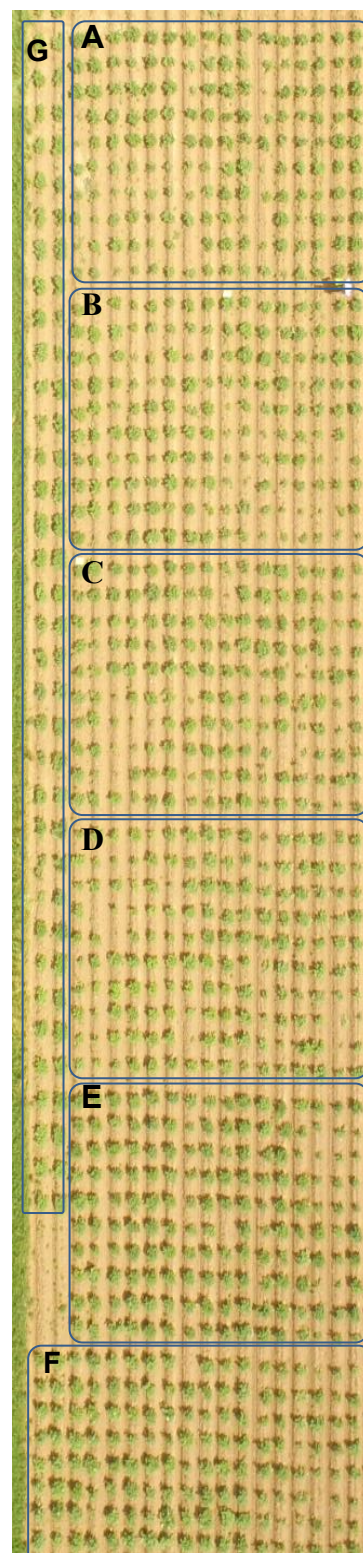


Abbildung 18: Vogelperspektive auf die erste Knollenvermehrung in LL 2017. Die Nachkommenschaften sind in Form von Doppelblöcken zu zweimal fünf Pflanzen angeordnet.

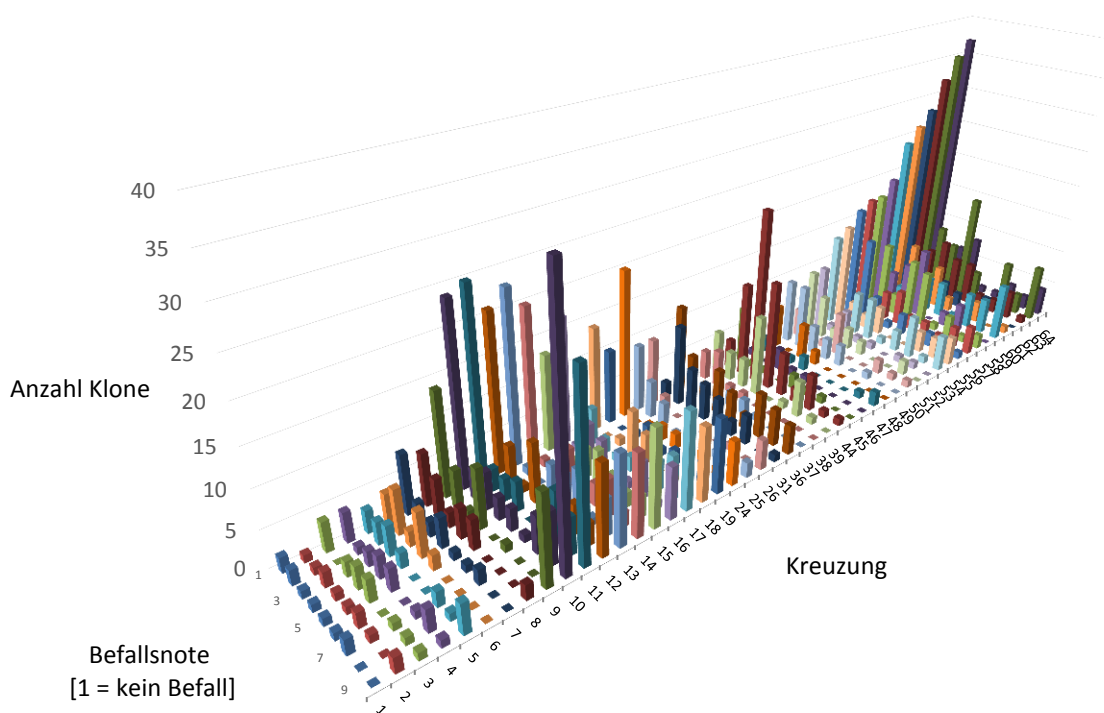
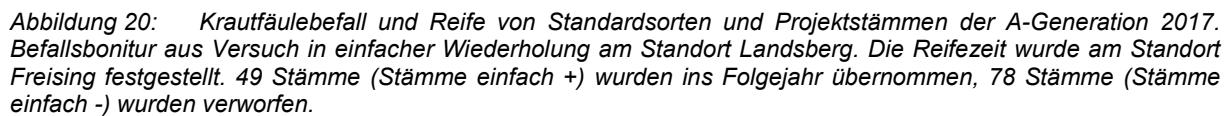


Abbildung 19: Aufspaltung von 47 Nachkommenschaften bezüglich des Krautfäulebefalls von Einzelpflanzen. Krautfäulebefall in Noten von Note 1 (kein Befall) bis 9. Standort Landsberg 2016. Die ersten neun Nachkommenschaften wurden am JKI erstellt durch KF-Inokulation am Setzling und Braunfäule-Tauchtest an der Saatknohle vorselektiert. Die weiteren Nachkommenschaften wurden an der LfL ohne Resistenztest erzeugt.

Innerhalb des Züchtungsablaufs konnten durch die Begutachtung von Nachkommenschaften auch rückwirkend die Kreuzungseltern validiert werden. Die über die vier Umwelten unter KF (ND15, LL16, LL17 und LL18) in der ersten Knollenvermehrung bonitierten Nachkommenschaften gehen auf 217 Kreuzungen mit 141 Kreuzungseltern zurück. Von den 74 KF-Resistenz vererbenden Eltern wurden 80 % mit mehr als einem Partner gekreuzt. Manche JKI-Stämme zeigten keine Eignung zur Vererbung von KF-Resistenz und wurden nachfolgend nicht mehr als Kreuzungseltern verwendet. In einigen Fällen ließen sich Unterschiede in der spezifischen Kreuzungskombinationsfähigkeit (specific crossing ability / SCA) bezüglich des Merkmals KF-Anfälligkeit feststellen, da sich die Häufigkeit resistenter Nachkommen zwischen verschiedenen Kreuzungspartnern unterschied.

4.2.3. Krautfäule-Bewertung von A-Klonen

Die in den Vegetationsperioden des Projekts angebauten A-Klone wurden zusätzlich zum Selektionsstandort am konventionellen Standort angebaut. Bei ausbleibender KF-Infektion boten Vitalität, Knollenqualität, Reife und Ertrag ausreichende Selektionskriterien. In der Anbausaison 2017 konnten sowohl Reifedaten als auch KF-Befall zur Selektion genutzt werden. Die Entscheidung anhand der erhobenen Daten ist nachfolgend beispielhaft in Abbildung 20 dargestellt.



Aufgrund der sehr guten Erfahrungen am Standort LL im Projektzeitraum wurde zum Anbau 2018 entschieden, die in 2017 selektierte erste Knollenvermehrung dort primär mit allen anderen zuvor im Projekt selektierten Klonen anzubauen. Dementsprechend wurden in LL18 388 A-Klone geprüft, parallel davon 273 in FS18. Zudem konnten für die in 2016 selektierten Klone der ersten Knollenvermehrung eine KF-Bonitur in 2018 nachgeholt werden, wenn diese in 2017 aufgrund knappen Pflanzguts oder Anbaus in ND17 fehlte.

4.2.4. Vergleich weiterentwickelter Projektstämme mit dem Ausgangsmaterial

4.2.4.1. Krautfäule

Die fortgeschrittenen Projektstämme wurden in LL17, UE17 und LL18 erfolgreich unter KF-Befall geprüft. Einmalig wurde in UE17 nochmals das Ausgangsmaterial des JKI angebaut und 31 Zuchtstämme der Generationen B bis E aus den ersten Selektionsjahren im wiederholten Versuch gegenübergestellt. Zusätzlich kam ein erweitertes Sortenspektrum zum Anbau. Deren KF-Befälle sind in Abbildung 21 aufgeführt. Innerhalb der Sorten zeigten Twinner, Sarpomira und Alouette die geringste Anfälligkeit. Es bestätigten sich die Ergebnisse aus Projektphase I, in der mit Ausnahme der späten Stärkesorte Kuras, die neun aufgeführten Speisesorten hohe Anfälligkeiten mit rAUDPC-Werten über 0,58 aufwiesen. Von den 23 geprüften JKI-Stämmen überschritt lediglich 05.8090.03 das Anfälligkeitsniveau dieser Speisesorten. Die restlichen JKI-Stämme teilen sich in zwei Hauptgruppen: die ersten sechs waren mit nochmals deutlich weniger von KF befallen als die verbleibenden 16 mit $rAUDPC > 0,33$. Die meisten Projektstämme schnitten besser als das anfällige Sortenspektrum ab und die resistantesten Zuchtstämme aus dem Projekt überstiegen die Resistenzniveaus der meisten JKI-Ausgangsklone. Die ersten elf aufgeführten Klone zeigten fast keinen KF-Befall, in den verbleibenden Klonen nahm die Befallsstärke stetig zu.

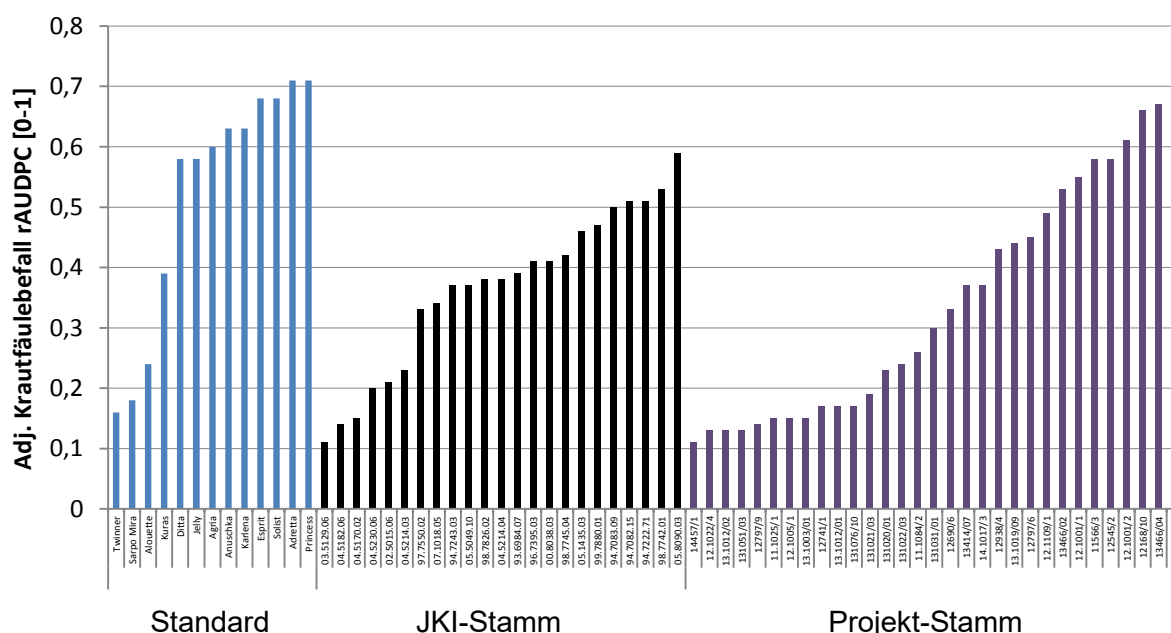


Abbildung 21: Krautfäulebefall der in Uelzen 2017 angebauten Prüfglieder. Neben zwölf Sorten kamen 23 JKI-Stämme und 31 Projekt-Stämme zum Anbau.

Auch die Versuchsergebnisse aus LL17 zeigten, auf welches Niveau die KF-Resistenz innerhalb der Neuzüchtungen im Vergleich zu den Standardsorten gehoben wurde. Eine sehr gute Wasser- und Nährstoffversorgung und ein spätes Einsetzen von Seneszenz begleiteten hier einen sehr späten Beginn des KF-Befalls. Am anfälligsten Prüfglied Princess konnte die ersten Symptome gefunden werden, während am Großteil der Prüfglieder noch keine aufzufinden waren. Einem frühen Erstbefall folgte in der Regel eine starke und zügige Befallszunahme, was in einem sehr schlechten Abschneiden dieser Prüfglieder in der Gesamtanfälligkeit über sämtliche Boniturtermine endete. Die Einschätzungen aus UE17 wurden mit denen in LL17 verglichen, wo vom Großteil aller Zuchtstämme mindestens eine Parzelle gepflanzt war.

Insgesamt war der Befallsdruck durch das späte und auch langsame Einsetzen der KF in LL17 deutlich geringer als in UE17. Das Ergebnis der 2017 an beiden Orten geprüften Klone ist in Abbildung 22 dargestellt. An beiden Orten schnitten die bisher verwendeten Standardsorten bzgl. der KF-Anfälligkeit mit hohen rAUDPC-Werten unterdurchschnittlich ab. Die neu in den Versuch aufgenommenen Sorten Twinner und Alouette lagen mit weiteren 14 Projektstämmen im dritten Quadranten auf einem sehr guten Resistenzniveau. Widersprüchliche KF-Anfälligkeiten zeigten sich für die Genotypen in Quadrant II. In UE17 hatten die Stämme 12.1109/1, 12545/2 und 11566/3 eine gesteigerte Anfälligkeit als in LL17.

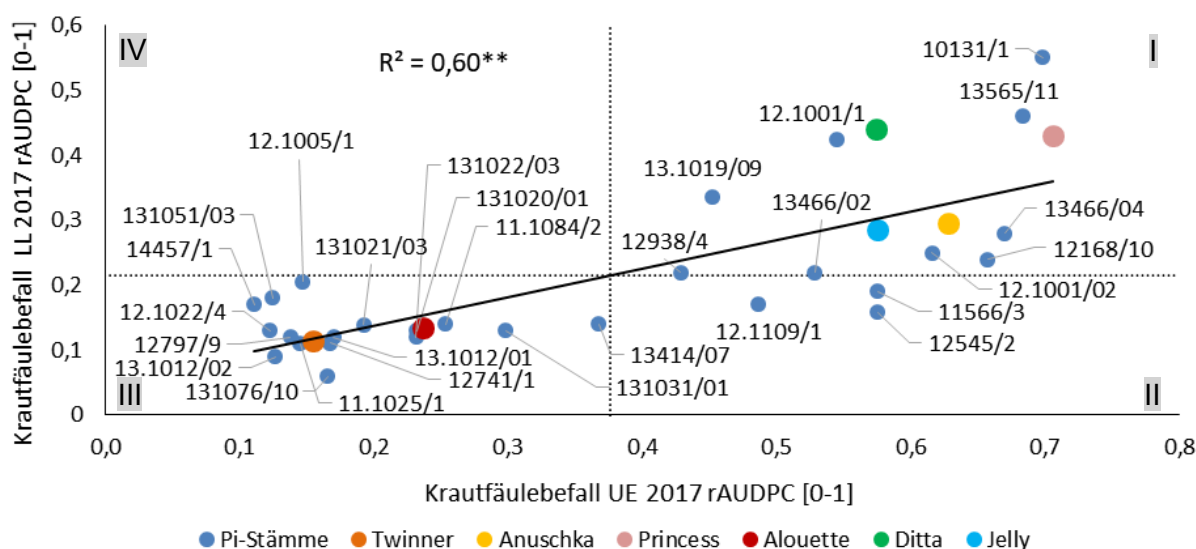


Abbildung 22: Korrelation des Krautfäulebefalls zwischen den Standorten UE und LL im Jahr 2017. Quadranten des Diagramms sind mit I bis IV beschriftet. Mit einem Korrelationskoeffizienten von $r^2 = 0,60$ ($\alpha < 0,0001$) war der Zusammenhang hochsignifikant.

Die Zuchtstämme in Quadrant I wurden für den Anbau in 2018 nicht fortgeführt, die in Quadrant II und III konnten zusammen mit neueren Klonen in LL18 getestet werden.

4.2.4.2. Reife und Krautfäule-Befall

Die Einschätzung der Reifegruppe an den selektierten Zuchtstämmen erfolgte in FS17 im wiederholten Versuch oder Einzelparzellen. Die 34 zweifach wiederholt geprüften Stämme und Standards sind in Abbildung 23 entlang ihrer Reifegruppe und KF-Anfälligkeit in LL17 aufgetragen. Die Reifezeiten wurden im Gegensatz zum Teilprojekt I als Reifenote bewertet. Von den weitergeführten Stämmen besaßen zwei eine frühe, acht eine mittelfrühe und vier eine mittelspäte Reifezeit. Ihre KF-Anfälligkeiten lagen mit $< 0,2$ unter den Standards und auf dem Niveau der resistenten Sorten Twinner und Alouette. Die Ausscheidegründe für die restlichen 20 Klone waren meist Mängel in der Virusanfälligkeit oder der Knollenqualität.

Sämtliche aus 2017 fortgeführten A-Klone und Stämme älterer Generationen waren in LL18 einer starken KF-Epidemie ausgesetzt, welche zu einer deutlichen Differenzierung bezüglich der KF-Resistenz führte. In Abbildung 24 ist das Laub der Sorte Jelly gegenüber drei Projektstämmen dargestellt. Die Standardsorten waren durch KF sehr schnell entlaubt, während resistente Projektstämme durch natürliche Seneszenz abreiften. Es bestätigten sich die Pflanzenentwicklungs- und Resistenzeinschätzungen des Vorjahres.

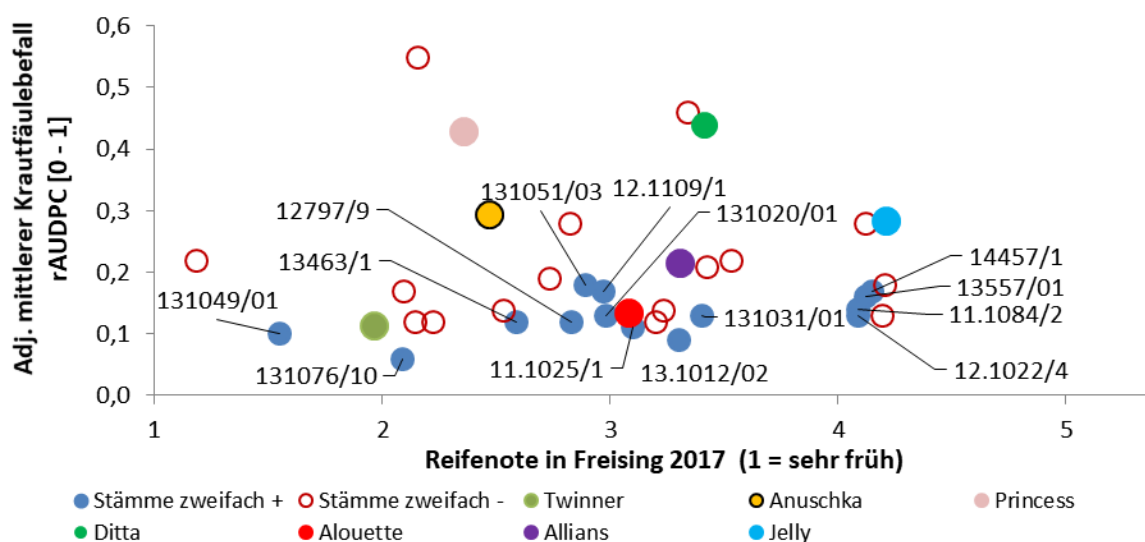


Abbildung 23: Krautfäulebefall und Reife von Standardsorten und Projektstämmen der Generationen B, C, D und E im Jahr 2017. Befallsbonitur aus zweifach wiederholtem Versuch in Landsberg. Die Reifezeit wurde am Standort Freising festgestellt. 14 Stämme (Stämme zweifach +) wurden ins Folgejahr übernommen, 20 Stämme (Stämme zweifach -) wurden verworfen.



Abbildung 24: Pflanzenbestände in Landsberg am 23. Juli 2018. Vergleich der Reaktion v.l.n.r.: Jelly (A), 131031/01 (B), 13463/1 (C), 12797/9 (D) am

4.2.5. Qualität und Gesundheit

Die aus dem Selektionsjahr 2017 verbliebenen Projektstämme wurden nach der Vegetationsperiode einer Feststellung des Speisewerts, der Nematoden-Resistenz und des Virusbesatzes unterzogen. Dabei sind die Untersuchungsergebnisse in Tabelle 12 aufgeführt. Von den 14 vorerst veröffentlichten Stämmen besitzen neun Klone eine standardmäßige Resistenz gegenüber Nematoden Pathotyp Ro1 und Ro4, bei zwei Stämmen erweitert sich diese auf das vollständige Spektrum Ro1 bis Ro5. Die Untersuchungsergebnisse auf Virusbesatz sind aus den Ernten aus 2016 und 2017 aufgeführt. Vier gegenüber Kartoffelvirus Y anfälligere Stämme zeigten dies in beiden Jahren. Aufgrund der bisherigen Testergebnisse aus 2017 und 2018 kann der Stamm 13463/01 gegenüber Krebs Pathotyp 1 und 18 als resistent eingestuft werden. Bei diesem und drei weiteren Stämmen ist auf einen höheren Besatz mit Kartoffelvirus M zu achten. Bis auf den Stamm 11.1084/02 konnte von allen Klonen S-freies Material erhalten werden und bei fünf Stämmen war kein erhöhter Besatz mit Kartoffelviren R, Y und M feststellbar. Die Reife und Anfälligkeitsdaten entsprechen denen aus dem vorhergehenden Kapitel. Die Feststellung des Speisewerts zeigt den großen Einfluss des Standorts. Am konventionellen Standort FS17 schnitten fünf Stämme mit lediglich ausreichenden Geschmacksnoten ab, während in den Proben aus LL17 und UE17 durchwegs befriedigende Noten auftraten. Die Kochdunkelung war bis auf drei Fälle unauffällig. Die Einschätzung des Kochtyps ist über die Standorte meist kongruent, weitere Versuchsstandorte bzw. die Testung der Ernte aus 2018 wird zur Festigung der Ergebnisse beitragen.

Tabelle 12: Liste der zum Anbau 2018 durch das JKI abgegebenen oder zu vermehrenden Projektstämme

Stamm + Bioresistenz	Mutter	Vater	RYMS (%)_2017	Virus_2017	Y (%)_2018	M (%)_2018	Reife	rAUDPC_UE17	rAUDPC_LL17	Jugendentwicklung_2017	% Stärke_2017	Freising_2017			Landsberg_2017			Uelzen_2017		
												Kochtyp	Geschmack	Kochdunklung	Kochtyp	Geschmack	Kochdunklung	Kochtyp	Geschmack	Kochdunklung
11.1084/02Yes;Ro1,4	Antonia	04.5213.14	98	S	0	31	4	0,25	0,14	4	13	B	3,0	2,0	AB	3,3	2,0	A	3,3	2,0
12.1022/04-	03.5066.03	Antonia	3	SY	0	5	4	0,12	0,13	3	18	C	3,8	1,5	BC	2,0	2,0	C	2,0	2,0
12.1109/01Yes	Beluga	00.1079.05	4	S	0	0	3	0,49	0,17	4	15	B	4,0	3,0	B	3,3	5,0	B	3,3	2,0
12545/02Ro1,4	GL99.8058.01	Rubinett	49	S	0	3	3	0,58	0,16	2	14	C	3,0	2,0	B	3,3	3,0	A	3,0	5,0
12741/01Ro1,5	GL97.7552.01	Sissi	22	S	33	0	3	0,17	0,11	4	13	B	4,0	2,0	B	3,3	3,0	A	3,3	1,0
12797/09-	Sarpomira	06081/3B	6	YS	11	0	3	0,14	0,12	4	18	BC	4,0	3,0	B	2,0	5,0	C	2,7	2,5
131031/01Ro1,5	GL03.5067.04	Sevim	12	S	15	6	3	0,30	0,13	2	15	B	2,0	2,0	B	3,0	3,0			
131051/03Ro1,4	GL04.5167.02	Talent	6	S	0	17	3	0,12	0,18	5	15	BC	3,0	3,0	B	2,8	3,0	B	2,0	2,0
131076/10Ro1,4	Lilly	GL03.5067.04	24	SY	39	0	2	0,17	0,06	4	13	B	4,3	1,0	B	3,0	1,0	B	2,0	1,0
13463/01Ro1,4;K1,18	Megusta	GL03.5067.04	0		32	26	2		0,12	5	15	A	3,3	3,0	B	2,8	3,0			
13598/01rotRo1,4	Red Fantasy	Sarpomira	30	MS	40	13	4		0,11	5	13				B	2,7	3,0			
14.1022/07Ro1,4	04.5230.06	Osira	0		0	0	3		0,11	4	19	CB	3,0	2,0	CD	3,3	2,0			
14389Yes3/01Ro1,4	Birgit	Vitabella	2	S	6	5	3		0,11	3	13	C	3,0	1,0	B	2,7	2,0			
14547/04rotRo1,4	Axona	Romanze	10	Y	23	7	4		0,11	5	14				C	3,0	3,0			

Beispielhaft sind in Abbildung 25 die Knollen der Stämme 11.1084/02, 131076/10, 131020/01 und 131031/01 mit den Standardsorten abgelichtet. Sie vereinen eine sehr hohe KF-Resistenz mit hoher Knollen- und Speisequalität. Selektiert wurde auf gelbe Fleischfarbe, rundovale bis ovale Formen und geringe Augentiefe bei glatter bis genetzter Schale. Die gezeigten Klone sind vorwiegend feste Kochtypen bei früher bis mittelfrüher Abreife. Sie dienen als Rückkreuzungseltern und werden neben ökologischen Testanbauten (z.B. 131031/01 im Bioland-Demoanbau 2018) auch in konventionellen Stammesprüfungen weiter evaluiert.

Damit dieses und weiteres vielversprechendes Zuchtmaterial in der breiten landwirtschaftlichen Praxis getestet werden kann, sollten alle im Projekt beteiligten Akteure ihre Möglichkeiten ausschöpfen, die Klone zu vermehren, erhalten und zu Prüfzwecken auf Ökobetriebe zu verteilen.



Abbildung 25: Am Standort UE in 2017 geerntete Knollen der Standardsorten Anuschka (A), Ditta (B), Jelly (C), Princess (D) und der resistenten Sorten Twinner (E) sowie der Zuchtstämme 131076/10 (G), 131031/01 (H), 131020/01 (I) und 11.1084/02 (J).

4.3. Untersuchung von *Phytophthora*-R-Genen

Um mögliche Resistenzquellen für *P.i.* im Zuchtmaterial zu identifizieren, wurden sechs Regionen auf verschiedenen Chromosomen (Chro.) im Kartoffelgenom näher untersucht, die mit *Phytophthora*-Resistenz in Verbindung stehen. Abbildung 26 zeigt eine grafische Übersicht über die relative Lage der untersuchten Genregionen.

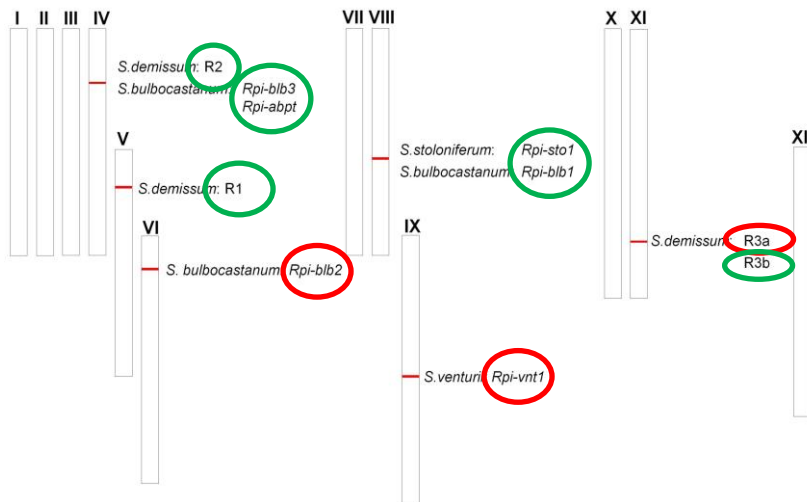


Abbildung 26: Grafische Darstellung der *Phytophthora*-Resistenzloci im Kartoffelgenom. Die römischen Ziffern I-XII bezeichnen die Chromosomen. Grün umrandet sind Regionen, für die geeignete Marker etabliert werden konnten.

In mehr als einem Drittel der Zuchtklone konnten sequenzspezifische Amplifikate für Marker für die aus *S. demissum* beschriebenen Resistenzgenen R1 und R3b detektiert werden. Diese standen jedoch in keinem Zusammenhang mit erhöhten KF-Resistenzwerten und wurden nicht weiter untersucht. Vielversprechender waren Markeranalysen für die aus den Wildarten *S. bulbocastanum* und *S. stoloniferum* abgeleiteten Marker *Rpi-blb3* (Chr. IV), *Rpi-blb1* und *Rpi-sto1* (Chr. VIII). Über spaltende Populationen wurden die Marker-Effekte auf die KF-Resistenz ermittelt.

Für den Aufbau einer spaltenden Nachkommenschaft zur Untersuchung der *Rpi-blb1/Rpi-sto1* Region stand nur ein Resistenzdonor zur Verfügung. Aus der Kreuzung 15925 (Sevim x 04.5230.06) wurden 17 für *Rpi-sto1* positive (+) und fünf negative (-) Klone in LL16 ohne Wiederholung angebaut. Die KF-Befallswerte unterschieden sich von (+) zu (-) mit 5,1 zu 5,8 nicht wesentlich. Da in beiden Gruppen hochanfällige und voll resistente Klone enthalten waren, wurde auf eine weitere differenzierende Untersuchung des Markereffekts verzichtet.

Dagegen wurde das *Rpi-blb3/ABPT* Markerpaar intensiver evaluiert. Vier spaltende Populationen wurden 2014 im Gewächshaus ausgesät und in ND15 als Sämlingsknollen in

Kleinstparzellen zur Bonitur und Vermehrung angebaut. Ausgehend von der Differenzierung der KF-Anfälligkeit wurde die Population 12690 (Soraya x 97.7550.02) mit 55 Individuen weiter geführt. In ND16 zweifach und in UE17 dreifach wiederholte Parzellen zu fünf Pflanzen wurden an vier Terminen bonitiert.

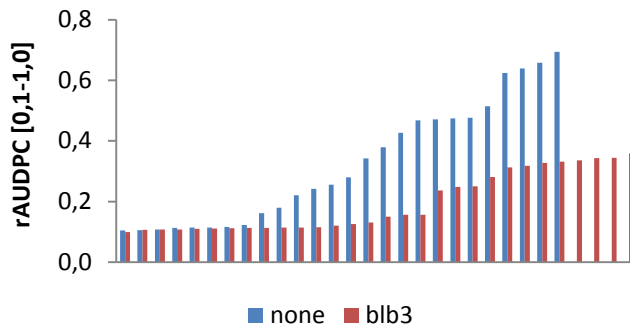


Abbildung 27: Anfälligkeit der Klone innerhalb der für den Marker BLB3 spaltenden Nachkommenschaft der Eltern Soraya x 97.7550.02. Der Befallsgrad ergibt sich aus vier Einzelbonituren an dreifach wiederholten Parzellen im Jahr 2016.

Die Population bestand aus 30 positiven und 25 negativen Klonen gemäß einem 1:1-Spaltungsverhältnis des Markers *Rpi-blb3*. Deren Befallswerte für das Jahr 2016 in

Abbildung 27 zeigen, dass Marker-positive Klone im Mittel signifikant (F-Statistik: 22,61; $Pr > F$: 0,0001) einen geringeren Befall zeigen. Jedoch waren KF-resistente Klone in beiden Markergruppen vorhanden. Dies deutet darauf hin, dass weitere und/oder andere für KF-Resistenz verantwortliche Genregionen in den Kreuzungspartnern vorhanden sein könnten. Aus dem Versuch am Standort UE17 mit deutlich stärkerem KF-Druck als in ND16 führte eine zügige Befallsentwicklung zu keinem statistischen Effekt des Markers *Rpi-blb3* für die Befalls-Intensität.

Aus der Kreuzung 15560 (BalticCream x 04.5214.03) wurden in LL16 16 für *Rpi-blb3*/ABPT Marker-positive („+“) und 19 negative („-“) Klone ohne Wiederholung angebaut. Die Mittel der KF-Endbefallsnoten beider Gruppen unterschieden sich mit $3,0^+$ ($\pm 2,2$) und $3,6^-$ ($\pm 2,1$) nur gering voneinander und befallsfreie wie hochanfällige Klone waren in beiden enthalten.

Ein weiterer Gegenstand der Untersuchung war die Verifizierung der Lage der angewandten Marker BLB3 und ABPT im Kartoffelgenom. Zur Kartierung wurden die auf Chromosom IV liegenden Mikrosatelliten STM0020, STM3010, STG0008 und STI0012 in den Nachkommenschaften 12690 (55 Individuen) und 14788 (110 Individuen) amplifiziert. Die Wahrscheinlichkeit einer Cosegregation der Mikrosatellitenallele mit der *Rpi-blb3* Region wurde im Computerprogramm TetraploidMap 1.0.6 (Hackett, 2007) berechnet. Ein klares Ergebnis einer Cosegregation der *Rpi-blb3* Region mit den auf Chromosom IV gelegenen SSR-Markern STM0020 und STI0012 ergab sich für Population 12690 (Soraya x 97.7550.02). Hier wird die Lage der *Rpi-blb3* Region auf Chromosom IV mit hoher Wahrscheinlichkeit bestätigt.

Da sich beide SSR Regionen in Population 14788 (Bionica x 04.5230.08) nicht amplifizieren ließen, konnte hier über die STG0008 Region, welche ebenfalls in Population 12690 kosegregierte, auf Chromosom IV die Marker *Rpi-blb3* und ABPT lokalisiert werden.

Trotz der Nachweisbemühungen wird abgeraten, den Marker *Rpi-blb3*/ABPT in seiner jetzigen Form für die Selektion in dem Projekt zugrunde liegenden Zuchtmaterial zu nutzen.

4.4. Identifizierung der *Phytophthora*-Pathotypen auf den Versuchsflächen

Wichtig für die KF-Resistenzzüchtung ist eine Auswahl der Zuchtklone gegenüber einem breiten Spektrum an *P.i.*-Pathotypen. Um eine nachhaltige Zuchtauswahl treffen zu können, muss geprüft werden, ob auf den gewählten Flächen eine repräsentative Auswahl an Pathotypen vorhanden ist. DNA-Proben des Erregers wurden mittels SSR-Analysen (Li *et al.* 2013) am James Hutton Institut europaweit untersucht. Die Untersuchungen zeigten, dass die *P. i.*-Infektion auf den Ökostandorten in den Jahren 2013 bis 2017 zu ca. 50 % durch den Stamm EU_13_A2 (blue_13) ausgelöst wurde. Daneben verursachten an den Prüfstandorten bislang unbeschriebene Pathotypen mit verschiedenen Allelmustern KF. Wie in Abbildung 28 zu sehen, konnten bislang durch die Probennahmen und Analysen auf den Prüfstandorten in Bayern, Niedersachsen und Mecklenburg-Vorpommern noch keine der aggressiven *P.i.*-Stämme EU_36_A2, EU_37_A2 und EU_41_A2, die in Großbritannien und den Niederlanden vorherrschen, nachgewiesen werden.

Alle Ergebnisse des Euroblight *Phytophthora* Monitoring sind auf der Internetseite des Netzwerks (<http://euroblight.net/pathogen-characteristics-and-host-resistance/sampling-sites-and-genotype-maps/>) veröffentlicht. Die Kenntnis über das Rassenspektrum wird von den am Projekt beteiligten Ökoberatern zur Einschätzung des regionalen Befallsgeschehens genutzt werden.

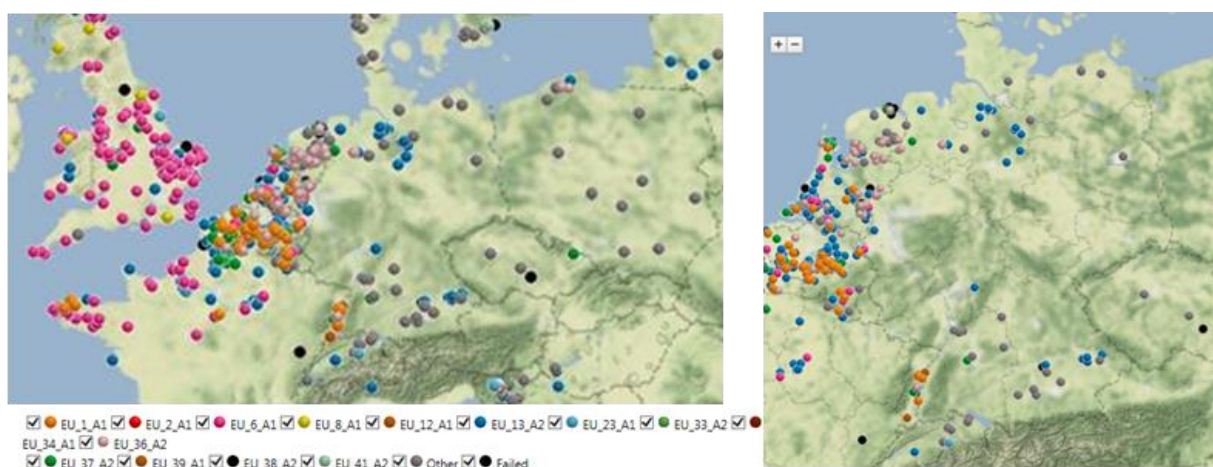


Abbildung 28: Ergebnisse der Genotypenanalysen an *Phytophthora infestans*.
<http://euroblight.net/pathogen-characteristics-and-host-resistance/sampling-sites-and-genotype-maps/>

Quelle:

Anhand der phylogenetischen Untersuchung der eingeschickten Proben wird gezeigt, dass sich vor allem in Nordeuropa eine Weiterentwicklung der *Phytophthora*-Rassen abspielt. Diese sind bislang genetisch klar vom Großteil (Ausnahme je eine Probe aus Baden und Württemberg) der aus Süddeutschland eingesandten, aber im Umfang deutlich geringeren Anzahl der Proben unterscheidbar. Abbildung 29 zeigt die Angehörigkeit der auf den Versuchsflächen vorgefundenen Erreger zum zentralen Knoten des Baumdiagramms. Besonders aggressive, Fungizid-resistente Isolate differenzieren genetisch und befinden sich an den grünen, pinken und rosaroten Spitzen der Astfortsätze.

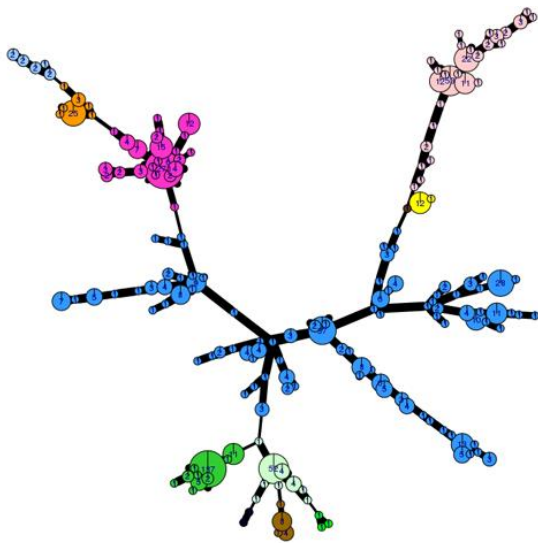


Abbildung 29: *Minimal Spanning Tree* anhand der eingesendeten P.i.-Proben bis 2017. Quelle: <http://euroblight.net/currently/news/nyhed/artikel/pot-ato-blight-tracking-in-europe-2017/>

5. Diskussion der Ergebnisse

Eine Eignung von Kartoffeln für den ökologischen Anbau bedeutet, dass diese sich unter den geänderten Bedingungen empfehlen. Eine geringere Nährstoff-Verfügbarkeit, insbesondere von Stickstoff, jahresbedingt erhöhter KF-Befall sowie teilweise erhöhter Unkrautdruck sind Ursachen, weshalb Sorten ihr volles Ertragspotential nicht ausschöpfen können. Da die Erträge im Ökologischen Anbau im Durchschnitt niedriger liegen als im konventionellen Landbau, resultiert eine relative Überlegenheit von Sorten aus erhöhter Resistenz oder besserer Nährstoffaneignung und Verwertung.

Nur wenige aktuelle Speisesorten, welche ohne KF auf dem höchsten Ertragsniveau rangierten, bildeten auch unter ökologischen Bedingungen trotz eines absoluten Ertragsverlust Erntemengen auf dem Niveau der voll KF-resistenten Zuchtstämme und schöpften ihr Potential weiter aus. Die Kombination von Qualität und Resistenz, wie sie das Zuchtprogramm umsetzte, wird voraussichtlich vorerst nicht zu einer Steigerung der

maximalen Erträge im Ökologischen Anbau führen. Eher kann sie zu deren Stabilisierung beitragen. Selten kommt es im Ökologischen Anbau zum Totalausfall, aber Sorten mit Ökoeignung tragen dazu bei, Verluste in Ertrag und Qualität zu reduzieren.

5.1. Erschließung des Leistungspotenzials genetischer Ressourcen

5.1.1. Wie geeignet ist aktuelles Sortenmaterial für den Ökologischen Anbau?

Ökokartoffelproduktion ist bereits heute mit allen umgesetzten Fortschritten in Sortenentwicklung, Technologie und Anbaukenntnissen bei erfolgreichen Landwirten ökonomisch rentabel. Vordergründliches Hemmnis ist der witterungsbedingt starke Einfluss von KF-Epidemien auf die Ertragssicherheit. Das von der Öko-Lobby meist allgemeine und kulturunspezifisch angeführte Argument des Fehlens von Sorten mit gewünschten Ertrags- und Qualitätseigenschaften (BÖLW, 2018) kann den Erkenntnissen des Projekts nicht vollumfänglich standhalten. Während zum Beispiel Backweizen bei einer Unterernährung mit Stickstoff nicht mehr genug Protein für ausreichende Backeigenschaften bildet, profitiert eine rein bei Stickstoff limitierte Versorgung in Kartoffeln neben der Ertragsreduktion dagegen qualitativ in einer Verbesserung der Speisequalität, Fleischfärbung und Kochdunkelung. Die entlang der Ertragsvarianz besten Speisesorten empfehlen sich daher naturgemäß von selbst. Sie bildeten auch unter starken KF-Befallsbedingungen überdurchschnittliche Relativerträge und verhalfen zu einem Produktionsvorteil bei nicht schlechteren Qualitätseigenschaften als bei konventioneller Produktionsweise. Die Sorten, welche trotz ihres KF-Befalls hohen Ertrag bildeten, wie z.B. Musica, Colomba, Saka1, Agila, BNA9, BNA10, Captiva, Francisca, SF Vario und Salute, zeichneten sich zwangsläufig durch eine gute Ressourceneffizienz (Nährstoffe, Wasser, Licht, Raum, Zeit) aus und sind sowohl im konventionellen wie ökologischen Landbau gefragt. Diese sogenannten Low-Input-Sorten besitzen eine Robustheit, welche sich in einer Simultanität von minimaler Ertragsvarianz und hohem Ertrag über viele Umwelten ausprägt.

Ein fairer Ertragsvergleich war nur zwischen zugelassenen Sorten möglich, da diese den landeskulturellen Wert erfüllen und nicht wie Prebreeding-Stämme von der Einkreuzung genetischer Ressourcen im Ertrag wie der Qualität beeinflusst sind. Es lässt sich nur abschätzen, zu welchen Erträgen neue Biosorten fähig wären, wenn sie die Robustheit der Qualitätssorten mit der durch KF-Resistenz bewirkten Ertragskompensation vereinten. Bei Kompromissbereitschaft ließen sich bereits bestehende Sorten identifizieren, die zwar alle diese Eigenschaften überdurchschnittlich ausprägten, aber in keiner zu den Spitzenreitern gehören. Allerdings wird bei Konzentration des Anbaus auf eine solch geringe Anzahl die pflanzen genetische Vielfalt einschränkt und dies erhöht wiederum die Anfälligkeit für Umweltkrisen. Daher ist die breitere Entwicklung von Biosorten für eine Vielzahl von Verwendungszwecken und Reifegruppen unumgänglich.

5.1.2. Erfolgchancen der Ökokartoffelzüchtung

Ausgeprägte Biosorten sollen, bestenfalls durch die Selektion unter ökologischen Bedingungen, über Low-Input-Eigenschaften verfügen, zudem Resistenz gegenüber hauptverantwortliche Schädlingen besitzen und geforderte Qualitäten einhalten. Das Bindeglied zwischen genetischen Ressourcen und Sorten stellt das Prebreeding dar, welche spezielle positive Eigenschaften möglichst isoliert in neues Material überträgt. Die Nutzbarmachung dieser Merkmale, in unserem Fall besonders der KF-Resistenz als Hauptbestandteil der Tauglichkeit für den Ökologischen Anbau von Kartoffeln, ist jedoch nur dann erfolgreich, wenn am Ende vermarktungsfähige Ware produziert werden kann. Deshalb ist bei der Öko-Kartoffelzüchtung eine erweiterte Kompromissbereitschaft von Nöten, da durch Einkreuzung von Prebreeding Material keine Steigerung der Speisequalitäten stattfindet. Erst zum Schluss einer Zuchtgeneration kann die wissenschaftliche wie ökonomische Fragestellung überprüft werden, ob das neu entwickelte Material aufgrund seiner speziellen Züchtungsvoraussetzungen in der Summe seiner Eigenschaften einen Vorteil gegenüber konventionellen Sorten bringt.

Potentielle Bio-Kartoffelsorten mit gesteigerter KF-Resistenz sollten unter den vorhandenen Selektionsbedingungen eindeutig selektierbar sein. Im Rahmen der partizipativen Züchtung lassen sich die Qualitätsmerkmale neu selektierter Klone zügig innerhalb der ersten Generationen feststellen. Für genaue Ertragsfeststellungen ist der dafür notwendige Aufwand jedoch nicht mehr zu leisten.

Erste grobe Ertragseinschätzungen sind in den kleineren Parzellen und geringeren Wiederholungen möglich. Auch sollten solche Zukunftsstämme auf die Möglichkeit geprüft werden, ob sie neben relativen Ertragsdiskrepanzen zu anderen Sorten auch absolute zum konventionellen Anbau schließen können.

Im Projekt erreichten die Versuche unter KF 74 % des Ertrags ohne KF. Ließen sich mit Biosorten unter ökologischen Bedingungen konventionelle Erträge realisieren, förderte dies eine umfangreichere Produktionsumstellung.

5.2. Weiterentwicklung der Nachhaltigkeitskriterien im ökologischen Landbau durch Ökozüchtung

Der Ökolandbau zeichnet sich durch eine besondere Nachhaltigkeit aus. Er bietet das Potential durch seinen systemischen Ansatz Herausforderungen des Klimawandels leichter zu begegnen und bei höherer Verbreitung sogar Klimaziele zu erreichen (BÖLW, 2018). Ein Einsatz robuster und nährstoffeffizienter Sorten erlaubt eine ressourcenschonende Wirtschaftsweise mit geringerer Auswirkung auf die Umwelt als die konventionelle Landwirtschaft. Weniger externe Betriebsmittel durch geschlossenere Kreisläufe verringern

die Gefahr der Externisierung von (Umwelt-) Kosten und damit einer Reduktion der biologischen Vielfalt.

Innerhalb des Ökolandbaus steht aber neben einigen Dauerkulturen auch der Öko-Kartoffelanbau in einem Punkt in der öffentlichen Kritik: Der bisher erlaubte Pflanzenschutz wendet Kupfer an, welches sich nachteilig auf das Bodenlebewesen auswirken kann. Der Weg zur Reduzierung applizierten Kupfers über die Entwicklung und Anbau von KF-resistenten Kartoffelsorten kann dazu beitragen, dass der Wirkstoffeinsatz soweit reduziert wird, bis er als nicht mehr kritisch einzustufen ist. Dies kommt auch einem möglichen Wirkstoffverbot zuvor, welches in sehr kritischen Jahren mit sehr hohem KF-Aufkommen enorme Einkommenseinbußen zur Folge haben würde.

Bei der Entwicklung für den ökologischen Anbau geeigneter Sorten wird zur Lösung einer weiteren Problematik beigetragen. Über alle Kulturen hinweg werden niedrigere Erträge im Ökologischen Anbau mit einem gegenüber dem konventionellen Landbau mindestens gleich hohen bis höheren Aufwand an Maschinen- und Gerätestunden mit entsprechendem Einsatz fossiler Energieträger erzeugt. Dieser höhere Produktionsmitteleinsatz kann Rechtfertigung in der Schonung anderer Ressourcen finden. Dennoch führt eine Steigerung der ökologischen Erträge durch die Entwicklung geeigneter Sorten zur Entschärfung dieses Kritikpunkts. Eine Effizienzsteigerung ohne nachteilige Effekte auf Mensch und Umwelt geht dabei mit einer Steigerung der Nachhaltigkeit einher.

Beschleunigt der Einsatz genetischer Marker die Züchtung?

Der Umgang mit dem Pathosystem Kartoffel - *Phytophthora infestans* ist durch eine 170 jährige Geschichte geprägt. Obwohl in allen Kulturen ebenso anpassungsfähige wie destruktive Pathogene auftreten, ist die Skepsis einer mit aktuell zu Verfügung stehenden Methoden erfolgreichen Resistenzzüchtung gegenüber KF in Kartoffeln besonders hoch. Lehren aus früheren Züchtungsvorhaben, in denen KF-Resistenz neuer Sorten innerhalb weniger Jahre zusammenbrach, schrecken Züchter von der Anwendung aktuell verfügbarer Resistenzen ab. Nachhaltigkeit ist somit auch im Umgang von den durch das JKI und die GLKS verfügbaren genetischen Ressourcen in Form von Resistenzquellen auszuüben. Jahrzehnte lange Arbeit war nötig, um die noch wirksamen Resistenzfaktoren in moderne Genetik zu übertragen. Einzeln angewendet können deren Effekt und damit deren Wert schnell nacheinander verloren gehen. Möglichst viele unterschiedliche Abwehrmechanismen gleichzeitig in die Kulturkartoffel zu integrieren, ist bislang ohne molekularbiologische Methoden laut STRAHWALD (2011) nicht zu leisten. Daher ist eine Weiterentwicklung der Marker-gestützten Selektion, vor allem für die Ökozüchtung mit ihrem Fokus auf Resistenzzüchtung, eine zwingende und dringende Notwendigkeit.

Die überdurchschnittlich große Genomgröße von *P.i.* im Bereich der Befalls-Loci erleichtert die schnelle Anpassung an monogene Resistenzen. Die im Projekt getätigte Arbeit zeichnet sich vor allem durch die qualitative Verbesserung der neuen Zuchtstämme mit KF-Resistenz aus. Andere als die verwendete Methodik der Kreuzungszüchtung zur Übertragung von Pflanzeigenschaften finden in der konventionellen sowie der ökologischen Pflanzenzüchtung keinen Zuspruch. Daher bleibt nur der aufwändige Weg der Neukombination von Eigenschaften über die klassische Selektion unter der störenden Anwesenheit der wilden Hintergrundgenetik. Die geleistete Arbeit darf nicht dadurch gefährdet werden, dass die bisher entwickelten Klone, im Glauben sie tragen quantitative Resistenz, ohne exakte Prüfung der Resistenzmechanismen breitflächig angebaut und der Gefahr des Resistenzbruchs ausgesetzt werden. Die Aufspaltung von Nachkommenschaften hinsichtlich ihrer KF-Anfälligkeit im ersten Feldanbau gibt Anlass zu einem Zweifel, dass sämtliche eingesetzten Donoren polygene Resistenzfaktoren vererben. Andererseits deuten verschiedene Kreuzungskombinationen auf das Vorhandensein spezieller Kombinationseignung hin, da auch anfällige Kreuzungspartner zu einem erhöhten Auftreten KF-resistenter Nachkommen beitragen. Eine Pyramidisierung von KF-Resistenz ist nur nach Untersuchung jedes einzelnen Kreuzungselters, Isolierung jedes einzelnen Resistenzgens und Nachweis dessen in den Nachkommen möglich. Zukünftige Arbeiten haben sich dieser Arbeit unbedingt zu widmen.

5.3. Ein praxisorientiertes Projekt mit modellhaftem Charakter

Im Projekt erfolgte eine enge Vernetzung von kartoffelanbauenden Biobetrieben, den Verbänden des ökologischen Landbaus Bioland, Naturland und Ökoring Nord mit den deutschen Kartoffelzüchtern der GFPi und den drei am Projekt beteiligten Instituten IPK, JKI und LfL. Dazu gehörte auch die Umsetzung eines partizipativen Züchtungsansatzes, bei dem Ökolandwirte in den Selektionsarbeiten Verantwortung übernehmen.

Die Notwendigkeit einer Züchtung von Sorten für den ökologischen Landbau ist in den vergangenen Jahren hinreichend diskutiert worden (WILBOIS, 2011). Wie wichtig es ist, die ökologische Kartoffelzüchtung auch in Deutschland voranzutreiben, zeigt der große Zuspruch, den das hier beschriebene Projekt von hiesigen Ökolandwirten und Verbänden erhalten hat. Auf Veranstaltungen wurde der Wunsch nach angepassten Sorten deutlich, die neben KF-Resistenz und den notwendigen agronomischen Eigenschaften auch die Qualitätsansprüche des deutschen Verbrauchemarkts erfüllen.

Welche Vorteile bringt eine partizipative Kartoffelzüchtung?

Das im Projekt adaptierte partizipative Züchtungsmodell wird in den Niederlanden im Bereich der Kartoffelzüchtung seit über 100 Jahren erfolgreich praktiziert (ALMEKINDERS *et al.* 2017).

Mehr als 150 sogenannte Bauernzüchter sind hier im staatlich geförderten Projekt Bioimpuls involviert und arbeiten mit den Züchterfirmen zusammen. Partizipative Pflanzenzüchtung ist dann ein Mittel der Wahl, wenn Züchtung für einen speziellen Markt mit wenig Anbauflächen betrieben werden soll (CECCARELLI & GRANDO, 2009; ALMEKINDERS, 2014). Auf diese Weise können Sorten entstehen, die besser auf die jeweiligen Bedürfnisse der Landwirte zugeschnitten sind und nicht erst durch dem konventionellen Ackerbau vorbehaltenen Maßnahmen gute Erträge liefern.

In Deutschland wurde mit Projektbeginn 2012 erstmals ein partizipatives Züchtungskonzept für Kartoffeln umgesetzt. Erfolgreiche Ökozüchtung durch die Etablierung geeigneter Biosorten kann einen Beitrag leisten, die Wertschöpfung gerechter auf die teilnehmenden Akteure zu verteilen und eine Monopolisierung des Saatgutmarktes zu begrenzen. Dies sichert zusätzlich die Einkommen regionaler, bäuerlicher Landwirtschaft. Drei Landwirte wurden für die Selektion der Nachkommen geschult und von den Wissenschaftlern unterstützt. Nach den praktischen Erfahrungen innerhalb des Projekts ergeben sich für eine erfolgreiche Einbindung von Landwirten in Züchtungsprojekte folgende Schritte:

1. Finanzielle Voraussetzungen schaffen: Um Landwirte für ein partizipatives Zuchtprogramm zu gewinnen, kann eine Aufwandsentschädigung Anreize schaffen.
2. Technische Voraussetzungen schaffen: In der Regel sind kartoffelanbauende Betriebe nicht für die Betreuung von Kleinparzellen eingerichtet. Daher muss entsprechende Technik erworben oder zur Verfügung gestellt werden.
3. Ökolandwirte schulen und betreuen: Durch Schulungen können Landwirte auf die Arbeiten vorbereitet werden. Eine zum Teil intensive Betreuung der Landwirte durch Züchter und/oder Wissenschaftler während der Anbausaison ist in den ersten Jahren notwendig, um Zuchtziele und Vorgehensweisen anzupassen.
4. Eigeninteresse: Die Arbeiten im Zuchtgarten sind zeitintensiv und Arbeitsspitzen fallen mit denen im regulären Anbaubetrieb zusammen. Eigeninteresse, Engagement sowie gutes Zeitmanagement des Betriebsleiters sind wichtige Voraussetzung für den Erfolg.

Teil III: Teilbericht des JKI

Zuwendungsempfänger: Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen	Förderkennzeichen: 2810 OE 121
---	--

Das Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, brachte während des Projektzeitraums seine Kernkompetenz hinsichtlich *Phytophthora*-Resistenzzüchtung und -prüfung in das Projekt ein, bei dem in einem partizipativen Ansatz kartoffelanbauende Biobetriebe, deutsche Kartoffelzüchter und Kartoffelforschungsinstitute vernetzt waren. Der Schwerpunkt lag in der Bewertung der quantitativen Kraut- und Knollenfäule-Reaktion der am Standort Groß Lüsewitz untersuchten Prüfglieder sowie in der Evaluierung der besten Nachkommenschaften. Die untersuchten Zuchtstämme und Vergleichssorten wurden parallel in einem Beobachtungsanbau hinsichtlich weiterer agronomischer und qualitativer Eigenschaften wie Ertragsleistung, Wuchsform, Abreifeverhalten, Stärkegehalt, Speise- und Veredlungseignung untersucht.

Neben der Evaluierung der Prüfglieder hinsichtlich der Resistenzeigenschaften wurden zur Erweiterung des Basiszuchtmaterials zahlreiche Kreuzungen durchgeführt. Hierbei wurden die Kreuzungseltern gezielt unter den im Projekt geprüften Sorten- und Zuchtstämmen ausgewählt. Die neuen Kreuzungsnachkommen wurden dann als Einzelpflanzen unter ökologischen Anbaubedingungen von den beteiligten Biobetrieben auf ihre KF-Resistenz und agronomischen Eigenschaften hin selektiert.

Zur Etablierung genetischer Marker für *Phytophthora*-Resistenz wurden chromosomale Resistenzloci mit Hilfe der Diversity Array Technology (DArT) identifiziert. Dadurch soll in Zukunft eine frühzeitige, markergestützte Selektion zur Verkürzung des Zuchtanges ermöglicht werden.

3. Material und Methoden

3.1. Pflanzenmaterial

Alle Prüfglieder der Jahre 2012 bis 2017 wurden in enger Kooperation mit den Projektpartnern ausgewählt und sind mengenmäßig in der Tabelle 13 dargestellt.

Das Testsortiment umfasste neben 102 Sorten und 67 älteren Zuchtstämmen der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) bzw. des Julius Kühn-Instituts insgesamt 166 während des Projekts neu entwickelte Zuchtstämme.

Die Prüfung des Sortiments untergliederte sich während der Projektlaufzeit in zwei Phasen. In Projektphase 1 (2012 bis 2014) wurden aktuelle deutsche und ausländische Sorten sowie Zuchtstämme der LfL und des JKI hinsichtlich ihrer Kraut- und Knollenfäule-Anfälligkeit untersucht. Die im Projektverlauf als gering anfällig eingestuft Sorten und Zuchtstämme wurden anschließend für Kreuzungsprogramme ausgewählt. In der zweiten Phase (2015 bis 2017) wurde die *Phytophthora*-Anfälligkeit der im Projekt neu entwickelten Kreuzungs-Nachkommenschaften unter Feld- und Laborbedingungen geprüft.

Tabelle 13: Anzahl Prüfglieder in den Versuchsjahren 2012 bis 2017

Jahr	Anzahl Prüfglieder
2012	116
2013	144
2014	162
2015	116
2016	116
2017	123
Gesamt	777

3.2. Krautfäuleprüfung im Feld

Zur Bewertung der quantitativen KF-Resistenz wurden in den Jahren 2012 bis 2017 Feldprüfungen durchgeführt. Die Feldversuche wurden als vollständig randomisierte Blockanlagen in 2 Wiederholungen angelegt, wobei eine Parzelle aus einer Reihe mit 5 Pflanzstellen bestand.

Das Prüffeld war mit einem Hanfstreifen ummantelt, welcher als Windschutz und zur Erhaltung eines feuchten Mikroklimas diente. Bei Bedarf wurde in den Abendstunden zusätzlich künstlich beregnet, um günstige Befallsbedingungen sicherzustellen.

Zur Gewährleistung einer möglichst optimalen Bestandesentwicklung wurden Herbizide und Insektizide bedarfsorientiert eingesetzt. Ein Fungizideinsatz erfolgte, im Hinblick auf die Fragestellung des Versuchs, nicht. Anfang Juli, zum Blühende der Sorte ‘Adretta’, erfolgte eine Inokulation, um eine gleichmäßige KF-Infektion des gesamten Versuchs sicherzustellen. Als Inokulum diente ein in Groß Lüsewitz vorkommendes hoch virulentes Pathotypengemisch. Das Inokulum war in den Vorjahren im Feld gesammelt, im Labor auf Kartoffelscheiben erhalten und bei Bedarf vermehrt worden. Das Inokulum wurde zur Charakterisierung der enthaltenen Pathotypen im Feld an einem internationalen Differentialsortiment getestet und repräsentierte Virulenzen gegenüber den Resistenzgenen R1 bis R11 (Tabelle 14). Die Inokulation erfolgte in den Abendstunden durch Aufbringen von jeweils 5 ml einer Sporensuspension ($1,2 \times 10^4$ Sporangien/ml) auf der Blattunterseite des untersten Fiederblatts der jeweils letzten Pflanze einer Parzelle.

Tabelle 14: Internationales Differentialsortiment (nach BLACK, 1953, modifiziert)

R-Gen	Kartoffelsorte/-linie	R-Gen	Kartoffelsorte/-linie
r (keine Resistenz)	Craigs Royal	R6	XD2-21
R1	Craigs Snow White	R7	2182ef(7)
R2	1512(16)	R8	2424a(5)
R3	Pentland Ace	R9	2573(2)
R4	1563c(14)	R10	3681ad(5)
R5	3053-18	R11	5008ab(6)

3.3. Bewertung der Krautfäuleresistenz im Labor

Der Befall der Prüfglieder mit KF wurde ab dem 5. Tag nach der Inokulation (5 dpi) als prozentual befallene Krautfläche erfasst. Je nach Witterungsbedingungen wurde der Befall ein- bis zweimal wöchentlich bis zum Stadium der Gelbreife (80 – 90 % der Blätter vergilbt) der Zuchtstämme bzw. bis zum Erreichen von 100 % befallener Krautfläche erfasst (Abbildung 30). Zur Bewertung quantitativer KF-Resistenz wurde als Maßzahl die Fläche unter der Befallsverlaufskurve (Area Under Disease Progress Curve; AUDPC) berechnet (FRY 1978; COLON et al. 1995). Ein relativer rAUDPC-Wert wurde durch das Verhältnis des AUDPC-Wertes zum höchstmöglichen AUDPC-Wert ($AUDPC_{max}$) ermittelt. Da das Abreifeverhalten der Prüfglieder einen wesentlichen Einfluss auf das Resistenzverhalten hat, erfolgte anschließend eine reifeabhängige Korrektur der KF-Befallswerte (Δ -rAUDPC) auf Grundlage einer linearen Regression der rAUDPC-Werte auf die Abreifebonitur.



Abbildung 30: Krautfäuleresistenzprüfung im Feld

3.3.1. Einzelblatttest

Der Einzelblatttest ist eine weitere Methode zur Ermittlung der KF-Anfälligkeit bzw. der quantitativen Resistenz. Die Probenahme erfolgte in der unbehandelten KF-Feldprüfung, vor dem ersten natürlichen KF-Befall und vor der Inokulation. Der Blatttest wurde an fünf Einzelblättern verschiedener Pflanzen eines Zuchtstammes durchgeführt. Die Inokulation der Blattproben erfolgte in einer Feuchtekammer mit einer *P.i.*-Suspension (ca. 1 µl; $1,4 \times 10^4$ Sporangien/ml) je Blatt auf der Blattunterseite, mit anschließender Inkubation der Blätter für 7 Tage bei 16 °C/95 % RF und 150 Lx.

Die Größe der Nekrosen wurde 7 dpi auf einer 1–9-Skala je Blatt geschätzt, mit Note 1 = „kein Befall erkennbar“ bis Note 9 = „Blattfläche komplett nekrotisiert bzw. vollständig mit Mycel bewachsen“. Außerdem wurde die Mycelbildung auf der Blattunterseite nach gleichem Boniturschema erfasst (Abbildung 31). Das Mittel aus beiden Bonituren diene als Maß für den KF-Befall und beschreibt die Anfälligkeit des geprüften Stammes (Tabelle 15).



Abbildung 31: Einzelblatttest zur Ermittlung der Krautfäuleanfälligkeit

Tabelle 15: Erfassung des Krautfäulebefalls (Einzelblatttest)

Note	Auftreten von Luftmycel	Auftreten von Nekrosen
1	Keine Symptome	Keine Symptome
2	Eindeutige Symptome auf der Blattunterseite	Punktförmige Nekrosen
3	1 % bis 4 %	2 mm bis 4 mm große Nekrosen
4	5 % bis 12 %	5 % bis 12 % der Blattfläche zerstört
5	13 % bis 30 %	13 % bis 30 % der Blattfläche zerstört
6	31 % bis 55 %	31 % bis 55 % der Blattfläche zerstört
7	56 % bis 78 %	56 % bis 78 % der Blattfläche zerstört
8	79 % bis 96 %	79 % bis 96 % der Blattfläche zerstört
9	97 % bis 100 %	97 % bis 100 % der Blattfläche zerstört

3.3.2. Knollentauchtest

Mit dem Knollentauchtest kann der Grad der *Phytophthora*-Anfälligkeit der Knollen als Funktion der Widerstandsfähigkeit der Schale als natürlicher Barriere untersucht werden. Hierzu wurden ganze, unbeschädigte Knollen verwendet. Der Knollentest wurde unmittelbar nach der Ernte durchgeführt.

Für den Test wurden nach Möglichkeit je Prüfglied 15 gleich große, erntefrische und gewaschene Knollen verwendet. Diese wurden in eine Sporangiensuspension (2.000 Sporangien/ml) aus der oben beschriebenen Herkunft getaucht und anschließend für ca. 24 h in Dunkelheit bei 19 °C/100 % RF und anschließend für weitere 14 Tage bei 16 °C/85 % RF in Dunkelheit inkubiert. Die Knollenreaktion wurde für jede Einzelknolle auf einer 1–9-Skala geschätzt (Abbildung 32, Tabelle 16) und hieraus ein mittlerer Boniturwert für das jeweilige Prüfglied berechnet. Knollen ohne Befall wurden ein weiteres Mal nach 14 Tagen bewertet und die Boniturnoten je Stamm wiederum gemittelt. Schließlich wurden beide Mittelwerte zu einem Befallsindex zusammengefasst. Hierbei ging die erste Bonitur mit doppelter Wertung und die zweite Bonitur mit einfacher Wertung in den Index ein (Darsow 2008). Die Versuche fanden in dreifacher Wiederholung statt.



Abbildung 32: Labortest erntefrischer, unverletzter Knollen zur Ermittlung der relativen Knollenfäule-Resistenz

Tabelle 16: Erfassung des Befalls im Knollentauchtest

Note	Auftreten Verbräunung auf der Knollenoberfläche
1	Keine Symptome
2	bis 0,4 % der Fläche
3	0,5 % bis 4 % der Fläche
4	5 % bis 15 % der Fläche
5	16 % bis 37 % der Fläche
6	38 % bis 57 % der Fläche
7	58 % bis 75 % der Fläche
8	76 % bis 93 % der Fläche
9	94 % bis 100 % der Fläche

3.3.3. Scheibentest

Der Scheibentest wird zur Ermittlung des Abwehrvermögens des Knollenmarks durchgeführt. Hierzu wurden 3 Proben mit je 4 Knollen nach der Ernte im Abstand von 2 – 3 Wochen untersucht. Zwei 11 mm dicke Scheiben wurden aus jeder Knolle quer zur Längsachse geschnitten und anschließend in eine schon für den Einzelblatttest beschriebene Feuchtekammer gelegt. Die Inokulation der Scheiben erfolgte zu jedem der Termine mit zwei unterschiedlichen *P.i.*-Konzentrationen (jeweils 1 µl; hohe Konzentration: 15.000 Sporangien/ml und niedrige Konzentration: 1.900 Sporangien/ml).



Abbildung 33: Ermittlung der quantitativen Knollenfäule-Resistenz anhand der Abwehrreaktion des Knollenmarks.

Tabelle 17: Bewertung des Befalls im Scheibentest

Note	Luftmyzel auf der Oberseite	Verbräunung der Scheiben
1	Keine Symptome	Keine Symptome
2	bis 0,1 % der Fläche	4 mm
3	0,2 % bis 5 % der Fläche	12 mm
4	6 % bis 12 % (~9 %) der Fläche	15 % bis 24 % der Fläche
5	13 % bis 40 % (~25 %) der Fläche	25 % bis 44 % der Fläche
6	31 % bis 60 % (~43 %) der Fläche	45 % bis 66 % der Fläche
7	50 % bis 85 % (~62 %) der Fläche	67 % bis 82 % der Fläche
8	76 % bis 93 % (~85 %) der Fläche	83 % bis 96 % der Fläche
9	94 % bis 100 % (~96 %) der Fläche	97 % bis 100 % der Fläche

Die Scheiben wurden am Folgetag gedreht und anschließend für 7 Tage bei 16 °C/95 % RF inkubiert. Als Teilmerkmale wurden die Ausdehnung und Dichte des Luftmyzels sowie die auf der Schnittfläche erkennbare Verbräunung (Flächenanteil) auf einer 1–9-Skala geschätzt (Tabelle 17). Das Luftmyzel wurde an der nicht inokulierten Oberseite bonitiert und nur bei Note 1 wurde auch die Unterseite betrachtet. Bei der Verbräunung wird die Art der Nekrotisierung berücksichtigt (DARSOW, 2008).

3.3.4. Erweiterung der genetischen Diversität der Kulturkartoffel mit dem Schwerpunkt auf quantitativer *Phytophthora*-Resistenz

Zur Verbesserung der Resistenz- und Qualitätseigenschaften des Ausgangsmaterials wurden seit Projektbeginn, parallel zu den Feldversuchen, gezielt Kreuzungen durchgeführt. Als Kreuzungspartner dienten JKI-Prebreedingstämme, die eine sehr geringe *Phytophthora*-Anfälligkeit aufwiesen und Sorten mit guter Speiseeignung sowie weiteren positiven agronomischen und Qualitätseigenschaften, wie früher Reifezeit und/oder Chips- bzw. Pommes-frites-Eignung.

Nach der Samenaussaat wurden die Sämlinge im 2-Blatt-Stadium mit 5.000 Sporangien/ml der oben beschriebenen Suspension besprüht. Sämlinge ohne *P.i.*-Symptome am Blatt und Stängel wurden in Einzeltöpfe gepflanzt und bis zur Reife kultiviert. Die Knöllchen wurden anschließend bezüglich Form, Schalenbeschaffenheit und Augentiefe selektiert. Im darauffolgenden Frühjahr wurden die Knöllchen an die Ökobetriebe zum Anbau als Einzelpflanzen und zur Selektion unter ökologischen Anbaubedingungen abgegeben.

In den Projektjahren 2012 bis 2017 wurden insgesamt 5.086 Einzelpflanzen aus 253 Populationen erzeugt.

3.3.5. Identifikation genetischer Marker für Krautfäuleresistenz

Im Projekt sollten an definierten Sorten sowie an älteren und neu entwickelten Zuchtstämmen molekulare Marker für erhöhte Widerstandsfähigkeit gegen *P.i.* identifiziert werden.

Für die genomweite Assoziationsstudien (GWAS) wurden Blattproben, bestehend aus 2 bis 3 Blättern von insgesamt 265 Sorten und Zuchtstämmen, verwendet. Die Blattproben wurden bis zur DNA-Extraktion bei –80 °C gelagert.

Die GWAS wurden jeweils am Prüfsortiment der Phase 1 und der Phase 2 sowie mit den neu entwickelten Kreuzungskombinationen durchgeführt (Siehe 3.1).

3.3.5.1. DNA-Extraktion und Genotypisierung

Die genomische DNA der Prüfglieder wurde mit Cetyltrimethylammoniumbromid (CTAB) nach STEIN et al. (2001) mit wenigen Anpassungen extrahiert. Die DNA-Konzentration wurde mit einem Infinite 200 Microplate Reader (Tecan, Schweiz) gemessen und anschließend auf 50 bis 100 ng/µl normalisiert. Die DNA-Proben wurden anschließend in Dienstleistung mit der DArT-Array oder DArTseq-Technologie genotypisiert (JACCOUD et al. 2001; KILIAN et al. 2012). Die DArTseq-Analyse ist eine ‘Genotyping-By-Sequencing’ (GBS)-Methode und kombiniert eine DNA-Komplexitätsreduktion mit einer „Next Generation Sequencing“-

Plattform. Die Komplexitätsreduktion ist für jeden Organismus optimiert. Die am besten angepasste Methode bei der Kartoffel bestand aus der Enzymkombination PstI-MseI.

Die DNA-Fragmente wurden danach mittels PCR amplifiziert (KILIAN *et al.* 2012), jedoch mit zwei verschiedenen Adaptern für zwei verschiedene Restriktionsenzym-Überhänge. Anschließend wurden die amplifizierten Produkte nach einer c-Bot (Illumina) Bridge PCR auf einem Illumina HiSeq2500 sequenziert. Die Sequenzen wurden dann in einer FASTQ-Datei gespeichert, in einer Pipeline der DArTSoft14- sowie DarT PL-Software analysiert, aus denen schließlich SilicoDArT (Präsenz/Absenz von Restriktionsfragmenten) und SNP-Marker generiert wurden. Bei der DArT-Array-Methode wurden mit fluoreszenzmarkierte DNA-Proben nach einer Komplexitätsreduktion gescannt und die Hybridisierungssignale in einer SilicoDArT-Matrix erfasst.

3.3.5.2. Phänotypische Analyse für die genomweite Assoziationstudie

3.3.5.2.1. Phase 1: 2012 bis 2014

Für die GWAS mit den phänotypischen Daten der Feldversuche aus den Jahren 2012 bis 2014 (Phase 1) wurden die Standorte Groß Lüsewitz und Uelzen einbezogen. Die zwei Standorte wurden in jedem der drei Jahre als einzelne Umwelten betrachtet. Insgesamt sind somit 6 Umwelten in das Assoziationsmodell eingeflossen. Mit der Methode eines gemischten linearen Modells ist es möglich, die exakte Leistung der Klone unter Beachtung der relativen Verwandtschaftsverhältnisse zu ermitteln. Diese wurde in einem gemischten linearen Modell durch die Kovarianz-Matrix geschätzt, woraus dann die besten linearen unverzerrten Vorhersagen (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP) für jeden Klon ermittelt wurden.

Die BLUPs für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC wurden mit dem folgenden gemischten linearen Modell ermittelt, wobei alle Faktoren als zufällige Effekte in das Modell eingingen:

$$y_{ijk} = \mu + G_i + E_j + GE_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

y_{ijk} : Beobachtung eines Merkmals in der j-ten Umwelt und der k-ten Wiederholung

G_i : i-ter Klon

E_j : Umwelt j für die Jahre 2012, 2013 und 2014

GE_{ij} : Klon i x Umwelt j Interaktion

ε_{ijk} : Restfehler

3.3.5.2.2. Phase 2: 2015 bis 2017

Für die Assoziationsanalyse der Feldversuche in den Jahren 2015 bis 2017 wurden vom Standort Groß Lüsewitz adjustierte Mittelwerte (Least Square Means, LSMeans) für jeden Klon verwendet. Für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC wurden zur Berechnung der LS-Means die Jahre als einzelne Umwelten betrachtet und der Klon G_i als fixer Effekt in dem folgenden Modell modelliert:

$$y_{ijk} = \mu + G_i + E_j + GE_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

- y_{ijk} : Beobachtung eines Merkmals in der j-ten Umwelt und der k-ten Wiederholung
 G_i : i-ter Klon
 E_j : Umwelt j für die Jahre 2015, 2016 und 2017
 GE_{ij} : Klon i x Umwelt j Interaktion
 ε_{ijk} : Restfehler

3.3.5.3. Genomweite Assoziationsstudie

Die GWAS für die Feldversuche in den Jahren 2012 bis 2014 wurde mit dem Programm TASSEL 4.0 durchgeführt (<http://www.maizegenetics.net/tassel>). Für die Feldversuche in den Jahren 2015 bis 2017 wurde das aktuellere R-Paket “GWASpoly” verwendet, das für einen tetraploiden Organismus konzipiert wurde (ROSYARA et al. 2016)

Unter Verwendung von SilicoDARTs der DarT-Array-Marker wurde eine Inzidenz-Matrix (Q-Matrix) mit dem Programm STRUCTURE 2.3.4 (PRITCHARD et al. 2000) ermittelt. Die Q-Matrix adjustiert den Einfluss einer Populationsstruktur auf die Einzelmarker-Merkmal-Assoziationen. Für die Versuchsglieder der Phase 1 wurde eine Q-Matrix mit 3 Subpopulationen ermittelt. Die Adjustierung für die genetische Ähnlichkeit zwischen den Individuen wurde durch eine Verwandtschaftsmatrix (K-Matrix) im Assoziationsmodell berücksichtigt. Die Berechnung dieser genetischen Distanzmatrix wurde jeweils im Programm TASSEL sowie im Paket “GWASpoly” durchgeführt.

In der Assoziationsanalyse wird unter Berücksichtigung der Q- sowie K-Matrix in einem gemischten linearen Modell für jeden Marker ein F-Test durchgeführt, der die Hypothese überprüft, ob der Markereffekt einen signifikanten Einfluss ($\alpha = 0,05$) auf das Merkmal rAUDPC oder Δ -rAUDPC hat.

4. Aufzählung der wichtigsten wissenschaftlich-technischen und weiterer projektrelevanter Ergebnisse am JKI

Zur Prüfung der quantitativen KF-Resistenz wurden in den ersten Versuchsjahren (Phase 1, 2012 bis 2014) insgesamt 178 ausgewählte deutsche und ausländische Sorten und Zuchtstämme unter Befallsbedingungen im Feldversuch geprüft. Von 99 Prüfgliedern liegen Daten aus diesen drei Projektjahren balanciert vor. Im Jahr 2014 wurden zudem erstmals auch 19 neu entwickelte Kreuzungsnachkommenschaften gemeinsam mit dem Standardprüfsortiment untersucht.

Das Versuchsjahr 2013 wies insgesamt geringere Niederschläge und längere Trockenperioden nach der Inokulation auf, was sich im Gegensatz zu den Jahren 2012 und 2014 in niedrigeren rAUDPC- bzw. Δ -rAUDPC-Werten für alle Prüfglieder widerspiegelte.

In der Abbildung 34 sind die dreijährigen Mittelwerte aller 178 geprüften Sorten und Zuchtstämme für das Merkmal Δ -rAUDPC dargestellt.

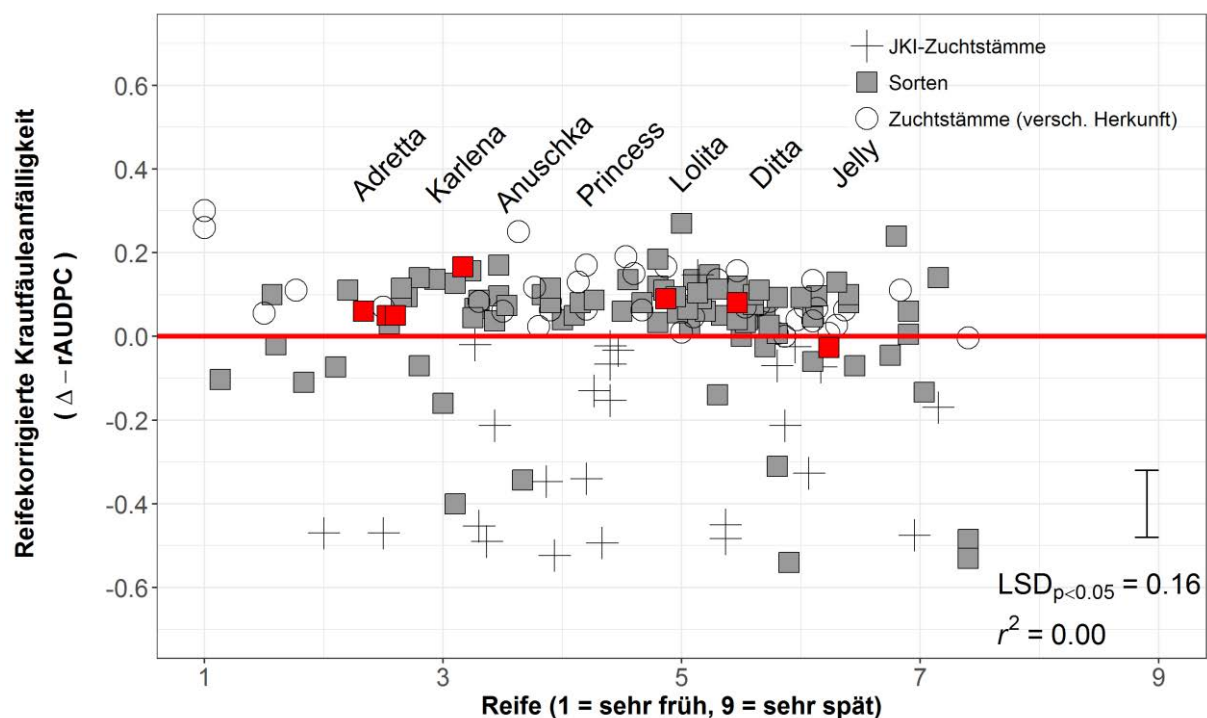


Abbildung 34: Δ -rAUDPC-Werte aus der Feldprüfung Groß Lüsewitz im Mittel der Jahre 2012 bis 2014. Standardsorten sind rot hervorgehoben.

Zwischen den Prüfgliedern waren signifikante Unterschiede in der Anfälligkeit ($\text{LSD}_{5\%} = 16\%$) nachweisbar. Für den Großteil der Prüfglieder wurden Δ -rAUDPC-Werte im mittleren Bereich ermittelt. Der überwiegende Teil der JKI-Zuchtstämme liegt allerdings unterhalb der Nulllinie, was deren geringe reifebereinigte KF-Anfälligkeit widerspiegelt. Eine Varianzanalyse nach dem Modell "Additive Main Effects and Multiplicative Interaction" (AMMI) ergab für den Faktor Genotyp einen signifikanten Einfluss auf die rAUDPC- und Δ -rAUDPC-Werte bei $\alpha = 0,05$.

In der Tabelle 18 sind für 30 geprüfte Sorten und Zuchtstämme die Ergebnisse der Feldprüfungen und Labortests zusammengefasst. Der überwiegende Teil der älteren JKI-Zuchtstämme hatte im Feldtest einen geringeren Befall durch *P.i.* (rAUDPC) als die meisten Sorten. Die JKI-Zuchtstämme GL-04.1465.03, GL-04.5233.03, GL-03.5129.06, GL-04.5230.06, GL-02.5015.06, GL-04.5170.02 und GL-94.7243.03 erwiesen sich als sehr gering anfällig, ebenso die Sorten Toluca und Saka_6. Die betreffenden JKI-Zuchtstämme waren im Mittel der drei Jahre der frühen bis mittelfrühen Reifegruppe zuzuordnen. Eine einfaktorielle Varianzanalyse ergab sowohl für den Knollentauch- als auch für den Scheibentest signifikante Unterschiede zwischen den Prüfgliedern bei $\alpha = 0,05$. Die getesteten Sorten und Zuchtstämme reagierten zum größten Teil anfällig, außer den JKI-Zuchtstämmen GL-03.5129.06, GL-04.5230.06 und GL-05.1435.03, die ebenso wie im Feldversuch und im Einzelblatttest sehr geringe Knollenfäule-Reaktionen aufwiesen. Die geprüften Sorten zeigten dagegen besonders im Scheibentest eine hohe Anfälligkeit.

Tabelle 18: *Phytophthora*-Befall von ausgewählten Sorten und Zuchtstämmen im Mittel der Versuchsjahre 2012 bis 2014

Stamm- bezeichnung	Reife ^a	Feldtest		Labortest		
		rAUDPC (%)	Δ -rAUDPC (%)	Einzel- blatttest ^b	Knollen- tauchtest ^c	Scheiben- test ^d
GL-04.1465.03	2,5	0	-0,47	1,1	4,9	3,1
GL-04.5233.03	2,0	0	-0,47	1,0	2,3	3,3
GL-03.5129.06	3,9	1	-0,53	1,1	1,0	3,3
GL-04.5230.06	3,4	5	-0,49	1,0	1,7	2,5
GL-02.5015.06	5,4	7	-0,45	2,0	2,4	4,1
GL-04.5170.02	7,0	7	-0,47	1,4	2,6	3,5
GL-94.7243.03	3,3	9	-0,46	2,3	3,8	5,8

Stamm- bezeichnung	Reife ^a	Feldtest		Labortest		
		rAUDPC (%)	Δ -rAUDPC (%)	Einzel- blatttest ^b	Knollen- tauchtest ^c	Scheiben- test ^d
GL-05.1435.03	4,2	19	-0,34	1,1	1,1	2,5
GL-98.7826.02	5,9	30	-0,21	2,6	3,8	3,7
GL-98.7745.04	5,8	44	-0,07	2,9	4,5	3,9
GL-94.7082.15	4,5	49	-0,04	3,4	4,3	5,1
GL-05.8090.03	3,3	52	-0,02	4,8	5,5	4,8
Toluca	3,1	0	-0,40	2,0	3,1	3,8
Saka_6	5,8	24	-0,31	2,1	2,9	4,9
Bionica	2,1	47	-0,07	3,3	3,9	4,4
Jelly	5,2	48	-0,03	3,5	2,4	6,0
BNA14	5,5	55	0,04	2,9	4,0	5,4
Saka_5	6,1	56	0,05	3,9	5,2	5,5
Ditta	4,5	59	0,08	3,2	2,3	4,7
Anuschka	1,7	60	0,05	3,7	3,0	5,7
Karlana	2,9	60	0,05	4,6	3,7	5,6
BNA3	3,3	61	0,07	3,8	4,3	5,8
Lolita	4,4	61	0,09	4,2	2,4	5,7
Adretta	2,7	68	0,08	4,9	4,3	5,7
Princess	2,6	71	0,17	5,5	2,7	6,3
06201/9	5,1	56	0,04	3,2	3,9	5,9
FH423/19-1	6,4	57	0,06	3,5	5,4	3,3
F_9179	4,7	59	0,06	3,4	4,4	5,5
06295/11	6,8	62	0,11	3,5	4,9	5,0
4427-3	3,6	78	0,25	4,9	3,9	5,4
LSD _{5%}		8	0,05	1,2	1,1	0,3

^a Reife 1 = sehr früh, 9 = spät; ^b Bonitur 1 = kein Befall, 9 = Blattfläche vollständig nekrotisiert, mit Mycel bedeckt; ^{c,d} Index 1 = kein Befall, 9 = 100% Zerfall des Knollengewebes bzw. Verbräunung der Scheiben, mit Mycel bedeckt

Die Verteilung der dreijährigen Ergebnisse für die balanciert vorliegenden 99 Prüfglieder aus dem Feldanbau und den Biotests sowie die Korrelationen zwischen Feldanbau, Blatt-, Scheiben- und Knollentauchtest sind der Abbildung 35 zu entnehmen.

Die Korrelationskoeffizienten zeigen zwischen den einzelnen Prüfungen signifikante Beziehungen im mittleren Bereich. Die Reife hatte einen signifikanten Einfluss auf die rAUDPC-Werte. Die Prüfglieder konnten somit nicht reifeunabhängig betrachtet werden.

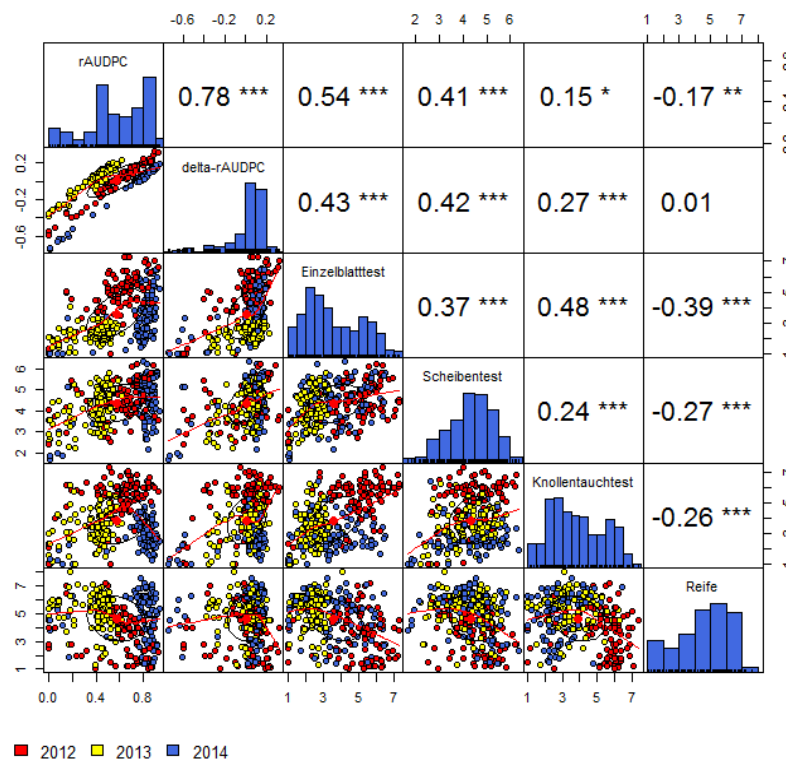


Abbildung 35: Bivariater Scatterplot (unteres Panel), Verteilung (Diagonale) und Korrelation der ermittelten Merkmale von 99 Klonen aus Feldprüfung, Blatttest, Scheibentest und Knollentauchtest, zusammengefasst für 2012, 2013 und 2014

In den Versuchsjahren 2015 bis 2017 (Phase 2) wurden am Standort Groß Lüsewitz insgesamt 195 ausgewählte Klone unter Befallsbedingungen in Feldprüfungen untersucht. Neben 147 neu entwickelten B- bis E-Klonen und insgesamt 25 Sorten befanden sich im Testsortiment als Vergleichsvarianten die älteren JKI-Zuchtstämme, die bereits im Zeitraum 2012 bis 2014 geprüft worden waren.

Wie in den Jahren 2012 bis 2014 waren zwischen den Prüfgliedern signifikante Unterschiede in der Anfälligkeit ($LSD_{5\%} = 15\%$) nachweisbar. Ein großer Teil der Neukombinationen und der JKI-Zuchtstämme zeigten im Vergleich zum vorhanden Sortenmaterial eine geringere Krautfäuleanfälligkeit (Abbildung 36). Für 42 neu entwickelte Zuchtstämme ergab sich im Mittel eine geringe relative Krautfäuleanfälligkeit (rAUDPC) unter 20 % bei früher bis mittelfrüher Abreife.

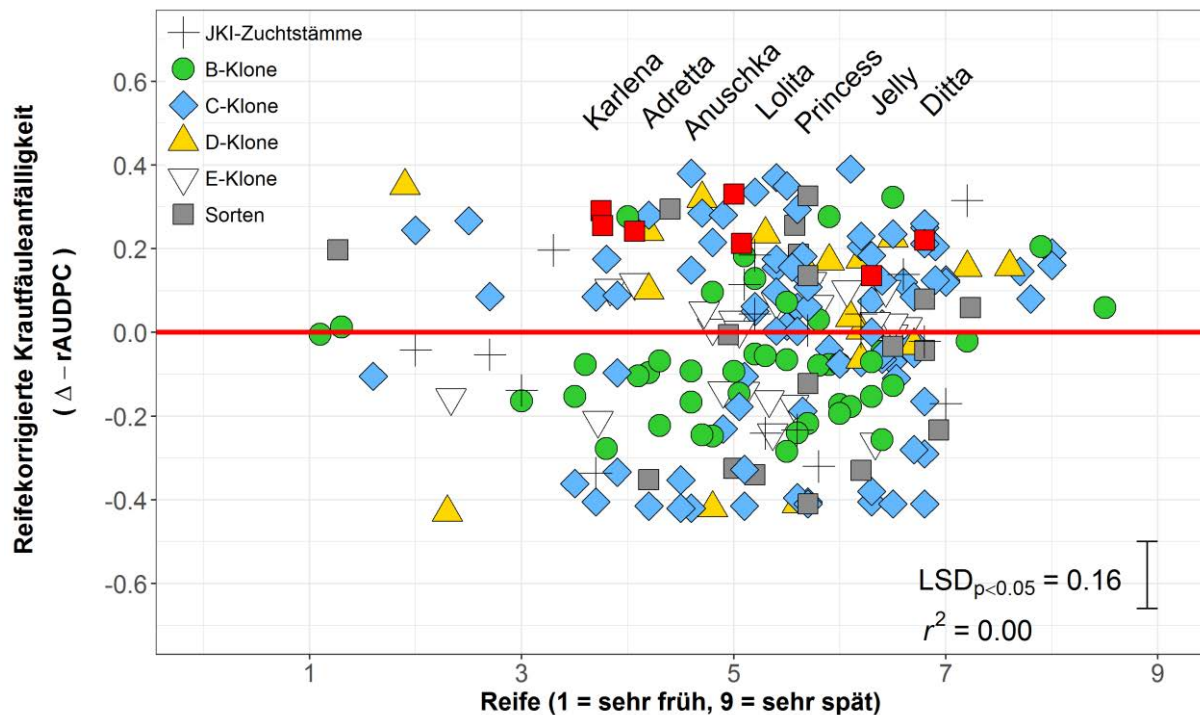


Abbildung 36: Δ -rAUDPC-Werte aus der Feldprüfung Groß Lüsewitz im Mittel der Jahre 2015 bis 2017. Der Entwicklungsstand der B- bis E-Klone bezieht sich auf das Jahr 2017. Standardsorten sind rot hervorgehoben.

Die Ergebnisse für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC konnten in den Jahren 2015 bis 2017 für die älteren JKI-Zuchtstämme und Vergleichssorten bestätigt werden. Die Reife-einstufung aller Prüfglieder variierte im Mittel über die drei Jahre in einem Bereich zwischen 1,3 und 8,0 auf einer Boniturskala von 1 (sehr früh) bis 9 (sehr spät).

Für 30 geprüfte Sorten, Zuchtstämme und Neukombinationen sind die Ergebnisse der Feldprüfungen und Labortests in Tabelle 19 zusammengefasst.

Tabelle 19: *Phytophthora*-Befall von ausgewählten Sorten und Zuchtstämmen in den Versuchsjahren 2015 bis 2017, unterteilt nach den Zuchtstufen C-, D-, E-Klon, den älteren JKI-Zuchtstämmen sowie ausgewählten Sorten (Entwicklungsstand 2017).

Stamm- bezeichnung	Reife ^a	Feldtest		Labortest		
		rAUDPC (%)	Δ -rAUDPC (%)	Einzel- blatttest ^b	Knollen- tauchttest ^c	Scheiben- test ^d
131051/3	5,4	2	-0,19	2,95	1,20	6,17
13.1012/1	5,8	11	-0,22	1,10	1,70	2,75
13414/7	6,4	18	-0,13	1,00	1,20	4,88
13.1003/1	5,9	22	0,01	2,23	1,00	3,00
13557/1	6,4	25	0,06	3,88	4,30	7,85
12797/9	5,5	0	-0,38	2,20	1,00	2,71
12.1022/15	6,3	1	-0,34	1,57	2,10	2,56
12.1008/4	4,3	1	-0,39	3,68	2,10	3,44
12.1022/3	4,1	2	-0,38	1,15	2,10	2,42
12.1060/2	3,7	3	-0,41	1,13	2,30	3,12
12741/1	6,6	11	-0,15	2,87	4,45	6,36
12690/7	6,5	12	-0,18	2,93	6,65	6,69
12.1001/2	5,2	46	0,34	5,27	5,40	5,89
11.1024/2	4,3	0	-0,25	1,25	1,30	2,29
11.1025/3	5,6	1	-0,41	1,18	1,00	1,88
GL-04.5170.02	6,3	0	-0,26	1,53	3,30	3,96
GL-03.5129.06	5,3	3	-0,24	1,35	1,00	2,11
GL-04.5230.06	3,9	7	-0,23	1,32	1,55	3,00
GL-02.5015.06	5,6	11	-0,17	3,07	2,50	4,86
GL-98.7745.04	6,5	29	0,02	3,88	5,00	5,64
GL-05.8090.03	4,1	42	0,11	4,57	5,55	5,02
Sarpo Mira	6,8	2	-0,23	2,32	4,15	6,54
Bionica	6,2	8	-0,33	3,35	5,40	6,12
Toluca	5,0	10	-0,33	3,10	6,00	3,75
Jelly	6,3	40	0,14	3,42	5,10	7,27
Anuschka	4,1	53	0,24	4,52	4,70	7,48
Princess	5,6	54	0,26	5,95	4,10	7,63
Ditta	6,8	63	0,22	3,00	5,00	5,44
Adretta	3,6	63	0,32	4,51	5,61	5,75
Lolita	5,0	75	0,33	5,40	5,00	6,06
LSD _{5%}		15	0,08	1,0	0,2	0,3

^a Reife 1 = sehr früh, 9 = spät; ^b Bonitur 1 = kein Befall, 9 = Blattfläche vollständig nekrotisiert, mit Mycel bedeckt; ^{c,d} Index 1 = kein Befall, 9 = 100% Zerfall des Knollengewebes bzw. Verbräunung der Scheiben, mit Mycel bedeckt

Besonders hervorzuheben sind die Stämme 12797/9 und 131051/3, die im Vergleich zu den Sorten eine geringe Anfälligkeit im Feldversuch, Einzelblatttest und Knollentauchtest aufwiesen. Zwar erreichten auch weitere Stämme (z. B. 11.1024/2, 12.1022/15) dieses Niveau in den Feld- und Laborprüfungen; diese zeigten aber Defizite bzgl. Virusresistenz und anderer agronomischer Eigenschaften. Die JKI-Zuchtstämme GL-03.5129.06, GL-04.5170.02, GL-04.5230.06 erwiesen sich wiederum als sehr gering anfällig, ebenso wie die Sorten Sarpo Mira, Bionica und Toluca.

In der Tabelle 20 sind die Korrelationskoeffizienten zwischen den rAUDPC- und Δ -rAUDPC-Werten, dem Einzelblatttest, dem Knollentauchtest und dem Scheibentest für die Jahre 2015 bis 2017 zusammengefasst. Aus dieser Tabelle ist ersichtlich, dass im Mittel über die Jahre die Variablen „Reife“ und „KF-Befall (rAUDPC)“ nicht korreliert waren. Quantitative *Phytophthora*-Resistenz und späte Abreife zeigen gewöhnlicherweise eine hohe negative Korrelation (Darsow 2008). Bedingt durch hohe Temperaturen und geringe Niederschläge über einen längeren Zeitraum konnte insbesondere im Versuchsjahr 2016 eine ausgeprägte Differenzierung in den Merkmalen rAUDPC und Reife nicht beobachtet werden. Die Reifekorrektur wird zudem anhand der Einzeljahreskorrelation durchgeführt, wie sie im Versuchsjahr 2017 notwendig war. Keine statistisch abgesicherte Korrelation gab es zur Bonitur des Einzelblatttests sowie der Knollenfäule- und Knollenmarkanfälligkeit. Diese Merkmale können somit reifeunabhängig betrachtet werden. Die Korrelationskoeffizienten zwischen den Feldprüfungen und den einzelnen Labortests sowie zwischen Kraut- und Knollenfäule-Anfälligkeit sind größer als in den Jahren 2012 bis 2014, bewegen sich aber wieder im mittleren Bereich.

Tabelle 20: Korrelationskoeffizienten zwischen Reife, rAUDPC-Werten, Δ -rAUDPC-Werten, Einzelblatttest, Knollentauchtest und dem Scheibentest im Mittel der Jahre 2015 bis 2017.

	Reife	rAUDPC	Δ -rAUDPC	Blatttest	Knollen- tauchtest
rAUDPC	-0,07				
Δ-rAUDPC	0,00	0,90***			
Blatttest	-0,03	0,65***	0,71***		
Knollen- tauchtest	0,07	0,61***	0,57***	0,53***	
Scheiben- test	-0,05	0,55***	0,60***	0,66***	0,58***

4.1. Genomweite Assoziationsstudie

Die GWAS wurde zur Identifikation von genomischen Regionen durchgeführt, die in quantitative KF-Resistenzmechanismen involviert sind.

Das Ziel der GWAS ist es, eine Korrelation zwischen dem Phänotyp eines bestimmten Merkmals und verschiedenen genetischen Varianten in den Prüfgliedern zu bestimmen. In das Assoziationsmodell gingen die adjustierten Mittelwerte über die Jahre 2012 bis 2014 bzw. 2015 bis 2017 ein.

4.1.1 Phase 1: 2012 bis 2014

Zur Berechnung von adjustierten Mittelwerten der einzelnen Klone wurden neben den Faktoren Umwelt E_j und Genotyp x Umwelt-Interaktion die Genotypen als zufälliger Effekt modelliert. Zur Generierung phänotypischer Daten für die Assoziationsstudie wurden die besten linearen unverzerrten Vorhersagen (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP) geschätzt. In der Tabelle sind phänotypische Kennzahlen für die Prüfglieder dargestellt.

Tabelle 21: Intervall der besten linearen Vorhersagen (BLUP) über alle Umwelten, genotypische und Restfehlervarianz sowie die Heritabilität der untersuchten Prüfglieder in den Jahren 2012 bis 2014.

Parameter	rAUDPC	Δ -rAUDPC
BLUP	-0,4 – 0,18	-0,62 – 0,23
σ_g^2	0,026	0,033
σ_e^2	0,004	0,004
h^2	0,73	0,92

Die Sorten und Zuchtstämme der Jahre 2012 bis 2014 wurde mit der DArT-Array-Technologie analysiert. Insgesamt 3.104 DArT-Array-Marker wurden für die Assoziationsanalyse verwendet. Von diesen polymorphen Markern wurden jedoch nur 2.907 DArT-Array Marker genutzt, die eine Minor Allele Frequenz (MAF) größer als 5 % besaßen. Die Ergebnisse der GWAS sind für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC in Abbildung 37 und Tabelle 22 dargestellt. Insgesamt konnten 25 bzw. 62 signifikante Marker ($p < 0,01$) für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC identifiziert werden.

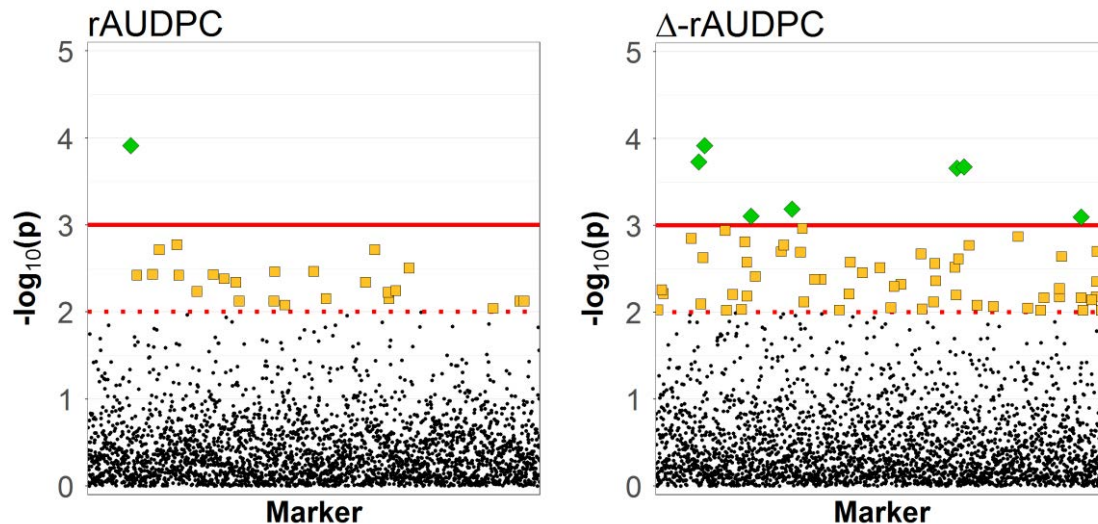


Abbildung 37: Einzelmarker-Merkmal-Assoziationen für die Merkmale *rAUDPC* und Δ -*rAUDPC* ausgehend von einem gemischten linearen Modell. Marker befinden sich auf der X-Achse. Signifikante Grenzwerte für $p=0,001$ (—) und $p=0,01$ (---) sind mit eingezeichnet.

Tabelle 22: Signifikante Einzelmarker-Merkmal-Assoziationen für *rAUDPC* und Δ -*rAUDPC* bei einem Signifikanzniveau von $p < 0,01$.

Merkmal	Anzahl an genomischen Regionen assoziiert mit dem Merkmal auf den 12 Kartoffelchromosomen													
	Chromosom	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	NK ¹
<i>rAUDPC</i>		2	1	1	1	1	1	1	1	2	5	1	1	11
Δ - <i>rAUDPC</i>		10	2		1	13	4	3	2	3	3	2	2	17
	Gesamt													

¹ NK = Nicht kartierte Marker: Chromosomen und Positionen sind nicht bekannt

Auf einem Signifikanzniveau von $p < 0,001$ konnten ein Marker für *rAUDPC* und sieben Marker für Δ -*rAUDPC* ermittelt werden (Tabelle 23). Sorten und Zuchtstämme, die mit dem Marker '457295' hybridisierten, wiesen hohe Werte für die Merkmale *rAUDPC* und Δ -*rAUDPC* und damit eine hohe Anfälligkeit gegen KF auf. Gleiches wurde bei Δ -*rAUDPC* für die Marker mit den Identifikationsnummern '458590' (Chromosom 2), '473852' (Chromosom 12) und '650366' (Chromosom 1) beobachtet. Die bisher nicht kartierten Marker '471665' sowie der Marker '650780' auf Chromosom 10 waren mit einer geringeren reifekorrigierten KF-Resistenz assoziiert, während bei Abwesenheit der ClonIDs '457705' (Chromosom 10) sowie '656856' (Chromosom 1) die Prüfglieder einen niedrigen Δ -*rAUDPC*-Wert aufwiesen.

Tabelle 23: Signifikante Quantitative Trait Loci (QTL) aus der Assoziationsstudie der Jahre 2012 bis 2014 für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC.

Merkmal	Grenzwert ¹	CloneID/ Marker	Chr ²	Pos (bp)	R ²	Allele ³	Effekt	$-\log_{10}(p)$
rAUDPC	3,00	457295	NA	NA	0,21	1:1	0,20	3,91
Δ -rAUDPC	3,00	650366	1	38.267.709	0,20	1:1	0,02	3,66
Δ -rAUDPC	3,00	457295	NA	NA	0,20	1:1	0,19	3,72
Δ -rAUDPC	3,00	656856	1	1.345.016	0,16	0:0	-0,04	3,10
Δ -rAUDPC	3,00	458590	2	23.551.313	0,31	1:1	0,02	5,47
Δ -rAUDPC	3,00	473852	12	64.315.479	0,17	1:1	0,10	3,19
Δ -rAUDPC	3,00	457705	10	15.080.068	0,21	0:0	-0,11	3,92
Δ -rAUDPC	3,00	650780	10	41.393.886	0,19	1:1	-0,01	3,67
Δ -rAUDPC	3,00	471665	NA	NA	0,16	1:1	-0,09	3,11

¹Signifikanter Grenzwert der Assoziation bei $-\log_{10}(p)$; ²Nicht annotierte Marker wurden mit Chromosomen NA und Position NA angegeben; ³Allele-Kombination mit dem größten Effekt angegeben. 1:1: CloneID ist anwesend, 0:0: CloneID ist nicht anwesend

4.1.2. Phase 2: 2015 bis 2017

Zur Berechnung der adjustierten Mittelwerte der einzelnen Klone wurden auch in Phase 2 die Faktoren Umwelt E_j und Genotyp x Umwelt-Interaktion als zufällige Effekte modelliert. Zur Generierung der phänotypischen Daten für die Assoziationsstudie wurden Least Square Means (LSMeans) berechnet, um das Ungleichgewicht in der Anzahl an Feldprüfungen je Prüfglied auszugleichen. Die phänotypischen Kennzahlen für die Jahre 2015 bis 2017 sind in Tabelle 24 dargestellt.

Für die Assoziationsanalyse wurden 27.710 polymorphe DArT-Marker verwendet, die eine Minor-Allelfrequenz größer als 5 % und einen Anteil an doppelten Nullallelen von weniger als 20 % besaßen. Eine Imputation mit der K-Nearest Neighbors Methode ersetzte fehlende Markerdaten durch die SNP-Information in unmittelbarer Nähe auf dem jeweiligen Chromosom. Die Einzelmarker-Merkmal-Assoziationen für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC sind in der Abbildung 38 zusammengefasst.

Tabelle 24: Intervall der Least Square Means über alle Umwelten, genotypische und Restfehlervarianz sowie die Heritabilität der untersuchten Prüfglieder in den Jahren 2015 bis 2017

Parameter	rAUDPC	Δ -rAUDPC
LSMeans	-0,09 – 0,71	-0,38 – 0,41
σ^2_g	0,021	0,027
σ^2_e	0,008	0,008
h^2	0,74	0,80

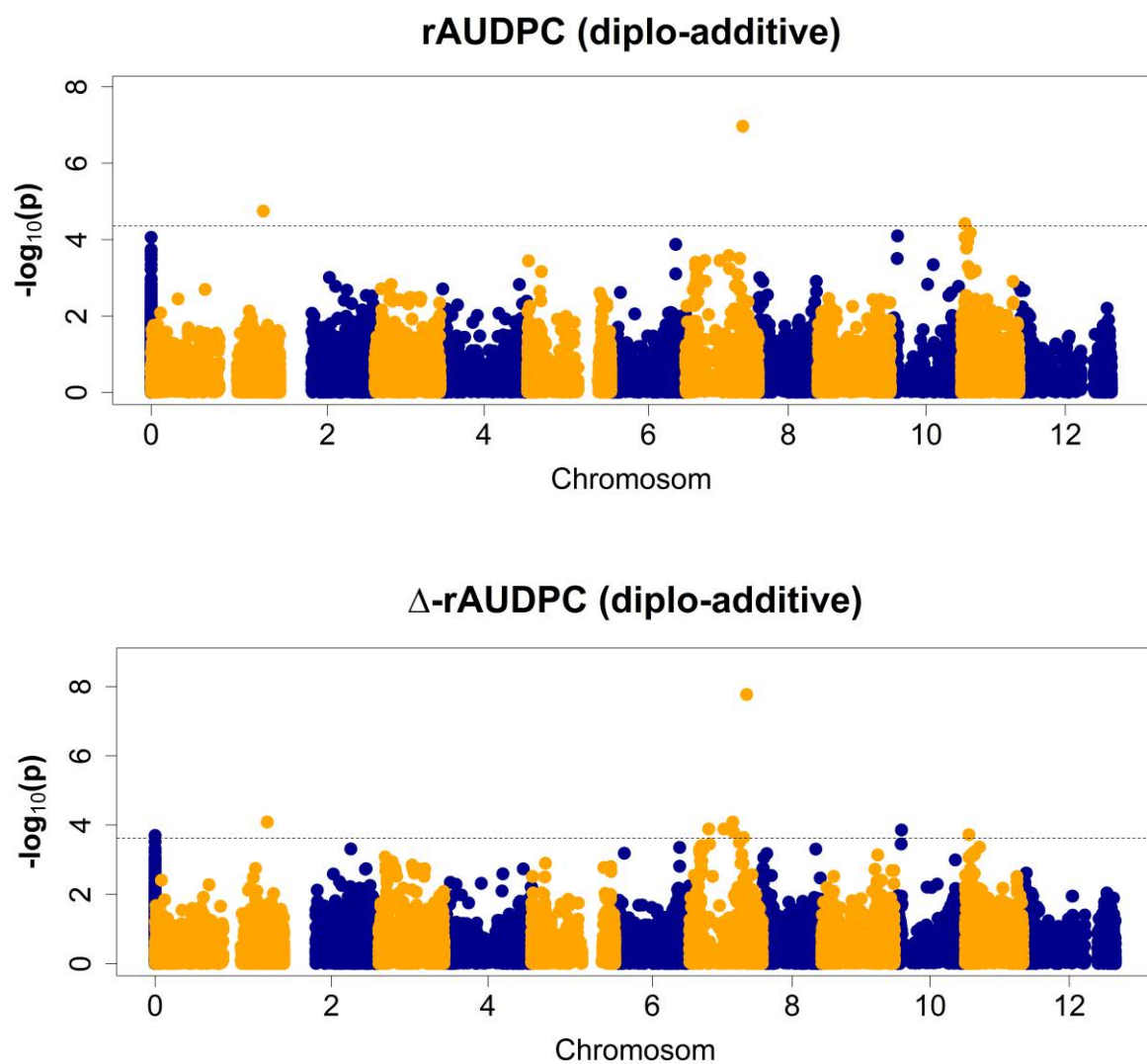


Abbildung 38: Einzelmarker-Merkmal-Assoziationen für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC des Prüfsortiments aus den Jahren 2015 bis 2017. Die Signifikanz-Grenzwerte wurden für ein multiples Testen durch die Kontrolle der FDR von 5 % (False Discovery Rate; BENJAMINI & HOCHBERG, 1995) gesetzt.

Die Assoziationsanalyse wurde mit der Modelloption 'diplo-additive' im R-Paket 'GWASpoly' durchgeführt. In diesem Modell sind die SNP-Effekte proportional zur Dosis des zweiten Allels, wobei alle drei heterozygoten Klassen mit exakt dem halben Effekt zwischen den beiden Homozygoten modelliert werden. Insgesamt drei Polymorphismen waren mit dem Merkmal rAUDPC und 10 Polymorphismen auf das Merkmal reifekorrigierte KF-Resistenz (Δ -rAUDPC) assoziiert (Tabelle 25). Der Marker '3683840' war für beide Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC hochsignifikant und befindet sich auf Chromosom 7 an Position 41.856.385 bp. In dieser Untersuchung wiesen Klone mit dem Nukleotid 'T' an diesem Locus eine höhere Anfälligkeit auf als homozygote Markergenotypen mit dem Nukleotid 'A'. Der Marker mit der Kennzeichnung '3706395' auf Chromosom 1 an Position 82.295.892 bp war am stärksten mit quantitativer KF-Resistenz assoziiert. Genotypen mit den Nukleotidkombinationen 'AC' und 'CC' wiesen im Durchschnitt eine geringere Anfälligkeit in den Feldprüfungen (niedrige rAUDPC und Δ -rAUDPC-Werte) auf als Klone mit dem homozygoten Markergenotyp 'AA'. Mit beiden Merkmalen war außerdem der Marker '3704283' auf Chromosom 11 positiv assoziiert. Die Klone mit der Allelkombination GG hatten einen durchschnittlichen Δ -rAUDPC-Wert von -0,22, während die Klone mit homozygotem Markergenotyp 'TT' einen Mittelwert von 0,1 besaßen. Ein signifikanter Marker mit der Kennzeichnung '5748902' ist bisher noch nicht kartiert. Klone mit dem Nukleotid 'T' an diesem Locus wiesen eine höhere Anfälligkeit gegenüber der reifekorrigierten KF auf.

Ein Großteil der identifizierten, assoziierten Marker war auf Chromosom 7 zwischen 25 bis 41 Mbp lokalisiert. In einer Metastudie von DANAN *et al.* (2011) wird unter anderem ein Meta-QTL für *P.i.* auf Chromosom 7 beschrieben, worin bisher jedoch nur wenige Marker enthalten sind. In den beiden oben beschriebenen Assoziationsstudien konnten jeweils auf Chromosom 1 Marker identifiziert werden, die mit KF-Resistenz assoziiert waren. Auf diesem Chromosom befinden sich zwei weitere Meta-QTLs. Weitere Polymorphismen konnten auf den Chromosomen 10 und 11 identifiziert werden. Dort befinden sich Hot-spot-Regionen, in denen mehrere Gene für qualitative und quantitative Resistenz gegenüber *P.i.* beschrieben werden (GEBHARDT UND VALKONEN, 2001; DANAN *et al.* 2011).

Tabelle 25: Signifikante Quantitative Trait loci (QTL) aus der Assoziationsstudie für die Merkmale rAUDPC und Δ -rAUDPC

Merkmal	Grenzwert	Marker/ CloneID	Chr	Position	Allel 1	Allel 2	$-\log_{10}(p)$	Effekt
rAUDPC	4,4	3706395	1	82.295.892	A	C	4,75	-0,13
rAUDPC	4,4	3683840	7	41.856.385	A	T	6,97	0,10
rAUDPC	4,4	3704283	11	2.583.629	G	T	4,41	0,10
Δ -AUDPC	3,6	5748902	NA	NA	C	T	3,7	0,08
Δ -AUDPC	3,6	3706395	1	82.295.892	A	C	4,09	-0,14
Δ -AUDPC	3,6	3714332	7	13.999.869	A	T	3,88	-0,08
Δ -AUDPC	3,6	3710950	7	25.088.062	A	C	3,88	-0,08
Δ -AUDPC	3,6	5753125	7	31.735.270	A	G	4,09	0,08
Δ -AUDPC	3,6	3702600	7	32.138.763	A	G	3,8	-0,07
Δ -AUDPC	3,6	3720465	7	39.687.170	C	T	3,64	0,08
Δ -AUDPC	3,6	3683840	7	41.856.385	A	T	7,77	0,12
Δ -AUDPC	3,6	7474223	10	5.214.999	C	T	3,86	0,12
Δ -AUDPC	3,6	3704283	11	2.583.629	G	T	3,72	0,11

5. Diskussion

In den Jahren 2012 – 2014 konnten deutsche und ausländische Sorten sowie Zuchtstämme der LfL und des JKI am Standort Groß Lüsewitz in Bezug auf ihre Reaktion gegenüber *P.i.* am Blatt und der Knolle erfolgreich evaluiert werden. Besonders die Prebreeding-Stämme des JKI und einige wenige Sorten wiesen ein deutlich besseres Resistenzverhalten gegenüber der Kraut- und Knollenfäule auf, als die meisten der geprüften Sorten. Dieses Zuchtmaterial stammt aus einem Prebreeding-Programm, in dessen Rahmen über Jahrzehnte Nachkommenschaften aus Kreuzungen zwischen der Kulturkartoffel und *Solanum*-Wildarten konsequent auf quantitative *P.i.*-Resistenz selektiert worden sind und das Ausgangsmaterial durch Rückkreuzungsschritte sukzessive in seinen agronomischen Eigenschaften wieder an die Kulturkartoffel herangeführt worden ist (DARSOW, 2008). Dieses Ausgangsmaterial ist zwar noch nicht sortenfähig, aber als agronomisch angepasste Resistenzressource dazu geeignet, die Kulturkartoffel in ihren Resistenzeigenschaften zu verbessern. Dies trifft in besonderer Weise für eine Sortenentwicklung für den ökologischen

Landbau zu, da dort der Einsatz fungizider Präparate generell stark eingeschränkt ist (FINCKH *et al.* 2008; VAN BRUGGEN *et al.* 2015).

Im Rahmen des Projektes konnten in den Jahren 2014 – 2017 auf den Ökobetrieben im Rahmen eines partizipativen Züchtungsansatzes verschiedene erfolgversprechende Zuchtstämme mit hoher Resistenz gegen *P.i.*, weiteren wichtigen Resistenzen und guten Qualitätseigenschaften, bei nicht zu später Abreife, selektiert werden. Dieses Zuchtmaterial steht den Wirtschaftspartnern zum Projektende zur Verfügung. Außerdem können mit diesem Material weitere Rückkreuzungsprogramme initiiert und genetische Studien auf wissenschaftlicher Ebene weitergeführt werden.

Weiterhin wurden mit Hilfe genomweiter Assoziationsstudien (GWAS) molekulare Marker identifiziert, die eng mit KF-Resistenz gekoppelt waren. Der Nachweis kleinerer signifikanter Signale in den oben beschriebenen Assoziationsstudien deutet darauf hin, dass es sich bei der KF-Resistenz im untersuchten Prebreeding-Material um ein quantitatives und komplex vererbtes Merkmal mit kleineren Effekten handelt. Mit Hilfe molekularer Marker kann es in Zukunft möglich sein, den langwierigen Zuchtgang hin zu *P.i.*-resistenten Kartoffelsorten mit Hilfe von markergestützter Selektion zu beschleunigen. Durch diese Markertechniken ist es möglich, verschiedene Resistenzgene gegen dasselbe Pathogen und/oder gegen verschiedene Pathogene zu akkumulieren bzw. zu kombinieren. Die identifizierten Marker ermöglichen die Selektion von Prebreeding-Stämmen und Sorten mit erhöhter horizontaler Resistenz gegenüber *P. i.* ohne den Einsatz von Gentechnik. Insbesondere scheinen die Marker mit den CloneIDs ‘457705’, ‘3706395’, ‘3714332’ und ‘3710950’ zur Selektion von Klonen mit verbesserter KF-Resistenz geeignet zu sein, weil sie mit den größten Effekten für quantitative Resistenz in diesem diversen Panel an Prüfgliedern assoziiert waren. Mit den Markern ‘457295’, ‘3683840’, ‘7474223’ und ‘3704283’ können dagegen nicht resistente Pflanzen bereits im Sämlingsstadium erkannt und eliminiert werden, da diese Marker mit höherer KF-Anfälligkeit korrelierten. Zusätzlich können diese Marker künftig dazu beitragen, das Kartoffelgenom genauer zu beschreiben. Das Vorhaben hat gezeigt, dass sich das Groß Lüsewitzer Prebreeding-Material besonders durch rassenunabhängige Kraut- und Knollenfäule-Resistenz auszeichnet. Für den ökologischen Landbau bieten die Ergebnisse dieses Projekts eine wertvolle Grundlage für eine Züchtung von Sorten mit nachhaltig wirkungsvoller Resistenz.

Teil IV: Teilbericht des IPK

Zuwendungsempfänger: Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (GLKS)	Förderkennzeichen: 2810 OE 122
--	--

3. Material und Methoden

3.1 Material

Das Ziel des IPK war es im Rahmen des Projektes das gesamte vegetativ erhaltene Material der GLKS zu genotypisieren, Duplikate zu ermitteln, Verwandtschaftsverhältnisse zu analysieren und Diversitätsgruppen zu beschreiben. Dabei umfasst das Material 3.317 Akzessionen und damit die kompletten Sortimente AKS und KKS. Zur Realisierung der Projektziele wurden seit Projektbeginn fast alle GLKS-Akzessionen (aus versuchstechnischen Gründen i.d.R. doppelt zu beproben) im Gewächshaus angezogen und Blattmaterial für die Analysen genommen (Abbildung 39). Nur ein kleiner Umfang an Blattmaterial einiger Akzessionen lag bereits aus früheren Projekten vor.

Das frisch geerntete Blattmaterial wurde gefriertrocknet. Kleine Proben (ein Blatt mit ca. 3-4 cm² Fläche) wurden für die sich anschließenden Analysen abgenommen. Größere Mengen Blattmaterial wurden als generelle Rückstellproben für dieses Projekt und Folgeprojekte genommen.

Im Rahmen dieser Probennahme wurden an den GLKS bereits zu Projektbeginn ein Laborinformationsmanagementsystem (LIMS) etabliert. In diesem System sind neben grundlegenden Informationen zu den Akzessionen - wie Name, Ursprungsland, Registrierungsjahr - auch Informationen zu Lagerort und Aufbewahrungssystem für die Blatt- und DNA-Proben hinterlegt. Auch die jeweils gemessenen DNA-Konzentrationswerte inklusive Bilder der Standardkurven sowie Gelbilder von unverdünnten und verdünnten DNA-Proben wurden im Projektverlauf abgespeichert (Abbildung 39).

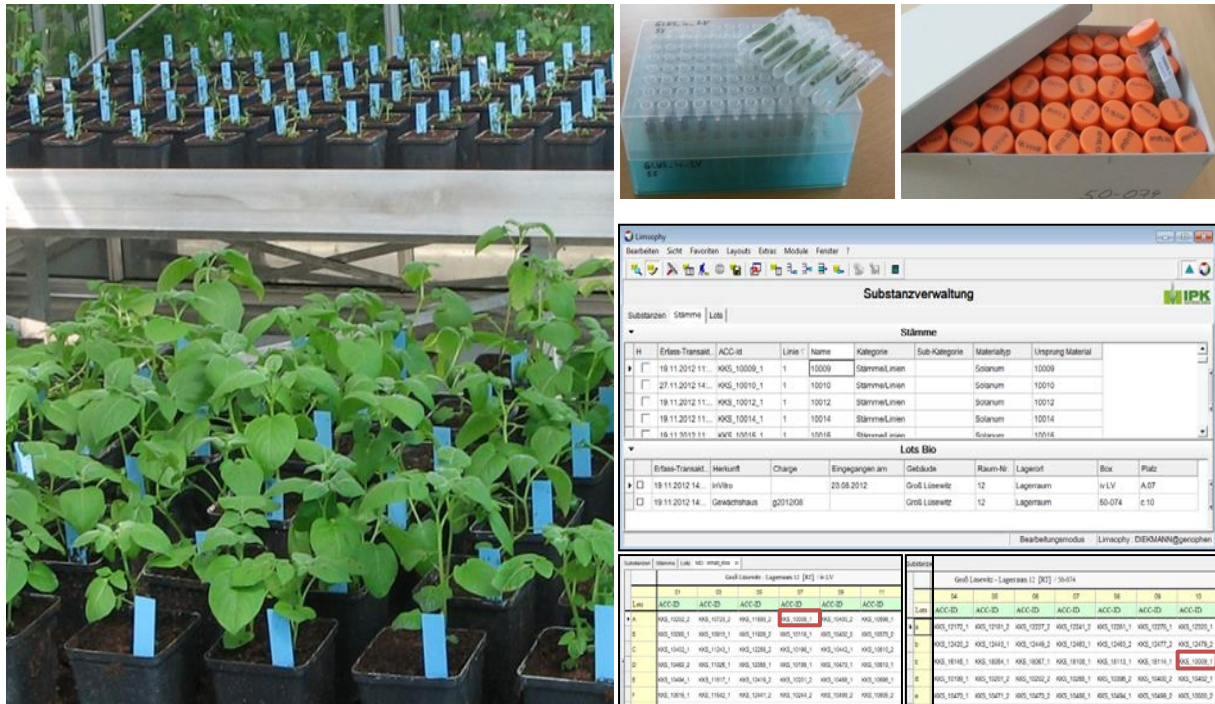


Abbildung 39: Anzucht der Genbankmuster im Gewächshaus (links), gefriergetrocknete Proben (oben rechts), Auszüge aus dem Laborinformationsmanagementsystem zur Probenverwaltung (Mitte und unten rechts).

Zu Projektbeginn waren 250 der 3.317 Akzessionen nur in kryokonservierter Form vorrätig und mussten regeneriert werden. Der Verlauf der Regeneration kryokonservierter Pflanzen ist sehr stark abhängig vom jeweiligen Genotyp (Abbildung 40) und dauerte mindestens ein halbes Jahr. Frühestens dann waren die *in vitro* Pflanzen groß genug, um im Gewächshaus zur Probennahme angezogen zu werden kann. Aus diesen Gründen erfolgte die Regeneration der Pflanzen gestaffelt über einen Zeitraum von zwei Jahren.

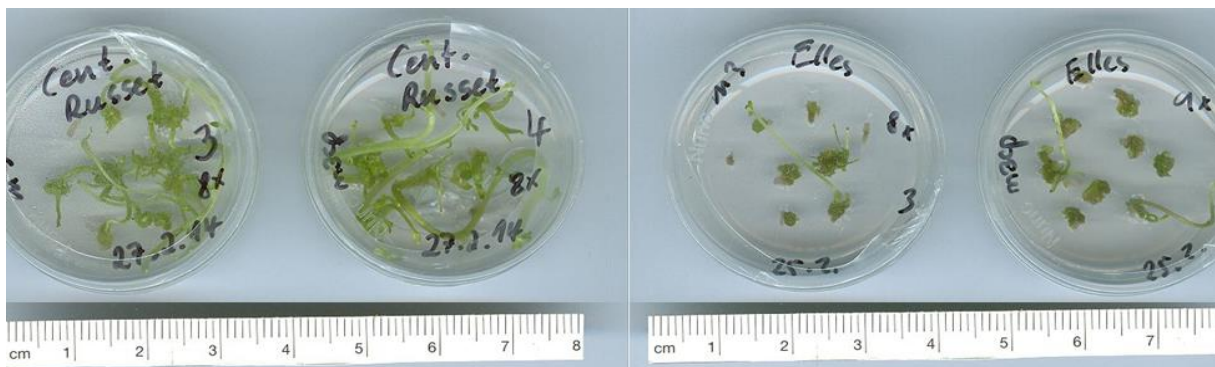


Abbildung 40: Genotypenabhängiges Regenerationsvermögen von kryokonservierten Genbankmustern der Kartoffel. Die beiden Sorten wurde nahezu zeitgleich regeneriert, die Sorte Centennial Russet (links) ist jedoch in ihrer Entwicklung weiter als die Sorte Elles (rechts).

Für den Sortenversuch wurden 10 Genbankmuster ausgewählt und die Anzucht und Vermehrung dieser im Gewächshaus durchgeführt, die dabei erzeugten Knollen wurden an

die Partner abgegeben. Mit Fortschreiten des Projekts wurde dieser Part aus Zeitgründen von der LfL übernommen.

3.2. Methoden

3.2.1. DNA-Extraktion und -Quantifikation

Im Anschluss an die Probenahme folgte das Mahlen des Blattmaterials sowie die robotergestützte Isolation (verändert nach DOYLE & DOYLE, 1987) und Quantifizierung der DNA, sowie die Einstellung der DNAs auf eine einheitliche Konzentration für die Laboranalysen (Abbildung 41).

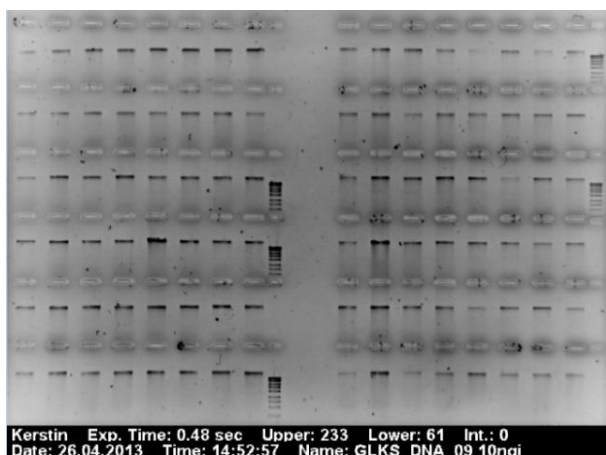


Abbildung 41: Agarosegelbild einer erfolgreichen DNA-Extraktion und -Verdünnung von 96 Genbankmustern.

3.2.2. Genotypisierung mittels Mikrosatellitenmarker

Mikrosatellitenmarker sind gerade im Bereich der Kartoffelforschung sehr weit verbreitet und anerkannt. Auch an den GLKS fanden sie bereits bei anderen Projekten Verwendung und sind etabliert. Der Vorteil bei der Verwendung von Mikrosatellitenmarkern, liegt in der institutsübergreifenden Vergleichbarkeit der Ergebnisse unter der Voraussetzung, dass identische Marker genutzt werden. Die Mikrosatellitenmarker dieses Projekts wurden basierend auf den Kriterien ‚polymorpher Informationsgehalt‘, ‚Abdeckung des gesamten Genoms‘, ‚Nutzung in anderen Instituten‘ selektiert. So wurden am Ende 20 Mikrosatellitenmarker ausgewählt (Tabelle 26) und an Hand ihrer Annealingtemperaturen sowie Fragmentgrößen auf fünf PCR-Multiplexe aufgeteilt.

Tabelle 26: Liste der ausgewählten 20 Mikrosatellitenmarker mit Angabe zur Art der Wiederholungseinheit („Repeat“), Position im Kartoffelgenom („linkage group“, LG), polymorphen Informationsgehalt (PIC), sowie Nennung der Literaturreferenz aus der diese Informationen stammen.

marker	repeat	PIC	LG	marker	repeat	PIC	LG
SSR1 (SOL MS/T) ^a	(TCAC) _n	0,93	VIII	STM0019 ^a	(AT) ₇ (GT) ₁₀ (AT) ₄ (GT) ₅ (GC) ₄ (GT) ₄	0,83	VI
STG0001 ^b	(CT) _n	0,70	XI	STM1024 ^c	(TTG) ₆	NA	VIII
STG0010 ^b	(TG) _n	0,69	III	STM1052 ^b	(AT) _n GT(AT) _n (GT) _n	0,83	IX
STG0016 ^b	(AGA) _n	0,77	I	STM1106 ^b	(ATT) _n	0,82	X
STG0025 ^b	(AAAC) _n	0,53	X	STM2028 ^c	(TAC) ₅ ...(TA) ₃ ...(CAT) ₃	0,90	XII
STI0001 ^b	(AAT) _n	0,69	IV	STM3009 ^a	(TC) ₁₃	0,80	VII
STI0004 ^b	(AAG) _n	0,69	VI	STM5114 ^b	(ACC) _n	0,69	II
STI0012 ^b	(ATT) _n	0,79	IV	STM5127 ^b	(TCT) _n	0,85	I
STI0023 ^b	(CAG) _n	0,81	X	STM5136 ^c	(CT) ₄ ...(CT) ₈	0,92	I
STI0030 ^b	(ATT) _n	0,81	XII	STM5148 ^c	(GAA) ₁₇	0,98	V

^{a)} REID et al. 2011 (doi: 10.1007/s10681-011-0462-6); ^{b)} Ghislain et al. 2009 (doi: 10.1007/s11032-008-9240-0); ^{c)} REID & KERR 2007 (doi: 10.1017/S1479262107192133)

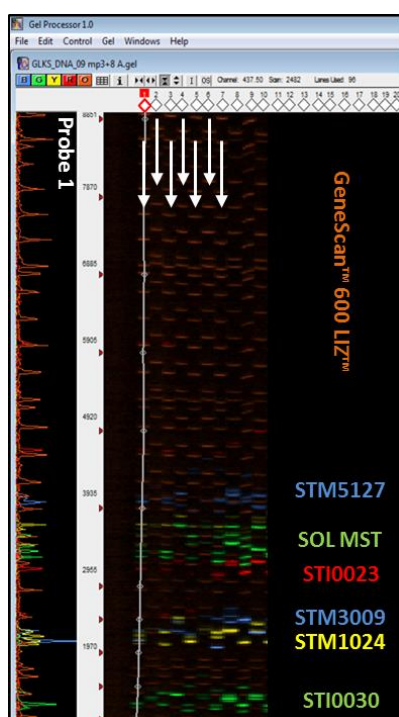


Abbildung 42: Screenshot einer Ergebnisdatei geöffnet in dem Programm Gelprocessor 1.0. Sichtbar sind Fragmente von sechs verschiedenen Markern und des Größenstandards. Die Pfeile markieren die Probenlaufbahnen. Für Probe 1 ist das Bandenprofil angezeigt.

Die Auftrennung der durch die PCRs gewonnenen DNA-Fragmente erfolgte an dem Fragmentanalysegerät ABI377 (Applied Biosystems). Dabei wurden die Fragmente von bis zu acht Amplifikationsreaktionen zeitgleich getrennt. Aufgrund einer markerabhängigen, farblichen Markierung konnten die gewonnenen Ergebnisse anschließend den verschiedenen Markern wieder zugeordnet werden. Die genaue

Fragmentgrößenbestimmung erfolgte durch die Verwendung eines internen Größenstandards (Abbildung 42).

Die Auswertung der Ergebnisse fand in den Programmen Gelprocessor 1.0, GeneScan (beide Applied Biosystems) und BioNumerics 7.6 (Applied Maths) statt. Hier wurde eine Datenbank angelegt, die mit Abschluss des Projektes auch anderen Wissenschaftlern am IPK zur Verfügung steht. Mit Hilfe der AG Bioinformatik und Informationstechnologie des IPK Gatersleben wurde die Datenbank 2013 aufgesetzt und 2014 hinsichtlich ihrer Nutzung optimiert. Die Datenbank beinhaltet neben den genetischen Informationen auch weiterführende Angaben zu zum Beispiel phänotypischen Merkmalen (Abbildung 43).

The screenshot shows the Bionumerics 7.6 software interface. The main window displays a database table with the following columns: Key, Accession, DNA-Plate, Plate Position, variety, listing, origin, Cytoplasm type, flower, flesh, skin, and starch. The table is sorted by Key. On the right, there are panels for 'Entry fields' and 'Fingerprint files'. The 'Entry fields' panel shows a list of fields with their types. The 'Fingerprint files' panel shows a list of files with their names and links.

Abbildung 43: Bildschirmansicht der Datenbank generiert im Programm Bionumerics 7.6. Key: eindeutiger Schlüssel für jede Probe, Accession: Akzessionsnummer, DNA-Plate: Lagerort der Probe; Plate Position; Position am Lagerort, variety: Akzessionsname; listing: Jahr der Registrierung; origin: Herkunftsland; Cytoplasm type: cytoplasma Typ farblich differenziert; flower cl: Blütenfarbe; flesh cl: Fleischarte in Form von Boniturnoten; skin cl: Schalenfarbe in Form von Boniturnoten; starch cl: Stärkegehalt in Form von Boniturnoten; grüne Punkte: zu dem jeweiligen Marker liegen Ergebnisse zu der jeweiligen Probe vor; entry fields: Liste der vorhandenen Informationsfelder; Fingerprint files: eingeleseene Originaldateien.

3.2.3. Genotypisierung mittels Cytoplasmamarker

In Ergänzung zu den Mikrosatellitenmarkern wurden beide Kartoffel-Sortimente mit Hilfe von Cytoplasma-Markern genotypisiert. Neben dem Zellkern weisen auch Mitochondrien und Chloroplasten einer Pflanzenzelle DNA auf, die bei der Kartoffel nur maternal vererbt wird. Dabei liefert die Information des Cytoplasma-Typs eine hinsichtlich Verwandtschaftsanalysen wertvolle Ergänzung zu den Mikrosatelliten-Daten. Für die Bearbeitung wurden Protokolle

von HOSAKA UND SANETOMO (2012) zu Grunde gelegt. Insgesamt wurden sechs Marker verwendet, fünf für die Amplifikation der Chloroplasten-DNA, einer für die Mitochondrien-DNA. Die Fragmente wurden mittels einfacher Agarose-Gel-Elektrophorese aufgetrennt, die Ergebnisse visuell evaluiert (Abbildung 44) und in die Bionumerics-Datenbank übernommen.

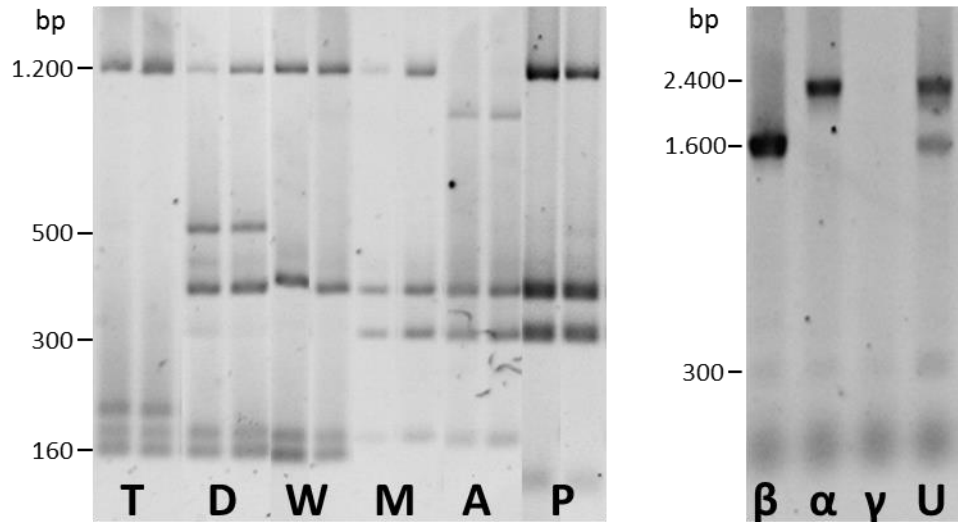


Abbildung 44: Fotografische Darstellung aller beobachteter Cytoplasma-Typen. Links: Chloroplastentyp: T = *Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*, D = *S. demissum*, W = nicht spezifizierte *Solanum*-Wildarten, M = Vorfahre andiner Landrassen, A = *S. tuberosum* subsp. *andigena*, P = *S. phureja*; Rechts: Mitochondrientyp

Über die molekulargenetischen Arbeiten am IPK hinaus, wurden bis Ende Januar 2015 DNA-Aliquote von allen untersuchten GLKS-Akzessionen an den Projektpartner LfL weitergegeben, um sie dort auf bekannte Resistenzgene hin zu untersuchen. Die gewonnenen Ergebnisse wurden ebenfalls in die Datenbank eingepflegt.

4. Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

Die zwei vegetativ erhaltenen Sammlungen der GLKS, AKS und KKS, beherbergen zusammen mehr als 3.300 Genbankmuster. Mit Ablauf des Projekts liegen erstmalig in der Geschichte der GLKS von allen Mustern zweier Sammlungen sowohl gefriergetrocknete Blattproben als auch DNA-Proben vor. Diese können zum einen Grundlage für folgende Projekte darstellen, zum anderen aber auch als wertvolle Referenzproben im Rahmen des Genbankmanagements genutzt werden.

Die genetische Charakterisierung der Genbankmuster war zwingend notwendig, um den Nutzern der Genbank zukünftig ein zielgerichtetes Anfordern von Mustern zu ermöglichen. Darüber hinaus ermöglicht es eine noch effizientere Gestaltung des Genbankmanagements durch das Aufdecken von Fehletikettierungen und Duplikaten.

4.1. Ergebnisse der SSR-Analysen

Während der Analysen ergab sich, dass von den ursprünglich 20 Mikrosatellitenmarkern letzten Endes nur die Ergebnisse von 15 Markern verlässlich in der Analyse verwendet werden konnten. Die Marker STM5136 und STG0016 amplifizieren eine Region um dasselbe repetitive Element; für die Analyse wurden die Ergebnisse von STG0016 verwendet. Die Marker STG0010, STI0023, STM2028 und STM0019 haben nicht verlässlich über alle 3.300 Proben hinweg amplifiziert, ohne dass ein Zusammenhang z.B. zu der Sortimentszugehörigkeit der Proben erkennbar war; daher wurden sie von der Endauswertung ausgeschlossen.

Insgesamt haben die Untersuchungen ergeben, dass das AKS eine höhere Diversität aufweist als das KKS (Abbildung 45). Dieses Ergebnis lässt sich unter anderem mit der Zusammensetzung des AKS erklären, in dem neben der Kulturkartoffel *Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum* auch andere knollenbildende *Solanum*-Arten vertreten sind. Aufgrund des Umfangs des Kulturkartoffelsortiments (ca. 2.700 Akzessionen) wurden die Sortimente getrennt voneinander analysiert. Dabei zeichnete sich eine leichte Differenzierung der deutschen von den amerikanischen und britischen Sorten ab (Abbildung 46). Es ist zu erwarten, dass sich diese Differenzierung durch eine Erweiterung des Markerumfangs noch verstärken ließe.

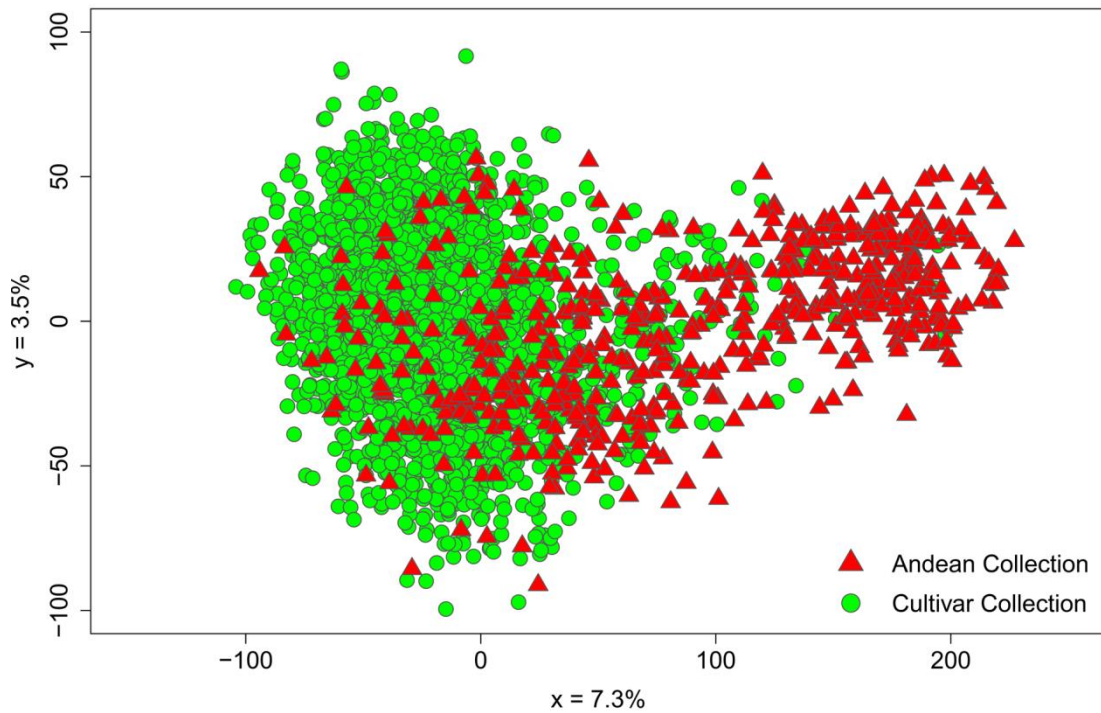


Abbildung 45: Hauptkomponentenanalyse basierend auf den Ergebnissen von 15 Mikrosatellitenmarkern.

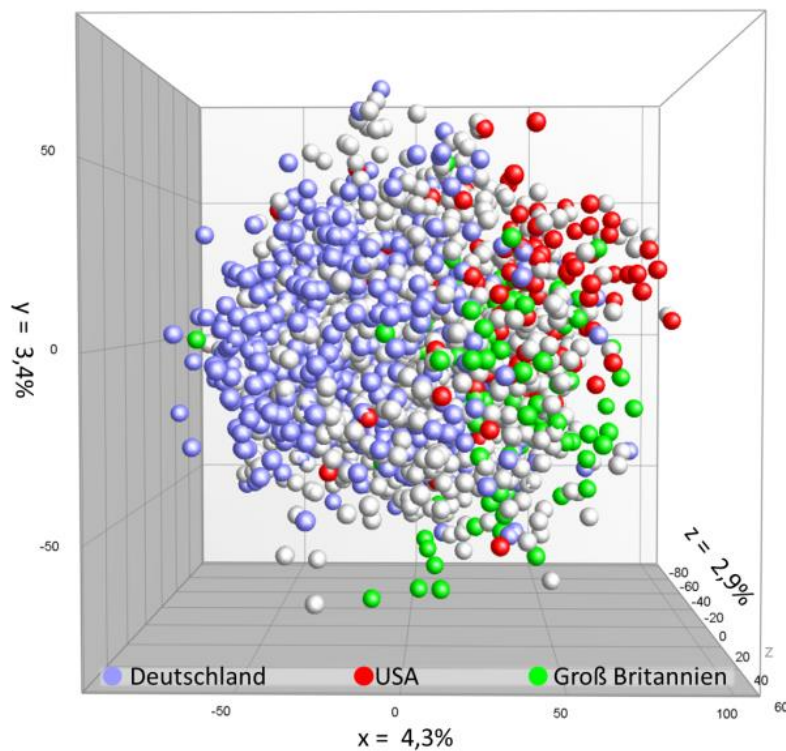


Abbildung 46: Hauptkomponentenanalyse basierend auf den Genbankmustern des Kulturkartoffelsortiments. Erkennbar ist eine leichte Differenzierung der deutschstämmigen Akzessionen von den amerikanischen und britischen Akzessionen.

Die Auswertungen haben ergeben, dass sich in den beiden Sortimenten insgesamt 72 Duplikatgruppen befinden (bestehend aus 351 Akzessionen, insgesamt 10,6% der Sammlungen), d. h. Gruppen von genetisch zueinander identischen Akzessionen. Dabei gibt es 55 Gruppen mit jeweils zwei genetisch identischen Genbank-Mustern. Hierbei handelt es sich unter anderem um Akzessionen, die in der Schreibweise ihres Namens leicht voneinander abweichen (z.B. GLKS 12383, Comle (1964) und GLKS 12548, Colme) oder um Akzessionen, von denen eine unter unbekannten Namen in die Genbank aufgenommen wurde.

17 der 72 Duplikatgruppen umfassten eine größere Anzahl Akzessionen. Hierbei handelt es sich vorwiegend um rotschalige bzw. blaufleischige Akzessionen. Die Gruppe der vorwiegend rotschaligen Genbankmuster (Abbildung 47) beinhaltet die Sorte Desiree und ihre drei Mutanten Witte Desiree, Desital und Bonte Desiree, sowie eine von Desiree abstammende Sorte. Zu den übrigen Akzessionen dieser Gruppe gibt es keine Stammbaum-Informationen. Trotzdem liegt die Vermutung nahe, dass es sich hierbei um die Sorte Desiree selber oder enge Verwandte handelt.

Die Gruppe der blaufleischigen Genbankmuster (Abbildung 48) umfasst Sorten, deren genetische Identität zueinander bereits zum Teil seit längerem bekannt ist und auch in dieser Studie erneut bestätigt werden konnte.

Insbesondere die Akzessionen aus den großen Duplikatgruppen werden in den nächsten Jahren am IPK vergleichend im Feld angebaut, da die verwendeten Marker zwar eine hohe genetische Ähnlichkeit ermitteln, aber Unterschiede in einzelnen phänotypischen Merkmalen wie z. B. Schalenfarbe nicht erfassen können (vgl. GLKS 12138 in Abbildung 47). Darüber hinaus haben die GLKS eine ergänzende SNP-Analyse initiiert, um zu evaluieren, inwiefern sich das mittels 15 SSR-Markern generierte Ergebnis durch eine stark erhöhte Markeranzahl (>15.000 SNP-Marker) bestätigen lässt. Diese Analyse war nicht Gegenstand des Projekts und die Ergebnisse sind noch ausstehend.

Grundsätzlich lässt sich jedoch der Umfang der aktiven GLKS-Sammlung bereits an Hand der jetzigen Ergebnisse durch Überführung der Duplikate in die Kryolagerung - und damit einer weitest gehenden Stilllegung der Muster - um voraussichtlich bis zu 5% reduzieren.



Abbildung 47: Duplikatgruppe vorwiegend rotschaliger Akzessionen. GLKS 12138 weist als einzige Sorte eine ockerfarbene Schale auf.



Abbildung 48: Duplikatgruppe blauffleischiger Genbankmuster.

Im Rahmen des Projekts wurden auch Unstimmigkeiten innerhalb einiger Muster aufgedeckt. Der Aufbau der Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente begann 1949, seitdem ist die Sammlung kontinuierlich gewachsen. Die aufgenommenen Muster wurden bei der Aufnahme in die Gewebekultur in der Regel doppelt angelegt (= zwei *In vitro*-Linien). Es kommt auch vor, dass dem Namen nach identische Muster von zwei verschiedenen Bezugsquellen stammen. Für das Projekt wurden nach Möglichkeit beide Linien je Muster beprobt (in Abhängigkeit der zeitlichen Verfügbarkeit), und so fanden sich unter den derzeit 835 doppelt beprobten Akzessionen 67 (7,2%), bei denen die beiden Linien nicht (mehr) übereinstimmen.

Nicht immer ist eindeutig ersichtlich, welche der beiden Linien die richtige Akzession darstellt. Zur Klärung dieser Frage wurden die Muster aus anderen Genbanken angefordert, werden aktuell vergleichend im Gewächshaus angebaut und anschließend erneut der genetischen Analyse mittels der hier verwendeten 15 Markern unterzogen.

4.2. Ergebnisse der Cytoplasma-Marker-Analyse

Die Ergebnisse der Cytoplasma-Marker bestätigten die mittels SSR-Marker gemachte Beobachtung, dass das AKS eine höhere Diversität aufweist, als das KKS (exemplarisch Abbildung 49). Darüber hinaus zeigte sich, dass diese Marker eine wertvolle Unterstützung bei der Aufklärung von Unstimmigkeiten sind.

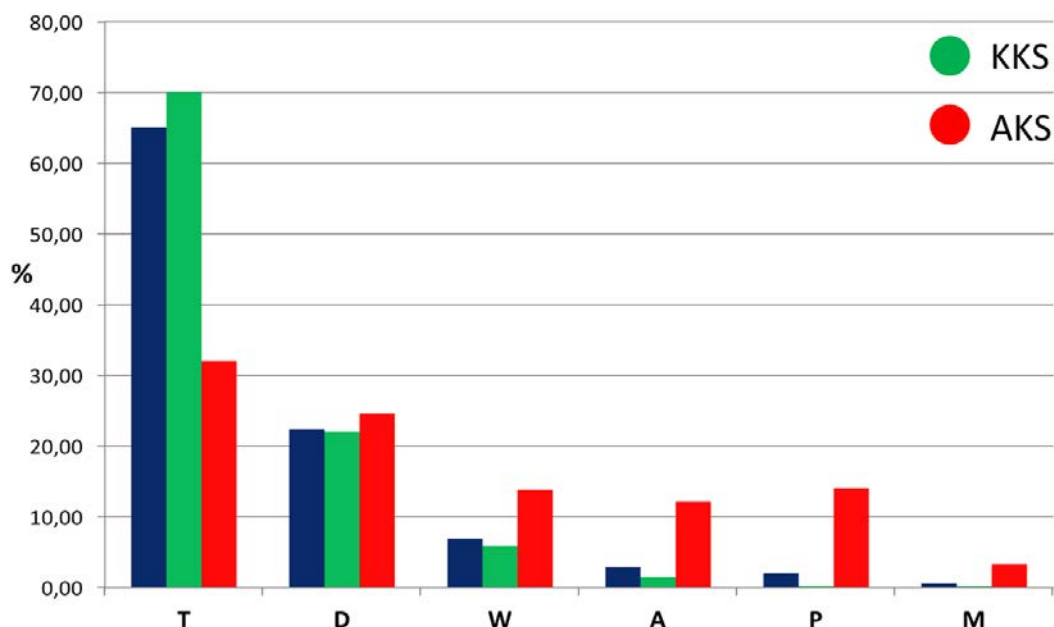


Abbildung 49: Prozentuale Verteilung der verschiedenen Cytoplasma-Chloroplasten-Typen. Über beide Sortimente überwiegt der Anteil des T-Cytoplasmas (blauer Balken), während bei der Betrachtung des AKS eine gleichmäßigere Verteilung der Typen auffällt (roter Balken).

5. Diskussion

Im Rahmen des Projekts „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ wurde am IPK eine Datenbank basierend auf zwei verschiedenen Markersystemen aufgebaut. Mit Hilfe dieser Datenbank können alle vegetativ erhaltenen Kartoffelakzessionen erstmalig eindeutig genetisch charakterisiert werden. Die Datenbank eröffnet die Möglichkeit die Kartoffelmuster des IPKs mit den Sammlungen anderer Genbanken abzugleichen. Um diesen Abgleich zu ermöglichen, wurde bereits im Vorfeld darauf geachtet, dass Marker verwendet werden, die auch in anderen Instituten Verwendung finden (REID *et al.* 2011, GHISLAIN *et al.* 2009). Sorten, die über verschiedene Institute hinweg in Analysen Verwendung fanden und deren Ergebnisse publiziert sind (REID *et al.* 2011; AEGIS Projekt: <http://ecpgr.cgn.wur.nl/aegis/AEGISpotato/>), wurden als Referenzsorten hinzugezogen, um die Ergebnisse der eigenen Datenbank zu verifizieren.

Die im Projekt gewonnenen Ergebnisse wurden mehrfach auf Fachtagungen vorgestellt und teils sehr kontrovers diskutiert. Grundsätzlich herrschte Übereinstimmung in der Notwendigkeit der Charakterisierung genetischer Ressourcen, um sie für die Forschung und Züchtung nutzen zu können. Lediglich der verwendete Markertyp wurde kritisiert, da die SSR-Marker ein kostenintensives System mit mittlerweile nicht mehr optimalen Informationsgehalt darstellen. Letzten Endes ist dieser Markertyp bei den Kartoffeln jedoch der weitverbreitetste und der, dessen Ergebnisse unter den verschiedensten Bedingungen reproduzierbar sind (REID *et al.* 2011). So findet er aktuell Verwendung in Frankreich, Großbritannien, den Niederlanden, Russland, der Schweiz, Chile u.v.m. Dieser Markertyp wird aktuell auch auf seine Anwendung bei der Sortenzulassung seitens der UPOV untersucht. Damit ist er für die Aufgaben des Genbankmanagement der unbestritten richtige Markertyp. Auch für das Projekt war die Wahl der SSR-Marker richtig, da diese erstmalig einen Einblick in die Populationsstruktur der GLKS-Sortimente ermöglichten. Eine Analyse der beiden Sortimente mittels SNP-Marker wäre verfrüht und kostenintensiver gewesen. Zudem hätte sie aufgrund mangelnder phänotypischer Hintergrundinformationen zum gleichen Informationsgewinn geführt. Nichtsdestotrotz sollten zukünftige Projekte ergänzende Markersysteme verwenden, um die Aussagekraft genetischer Analysen zu erhöhen.

Diese ist eng gekoppelt an die phänotypische Ausprägung von wünschenswerten Eigenschaften der jeweiligen Genotypen. Obwohl die Genbanksammlungen mehr als 50 Jahre alt sind, ist die phänotypische Charakterisierung der einzelnen Genbankmuster sehr lückenhaft, da die personellen und finanziellen Kapazitäten nicht zur Verfügung standen bzw. stehen. Um die Sammlungen jedoch in Zukunft für Züchter und Forscher noch attraktiver zu gestalten, ist es unabdingbar, diese fehlenden Informationen in Zukunft zu ergänzen.

Teil V: Allgemeine Angaben

6. Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse.

6.1. Praxisrelevante Ergebnisse:

Die am IPK durchgeführte Markeranalyse, basierend auf genetischen Informationen zu 3.300 alten Kartoffelakzessionen, stieß national und international auf großes Interesse. So wurde bereits während des Projekts Material aus Italien und Japan mit der Bitte um Abgleich mit den IPK-Genbankmustern geschickt. Ebenso entstand zum Ende des Projekts ein Kontakt zum Bundessortenamt, das großes Interesse an den Erfahrungen, dem Ablauf der Analysen und der Datenbankstruktur zeigte, da auch die Sortenzulassung in Zukunft markergestützt erfolgen sollte. Auch die deutschen Kartoffelzüchter zeigten sich interessiert an den Analysen. Der IPK-Datensatz umfasst vorwiegend alte Kartoffelsorten, während die Datenbank von REID *et al.* (2011) fast ausschließlich Informationen zu modernen Kartoffelsorten beinhaltet. Letztere sind jedoch aufgrund sortenschutzrechtlicher Bestimmungen nicht öffentlich zugänglich. Details der vorliegenden Datenbank werden zukünftig in Form einer Excel-Datei abrufbar werden. Die IPK-Datenbank wird in den nächsten Jahren weitergeführt und auch um „neue“ alte Sorten ergänzt werden, so dass den Züchtern eine Einordnung ihrer züchterischen Aktivitäten im internationalen Vergleich möglich ist.

Nach Abschluss des Projektes ist an den Instituten ein Kartoffelzuchtprogramm für den Ökolandbau mit partizipativer Beteiligung von Landwirten und Verbänden etabliert. Es basiert auf der intensiven Zusammenarbeit aller Projektpartner. Die Finanzierung durch BÖLN bot die Möglichkeit dieses Programm ins Leben zu rufen. Eine Weiterführung des Zuchtprogramms ist anzustreben, da es die Entwicklung von Kartoffelklonen für den ökologischen Landbau in den kommenden Jahren weiter vorantreiben wird.

An die Bedingungen des ökologischen Landbaus angepasstes Sortenmaterial ist von immenser Bedeutung für die landwirtschaftliche Praxis. In den vergangenen sechs Jahren ist zukunftssträchtiges Zuchtmaterial entstanden, das in den kommenden Jahren weiter bearbeitet werden kann, so dass den Ökolandwirten eine Auswahl an *Phytophthora*-resistenten an ökologische Bedingungen angepasstes Knollenmaterial zur Verfügung steht. Da die Pflanzenzüchtung im Allgemeinen und die Resistenzzüchtung im Besonderen eine langfristig zu planende Aufgabe ist, konnte eine Sortenanmeldung selbst nach einem verlängerten Projektzeitraum nicht realisiert werden. Jedoch fließt nach Projektende durch

Abgabe ausgewählter Klone vielversprechendes resistentes Material in die Zuchtprogramme deutscher Züchter ein.

6.2. Erfindungen/Schutzrechtsanmeldungen und erteilte Schutzrechte

Im Projektzeitraum erfolgten keine Erfindungen oder Schutzrechtsanmeldungen. Sortenanmeldungen der zum jetzigen Zeitpunkt zur Verfügung stehenden Kartoffelstämme sind nicht geplant.

6.3. Wirtschaftliche Anschlussfähigkeit

Der etablierte Projektverbund ermöglichte den raschen Austausch von Informationen zwischen angewandter Praxis und Forschung. Die öffentlichkeitswirksamen Maßnahmen wie Feldtage, Führungen, Vorträge, erhöhten deutlich die Transparenz in der Kartoffelzüchtung und fanden großen Anklang in der Öffentlichkeit allgemein und im Ökolandbau im Speziellen. Dadurch wurde der Weg für zukünftige Arbeiten und Projekte in diesem Bereich geebnet.

Da sich das Projekt mit der Entwicklung von Basiszuchtmaterial befasste sind wirtschaftliche Erfolgsaussichten, die sich aus der Nutzung der entstandenen Klone ergeben, erst langfristig durch intensive Züchtungs- und Selektionsarbeiten zu erwarten. Durch eine Übernahme ausgewählter, im Projekt entwickelter Klone durch die deutschen Kartoffelzüchter fließt ein Teil der Projektergebnisse direkt in die Wirtschaftsunternehmen ein.

Des Weiteren stehen nach Laufzeitende des Projekts eine Vielzahl an potentiell wertvollen Klonen und gut beschriebene Kreuzungseltern und Samenakzessionen zur Verfügung. Diese können in Anschlussprojekten genutzt werden.

Die Zusammenarbeit zwischen den Instituten des IPK, des JKI und der LfL ermöglichte den raschen Austausch relevanter wissenschaftlicher Ergebnisse. Hierdurch konnte auch eine Abstimmung erfolgen, wodurch die Arbeiten sich sinnvoll ergänzend durchgeführt wurden. Diese Kooperation legt die Basis für Projekte mit weiterführenden Fragestellungen in der Kartoffelforschung.

Von besonderem Interesse ist nach wie vor die Weiterentwicklung der Marker-gestützten Vorselektion relevanter Merkmale. Von dieser Methode verspricht sich die kommerzielle Züchtung, die auch Material für den ökologischen Landbau weiterentwickelt, nachhaltigen Nutzen. Vertiefte Kenntnisse der Abläufe auf molekularer Ebene mehrten die Möglichkeiten der Bewertung von Kartoffelklonen. Neben weiterführenden Arbeiten auf genomischer Ebene, die eine Präzisierung und Evaluierung der Markerregionen für Krautfäule zum Ziel haben, sind Arbeiten auf Transkriptom- und Metabolomebene sinnvoll. Hierfür sind die erhobenen phänotypischen und genotypischen Daten sowie das entsprechende Samen- und Knollenmaterial von größtem Wert. Ein Anschlussprojekt, das gemeinsam von den Instituten

durchgeführt wird, könnte auf die erhobenen Daten zurückgreifen und diese für weitere wissenschaftliche Fragestellungen nutzen. Auch das wäre hierbei von größtem Nutzen.

7. Aufstellung der Projektziele

Die wichtigsten Meilensteine, die im Projektverbund zwischen dem 1. März 2012 und dem 31. März 2018 erreicht wurden:

- Etablierung eines Projektverbunds
- Aufbau eines partizipativen Kartoffelzuchtprogramms und Optimierung der Zusammenarbeit zwischen Instituten und Ökolandwirten
- Schulung von Ökolandwirten für die Partizipative Züchtung
- Vierjähriger Prüfgliedanbau mit Bewertung der Krautfäule-Resistenz und agronomischen Eigenschaften einer repräsentativen Auswahl an in Deutschland verfügbaren Kartoffelklonen auf den Flächen der beteiligten Ökolandwirte und am JKI
- Anzucht und Charakterisierung von 3.186 Genbankakzessionen mit informativen molekularen Markern
- Öffentlichkeitsarbeit
- Züchtung von Krautfäule-resistentem Zuchtmaterial mit Speisequalität und Anbaueignung im ökologischen Landbau an der LfL und am JKI
- Überführung des Materials an interessierte Züchter und Betriebe
- Auswertung der Daten und Publikation

8. Hinweise auf weiterführende Fragestellungen

Die Etablierung eines Kartoffelzuchtprogramms für den ökologischen Anbau in einem partizipativen Ansatz war zentrales Element im hier vorliegenden Projekt. Hierdurch wurden die Möglichkeiten der Institute, Züchtung und Selektion zu betreiben, wesentlich erweitert. Ebenso wurden die Kompetenzen der Landwirte in diesem Bereich stetig erhöht und die Entwicklung von Kartoffelstämmen auf die Bedürfnisse der Ökobetriebe zugeschnitten. Im Laufe des Projekts war offensichtlich, dass in Folgeprojekten Möglichkeiten ausgeschöpft werden müssen, die zu einer Reduzierung des Arbeitsaufwands beitragen. Hier steht die Frage nach dem Einsatz und der Anpassung von digitalen Werkzeugen in der Züchtung an oberster Stelle. Geprüft werden kann, in wie weit zum Beispiel die langwierigen Bonituren der großen Anzahl an Sämlingen durch den Einsatz von Drohnen und einer Auswertung mittels geeigneter Software verringert werden kann.

Des Weiteren muss die Frage gestellt werden, ob es auf längere Sicht möglich ist, die Kartoffelzüchtung für den ökologischen Landbau finanziell auf eigene Beine zu stellen. Gibt es zielführende Maßnahmen, oder verhindert die Langwierigkeit der Kombination von Qualität und Resistenz im Speisesektor eine solche Möglichkeit?

8.1. Müssen die Zuchtziele erweitert werden?

Im Vorhaben wurden angepasste Speisekartoffeln mit einer Grundausstattung an qualitativen Merkmalen selektiert, die eine ausgeprägte Widerstandsfähigkeit gegen die Kraut- und Knollenfäule besitzen. Durch den Anbau von Kartoffeln mit erhöhten Resistenzeigenschaften können Ökobetriebe den Einsatz von kupferbasierten Pflanzenschutzmitteln verringern, damit die Umwelt schonen und ihre Anbaukosten reduzieren. Selektionskriterium ist ein stabiler Ertrag. Dieser ist abhängig vom Genotyp und von Umweltbedingungen wie Temperatur sowie Wasser- und Nährstoffverfügbarkeit. Um diesen zu gewährleisten und dadurch dem ökologischen Kartoffelbau in Zukunft geeignete Sorten zur Verfügung stellen zu können, wäre es sinnvoll die Zuchtziele auszuweiten. Im Zuge der sich häufenden Extremwetterlagen mit Trockenperioden im Frühjahr und Sommer, wird Trockenstresstoleranz und eine effiziente Nährstoffausnutzung notwendig.

8.2. Wie kann die Marker-gestützte Selektion vorangetrieben werden?

Um die Resistenzzüchtung bei Kartoffeln einen entscheidenden Schritt weiterzubringen, müssen die Abwehrmechanismen auf molekularer Ebene weiter erforscht werden, um mehr molekulare Marker zu entwickeln und diese zu evaluieren. Als molekulare Marker kommen zum einen Stoffwechselprodukte in Frage, die an der zellulären Abwehr der Erreger beteiligt sind. Zum anderen können Genregionen identifiziert und verwendet werden, die mit der Erregerabwehr direkt oder indirekt in Verbindung gebracht werden können.

In Untersuchungen an Kartoffeln mit gentechnisch eingebrachten R-Genen aus *Solanum* Wildarten wurde deutlich, dass die *Phytophthora*-Resistenz der Klone dadurch deutlich erhöht wird (ZHU *et al.* 2012). Wie im Projekt gezeigt wurde, sind im verfügbaren adaptierten Kartoffelzuchtmaterial nur wenige der bekannten R-Gene etabliert beziehungsweise noch wirksam. In einem Folgeprojekt könnten geeignete Gene in Wildartpopulationen gesucht und gezielt in die Kulturkartoffel eingebracht werden. Die erfolgreiche Etablierung der Gene im Kulturkartoffelgenom könnte dabei auf molekularer Ebene dokumentiert werden, um damit eine genbezogene, vertikale Resistenz zu etablieren

Da *Phytophthora infestans* jedoch extrem anpassungsfähig ist, setzt das JKI in seiner Vorzüchtung auf eine nicht von einzelnen Genen abhängige Resistenz, sondern selektiert auf eine breite, horizontale Widerstandsfähigkeit. Hierbei sind viele Gene an der Merkmalsausprägung beteiligt. Im Projekt wurden Bereiche im Genom identifiziert, die an

einer breiten Resistenz beteiligt sein könnten. Diese werden bereits auf ihren Einsatz in der Marker-gestützten Selektion hin untersucht. Eine weiterführende funktionelle Untersuchung der Mechanismen einer horizontalen Resistenz ist von wissenschaftlicher Bedeutung. In wieweit Ergebnisse solcher Studien direkt in der Züchtung umgesetzt werden können, muss jedoch evaluiert werden.

9. Zusammenfassung

Die Ansprüche des ökologischen Landbaus an Kartoffelsorten unterscheiden sich zum Teil erheblich von denen des konventionellen Anbaus. Dies ist bedingt durch den alternativen Pflanzenschutz mit mechanischer Unkrautbekämpfung sowie durch eine in der Regel geringere Stickstoffversorgung der Pflanzen. Darum benötigt der ökologische Landbau spezielle Sorten, die neben den vom Verbraucher gewünschten Qualitätsmerkmalen auch eine hohe Widerstandsfähigkeit gegenüber Krankheiten und Schädlingen besitzen, durch schnelle Jugendentwicklung das Unkrautwachstum unterdrücken und eine hohe Nährstoffeffizienz aufweisen.

Um neue Zuchtstämme zu schaffen, in denen die im Biolandbau gewünschten Eigenschaften kombiniert vorliegen, etablierte das seit 2012 im „Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft“ geförderte Projekt „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ ein Zuchtprogramm speziell für den ökologischen Kartoffelanbau.

Für die Züchtung auf geringe Anfälligkeit gegenüber der Kraut- und Knollenfäule, die durch den Oomyceten *Phytophthora infestans* hervorgerufen wird, wurde auf resistente Kartoffelklone aus der Vorzüchtung des Julius-Kühn Institutes zurückgegriffen. Die untersuchten Zuchtstämme und Vergleichssorten wurden parallel in einem Beobachtungsanbau hinsichtlich weiterer agronomischer und qualitativer Eigenschaften wie Ertragsleistung, Wuchsform, Stärkegehalt, Speise- und Veredelungseignung und Abreifeverhalten untersucht.

Weitere Resistenzen sowie gewünschte Qualitätsmerkmale wurden aus modernen Hochleistungssorten deutscher Züchtungsunternehmen und historischen Sorten der IPK Genbank während des Projektverlaufs ins Zuchtmaterial eingebracht. Neben der Evaluierung der Prüfglieder hinsichtlich der Resistenzeigenschaften wurden zur Erweiterung des Basiszuchtmaterials zahlreiche Kreuzungen durchgeführt. Hierbei wurden die Kreuzungseltern gezielt aus den im Projekt geprüften Sorten und Zuchtstämmen ausgewählt.

Für die Bewertung und die Selektion der Klone wurde ein partizipativer Züchtungsansatz gewählt und dafür drei ökologisch wirtschaftende, landwirtschaftliche Betriebe ins Projekt

eingebunden. Die Betriebsleiter wurden intensiv geschult und führten die Bewertung der Klone und die Selektion der Knollen in enger Zusammenarbeit mit den wissenschaftlichen Mitarbeitern der Institute durch. Ein solches Modell ist bislang in der deutschen Kartoffelzüchtung einzigartig.

Wissenschaftlich begleitet wurden die Züchtungsarbeiten durch eine phänotypische und genotypische Charakterisierung des Ausgangsmaterials und der Zuchtklone. Ziel hierbei war es, Grundlagen für eine molekulare Selektion KF-resistenter Nachkommen zu schaffen. Hierzu wurden an einem Prüfgliedsortiment Assoziationsstudien mit DaRT- und SNP-Markern durchgeführt und ausgewertet.

Im Projekt wurden am IPK erstmalig zwei Sortimente umfassend genetisch mittels zwei verschiedener Markersysteme charakterisiert. Mit den erzielten Ergebnissen konnten Duplikatgruppen innerhalb der Genbankakzessionen aufgedeckt sowie Unstimmigkeiten erkannt und bereinigt werden. Damit wurde das Genbankmanagement verbessert und nutzerorientiert gestaltet. Somit hat das Projekt eine nachhaltigere und intensivere Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen ermöglicht. Dadurch ist es Züchtern wie auch Forschungsinstitutionen zukünftig möglich, zielgerichteter auf genetische Ressourcen der Kartoffel zuzugreifen und diese in die eigenen Zuchtprogramme und Forschungsprojekte einzubringen.

10. Literaturverzeichnis

- ALMEKINDERS, C., L. MERTENS, J. VAN LOON, E. LAMMERTS VAN BUEREN, 2014. Potato breeding in the Netherlands: successful collaboration between farmers and commercial breeders. *Food Sec.* (2014) 6: 515. <https://doi.org/10.1007/s12571-014-0369-x>
- BALLVORA, A., J. HESSELBACH, J. NIEWÖHNER, D. LEISTER, F. SALAMINI, AND C. GEBHARDT. 1995. Marker enrichment and high-resolution map of the segment of potato chromosome VII harbouring the nematode resistance gene *Gro1*. *Molecular and General Genetics* 249: 82–90.
- BALLVORA, A., ERCOLANO, MR., WEIß, J., MEKSEM, K., BORMANN, C.A., OBERHAGEMANN, P., SALAMINI, F., GEBHARDT, C., (2002). The R1 gene for potato resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) belongs to the leucine zipper/NBS/LRR class of plant resistance genes. *The Plant Journal* (2002) 30(3), 361
- BENJAMINI, Y.; HOCHBERG, Y., 1995: Controlling the False Discovery Rate. A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)* 57 (1), 289–300. Online verfügbar unter <http://www.jstor.org/stable/2346101>.
- Biokartoffeln - Qualität mit jedem Anbauschritt (2010) Merkblatt. Bioland / KÖN / Bio Austria / FiBL / vTI
- BRADSHAW, J.E., C.A. HACKETT, R.C. MEYER, D. MILBOURNE, J.W. MCNICOL, S. PHILLIPS AND R. WAUGH (1998) Identification of AFLP and SSR markers associated with quantitative resistance to *Globodera pallida* (Stone) in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) with a view to marker-assisted selection. *Theor. Appl. Genet.* 97: 202–210.
- BÖLW, 2018. Ökologische Pflanzenzüchtung: Ein Beitrag zu Vielfalt und Resilienz in der Landwirtschaft. Berlin, Diskussionspapier des Bund ökologische Lebensmittelwirtschaft

- CECCARELLI S, GRANDO S, 2009. Participatory Plant Breeding. In “Cereals” 395-414
- COLTON, L.M., GROZA, H.I., WIELGUS, S.M., JIANG, J. (2006) Marker-assisted selection for the broad-spectrum potato late blight resistance conferred by gene RB derived from a wild potato species. *Crop Sci.* 46:589–594.
- COLON, L.T.; TURKENSTEEN, L.J.; PRUMMEL, W.; BUDDING, D.J.; HOOGENDOORN, J., 1995: Durable resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) in old potato cultivars. *Eur. J. Plant Path.*, 101 (4), 387–397. DOI: 10.1007/bf01874852.
- DANAN, S.; VEYRIERAS, J.B.; LEFEBVRE, V., 2011: Construction of a potato consensus map and QTL meta-analysis offer new insights into the genetic architecture of late blight resistance and plant maturity traits. *BMC Plant Biology* 11 (1), 1–17. DOI: 10.1186/1471-2229-11-16.
- DARSOW, U., 2000: 50 Jahre Züchtungsforschung zu *Phytophthora infestans* bei Kartoffeln in Groß Lüsewitz – Geschichte einer Resistenzzüchtung mit Wechsel von der vertikalen zur horizontalen Resistenz. *Beiträge zur Züchtungsforschung. Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen*, 6, 49 S.
- DARSOW, U., 2008: Vorlaufzüchtung der Kartoffel auf quantitative *Phytophthora*-Resistenz im ILK Groß Lüsewitz in der Ressortforschung des BMELV. *Mitt. Julius Kühn-Institut* 415. Quedlinburg.
- DOYLE, J.J. AND J.L. DOYLE. 1988. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12:13–15.
- DOYLE, J.J., DOYLE, J.L. (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*. 19: 11-15.
- ESNAULT, F., PELLE, R., DANTEC, J. (2016) Development of a potato cultivar (*Solanum tuberosum* L.) core collection, a valuable tool to prospect genetic variation for novel traits. *Pot. Res.* 59(4):329-343.
- FADINA, O. A. ; BELYANTSEVA, T. V. ; KHAVKIN, E. E. ; PANKIN, A. A. ; ROGOZINA, E. V. ; KUZNETSOVA, M. A. ; JONES, R. W. ; DEAHL, K. L. (2013) SCAR markers for the RB/Rpi-blb1 gene of potato late blight resistance. *Proceedings of the Fourteenth EuroBlight Workshop*, Limassol, Cyprus, 12-15 May 2013 2014 pp.277-283 ref.11
- FAVORETTO, P., VEASEY, E.A., TAVARES DE MELO, P.C. (2011) Molecular characterization of potato cultivars using SSR markers. *Horticultura Brasileira*. 29(4): 542-547.
- FINCKH, M.R., HAYER, F., SCHULTE-GELDERMANN, E., BRUNS, C., 2008: Diversity, plant nutrition and prognosis. An integrated concept for late blight management in organic agriculture. *Gesunde Pflanzen* 60 (4), 159–170. DOI: 10.1007/s10343-008-0192-4.
- FRY, W. E., 1978: Quantification of General Resistance of Potato Cultivars and Fungicide Effects for Integrated Control of Potato Late Blight. *Phytopath.* 68 (11), 1650. DOI: 10.1094/Phyto-68-1650.
- FLIER, W.G.; VAN DEN BOSCH, G.B.M.; TURKENSTEEN, L.J.(2003a): Stability of partial resistance in potato cultivars exposed to aggressive strains of *Phytophthora infestans*. *Plant Path.* 52, 326-337.
- GEBHARDT, C., BELLIN, D., HENSELEWSKI, H., LEHMANN, W., SCHWARZFISCHER, J., VALKONEN J.P.T. (2006): Marker-assisted combination of major genes for pathogen resistance in potato. *Theor. Appl. Genet.* 112, 1458-1464.
- GEBHARDT, C.; VALKONEN, J.P.T., 2001: Organization of Genes controlling Disease Resistance in the Potato Genome. *Ann. Rev. Phytopath.* 39 (1), 79–102. DOI: 10.1146/annurev.phyto.39.1.79.
- GHISLAIN, M., NUNEZ, J., HERRERA, M.R., PIGNATARO, J., GUZMAN, F., BONIERBALE, M., SPOONER, D.M. (2009) Robust and highly informative microsatellite-based genetic identity kit for potato. *Mol. Breed.* 23(3): 377-388.
- HAASE, T.; SCHULZ, H; KÖLSCH, E., HESS, J., (2014) Prüfung von Kartoffelsorten auf deren besondere Eignung für den Ökologischen Landbau. Universität Kassel, D-Witzenhausen , Fachgebiet Ökologischer Land- und Pflanzenbau.

- HACKETT, C., (2007). TetraploidMap for Windows: linkage map construction and QTL mapping in autotetraploid species. *Journal of Heredity* 98, 727-729.
- HAMMANN, T.; TRUBERG, B.; THIEME, R. (2009): Improving Resistance to Late Blight (*Phytophthora infestans*) by Using Interspecific Crosses in Potato (*Solanum tuberosum* ssp.). In: Feldmann, F.; Alford, D.V.; Furk, C.: *Crop Plant Resistance to Biotic and Abiotic Factors* (2009) 407-414. Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft, Braunschweig, Germany.
- HAVERKORT, A.J.; BOONEKAMP, P.M.; HUTTEN, R.; JACOBSEN, E.; LOTZ, L.A.P.; KESSEL, G.J.T.; VISSER, R.G.F.; VAN DER VOSSEN, E.A.G. (2008): Societal Costs of Late Blight in Potato and Prospects of Durable Resistance Through Cisgenetic Modification. *Potato Res.* 51, 47-57.
- HOSAKA, K., SANETOMO, R. (2012) Development of a rapid identification method for potato cytoplasm and its use for evaluating Japanese collections. *Theor. Appl. Genet.* 125: 1237-1251.
- JACCOUD, D.; PENG, K.; FEINSTEIN, D.; KILIAN, A., 2001: Diversity Arrays. A solid state technology for sequence information independent genotyping. *Nucleic Acids Research* 29 (4), e25. DOI: 10.1093/nar/29.4.e25.
- KILIAN, A.; WENZL, P.; HUTTNER, E.; CARLING, J.; XIA, L.; BLOIS, H., 2012: Diversity Arrays Technology. A Generic Genome Profiling Technology on Open Platforms. *Data Production and Analysis in Population Genomics*: Humana Press, 67–89.
- KIM H.J., LEE H.R., JO K.R., MORTAZAVIAN S.M.M., HUIGEN D.J., EVENHUIS B., KESSEL G., VISSER R.G.F., JACOBSEN E., VOSSEN J.H.. Broad spectrum late blight resistance in potato differential set plants MaR8 and MaR9 is conferred by multiple stacked R genes. *Theor Appl Genet.* 2012; 124:923–935. doi: 10.1007/s00122-011-1757-7.
- LAMMERTS VAN BUEREN, E.T., R. HUTTEN, C. ENGELEN, 2016. A systems approach to improve potato varieties for organic farming systems. In: Wilcox, A. and S. Vinall (eds), *Social and technological transformation of farming systems: diverging and converging pathways*. Proceedings of the 12th European IFSA Symposium, 12-15 July 2016 at Harper Adams University, UK. IFSA and Harper Adams. www.ifsa-europe.org, pg 3. Download
- LAMMERTS VAN BUEREN, E.T., L. JANMAAT, A. ZEELENBERG. 2015. Get a taste of new talented Robust potato cultivars. *Louis Bolk Instituut, Driebergen*. 8 p.
- LI Y. (2012) Multiplex SSR analysis of *Phytophthora infestans* in different countries and the importance for potato breeding. PhD thesis. Wageningen University, p 206
- LOPEZ-VIZCON, C., ORTEGA, F. (2012) Detection of mislabelling in the fresh potato retail market employing microsatellite markers. *Food Control*. 26(2): 575-579.
- LUNG'AHU, C., CHEMINING'WA, G.N., FU, Y. (2011) Genetic diversity of Kenyan potato germplasm revealed by simple sequence repeat markers. *Am. J. Pot. Res.* 88(5): 424-434.
- MILBOURNE, D., MEYER, R., COLLINS, A. (1998) Isolation, characterisation and mapping of simple sequence repeat loci in potato *Mol Gen Genet* 259: pp 233-245. <https://doi.org/10.1007/s004380050809>
- NEMECEK, D DUBOIS, O HUGUENIN-ELIE & G GAILLARD, 2006. What will organic farming deliver? *Aspects of Applied Biology* 79, 15
- PANKIN A., SOKOLOVA E., ROGOZINA E., Allele mining in the gene pool of wild *Solanum* species for homologues of late blight resistance gene RB/Rpi-blb1. *Plant Genetic Resources*. 2011;9(2):305-308. doi:10.1017/S1479262111000414.
- PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELL, P., 2000: Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155 (2), 945–959. Online verfügbar unter <http://www.genetics.org/content/155/2/945>.
- REID A, HOF L, FELIX G, RUECKER B, TAMS S, MILCZYNSKA E, ESSELINK D, UENK G, VOSMAN B, WEITZ A. (2011) Construction of an integrated microsatellite and key morphological

- characteristic database of potato varieties on the EU Common Catalogue. *Euphytica*. 182(2):239-249. DOI 10.1007/s10681-011-0462-6
- REID A., KERR E.M., A rapid simple sequence repeat (SSR)-based identification method for potato cultivars. *Plant Genetic Resources*. Cambridge University Press; 2007;5(1):7–13.
- RIETMAN H., BIJSTERBOSCH G., CANO L.M., LEE H.R., VOSSEN J.H., JACOBSEN E., VISSER R.G.F., KAMOUN S., VLEESHOUWERS V.G.A.A. Qualitative and quantitative late blight resistance in the potato cultivar Sarpo Mira is determined by the perception of five distinct RXLR effectors. *Mol Plant Microbe Interact*. 2012;25:910–919. doi: 10.1094/MPMI-01-12-0010-R.
- ROSS H, (1986) Potato breeding-problems and perspectives, *Advances in Plant Breeding* 132 pp
- ROSYARA, U.R.; DE JONG, W.S. DOUCHES, D.S.; ENDELMAN, J.B., 2016: Software for Genome-Wide Association Studies in Autopolyploids and its Application to Potato. *Plant Genome* 9. DOI: 10.3835/plantgenome2015.08.0073
- SANETOMO, R, GEBHARDT, C. (2015) Cytoplasmic genome types of European potatoes and their effects on complex agronomic traits. *BMC Plant Biology* 15:162, DOI 10.1186/s12870-015-0545-y
- SATTERZADEH, A., ACHENBACH, U., LÜBECK, J., STRAHWALD J., TACKE E., HOFFERBERT, H.R., ROTHSTEYN, T., GEBHARDT, C. (2006): Single nucleotide polymorphism (SNP) genotyping as basis for developing a PCR-based marker highly diagnostic for potato varieties with high resistance to *Globodera pallida* pathotype Pa2/3. *Mol. Breed.* 18, 301-312.
- SCHEPERS, H.T.A.M., 2004: The development and control of *Phytophthora infestans* in Europe in 2003. Proceedings of the 8th workshop of an European network for development of an integrated control strategy of potato late blight. *Applied Plant Research Wageningen, PPO-Special Report* no. 10, 9-18.
- SCHWARZFISCHER A., BEHN A., GROTH J., REICHMANN M., KELLERMANN A., SONG Y.S. (2010) Markergestützte Selektion in der praktischen Kartoffelzüchtung -. Erfahrungen und Perspektiven. Bericht über die 60. Arbeitstagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs: 73-76.
- SLATER A.T., COGAN N.O.I., FORSTER J.W. (2013) Cost analysis of the application of marker-assisted selection in potato breeding. *Mol. Breed.* 32: 299–310.
- STEIN, N.; HERREN, G.; KELLER, B., 2001: A new DNA extraction method for high-throughput marker analysis in a large-genome species such as *Triticum aestivum*. *Plant Breeding* 120 (4), 354–356. DOI: 10.1046/j.1439-0523.2001.00615.x.
- STRAHWALD, J. (7 2011). Krautfäuleresistenzzüchtung- Grenzen und Chancen einer Kartoffelzüchtung für den ökologischen Landbau. *Kartoffelbau*, 47-50.
- SONG, Y.S., L. HEPTING, L. HARTL, G. SCHWEIZER, G. WENZEL, A. SCHWARZFISCHER (2002): Development of genetic markers to potato virus Y immunity from *S. stoloniferum* (Rysto) using primary dihaploid Assia population from anther culture. *Votr. Pflanzenzüchtg.* 54, 267-270.
- SONG Y.S., SCHWARZFISCHER, A. (2008): Development of STS markers for selection of extreme resistance (Rysto) to PVY and maternal pedigree analysis. *Am. J. Pot. Res.* 85, 159-170. Schwarzfischer, A., A. Behn, J. Groth, M. Reichmann, A. Kellermann, Y.S. Song (2010): Markergestützte Selektion in der praktischen Kartoffelzüchtung – Erfahrungen und Perspektiven. Bericht über die 60. Arbeitstagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 73-76.
- TRUBERG, B., HAMMANN, T., DARSOW, U., PIEPHO, H.P. (2009) Empirischer Vergleich verschiedener Methoden zur Reifekorrektur von Daten zum Befall mit Krautfäule (*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary) in Selektionsexperimenten bei der Kartoffel (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*).
- TRUBERG, B., HAMMANN, T., DARSOW, U., PIEPHO, H.P. (2010) Measuring late blight attack of potato foliage in field trials: optimal resource allocation in assessment trials. *JOURNAL FÜR KULTURPFLANZEN*, 62 (4). S. 142–149, 2010, ISSN 0027-7479

- UTZ, H.F. (2011) PLABSTAT Ein Computerprogramm zur statistischen Analyse von pflanzenzüchterischen Experimenten. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik. Universität Hohenheim
- Utz, H.F. (1998) PLABPLAN Erstellen von Plänen für Block- und Gitteranlagen. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik. Universität Hohenheim
- VAN BRUGGEN, A.H.C.; GAMLIEL, A.; FINCKH, M.R., 2015: Plant disease management in organic farming systems. Pest Management Science 72 (1), 30–44. DOI: 10.1002/ps.4145.
- WASTIE, R.L.; CALIGARI, P.D.S.; STEWART, H.E.; MACKAY, G.R., 1987: A glasshouse progeny test for resistance to tuber blight (*Phytophthora infestans*). Potato Res. 30, 533-538.
- WILBOIS K.P., (2011) Ökologisch partizipative Pflanzenzüchtung. FiBL Deutschland
- ZHU S, YING L, VOSSEN JH, VISSER RGF, JACOBSEN E. 2012. Functional stacking of three resistance genes against *Phytophthora infestans* in potato. Transgenic Research 21, 1: 89–99

11. Gesamtliste der Vorträge und Veröffentlichungen

11.1. Vorträge und Poster

11.1.1. IPK

Dehmer KJ: „DNA-based characterization and management of IPK's clonal potato accessions“. Vortrag beim IPK Institutstag, Gatersleben, 10.10.2016.

Dehmer KJ: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Arbeiten am IPK“ Vortrag bei der Jahrestagung der Kartoffelzüchter der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP), Bonn, 05.11.2013.

Diekmann K: „Exploring a genetic treasure: What is hidden within IPK's potato collection?“. Poster bei der German Plant Breeding Conference, Wernigerode, 28.02.-02.03.2018

Diekmann K: „Molecular evaluation of IPK's potato genetic resources“. Poster bei der Tagung Genomics of Plant Genetic Resources, Giessen, 04.09.2017

Diekmann K: „Improved germplasm management of Ipk's potato collections“. Vortrag bei der 20th Triennial Conference der EAPR, Versailles, Frankreich, 11.07.2017

Diekmann K: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau – Arbeiten am IPK“. Vortrag, Projekttreffen, Freising, 14.02.2017.

Diekmann K: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau – Arbeiten am IPK“. Vortrag, Projekttreffen, Freising, 23.02.2016.

Diekmann K: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau – Arbeiten am IPK“. Vortrag bei der Jahrestagung der Kartoffelzüchter der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e. V. (GFPI), Bonn 05.11.2015

Diekmann K: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Arbeiten am IPK“ Vortrag bei der Jahrestagung der Kartoffelzüchter der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP), Bonn, 05.11.2014

Diekmann K: „Molecular investigation of IPK's potato collections at a large scale“ Vortrag bei der 19th Triennial Conference der EAPR, Brüssel, Belgien, 09.07.2014

Diekmann K: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Arbeiten am IPK“ Vortrag bei der Jahrestagung der Kartoffelzüchter der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP), Bonn, 07.11.2012

Diekmann K, Löschner K, Grube M, Dehmer KJ. „In vitro-Erhaltung von Kartoffeln/ Anzucht von In vitro-Pflanzen für das Öko-Projekt“ Poster, Feldtag in Schrobenhausen, 17.07.2014.

Diekmann K, Löschner K, Grube M, Dehmer KJ: „Molecular in-depth analyses of IPK's clonal potato collections.“ Poster zum Institutstag des IPK Gatersleben, 25.09.2013.

Diekmann K, Löschner K, Grube M, Dehmer KJ: „Molecular in-depth analyses of IPK's clonal potato collections.“ Institutstag des IPK Gatersleben, 25.09.2013.

Diekmann K: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Arbeiten am IPK“ Vortrag bei der Jahrestagung der Kartoffelzüchter der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP), Bonn, 07.11.2012

11.1.2. JKI

Sprengel, M: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Infektionstests“ Vortrag, GFP Jahrestagung, Bonn 07.11.2012.

Sprengel, M: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Infektionstests“ Vortrag, GFP Jahrestagung, Bonn, 07.11.2012.

Sprengel, M: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Infektionstests“. Vortrag, GFP Jahrestagung, Bonn, 5.11.2013.

Sprengel, M: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau – Arbeiten am JKI“. Vortrag, Projekttreffen, Freising, 14.02.2017.

Sprengel, M: „Ergebnisse zur Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Basiszuchtmaterial für den ökologischen Landbau“. 37. Jahrestagung des DPG-Arbeitskreises Kartoffel, Braunschweig 02.03.2017.

11.1.3. LfL

Forster G, Sieber K, Kellermann A: „Bericht zur abgelaufenen Saison“ Vortrag GFPi Jahrestagung Berlin 8.11.2017

Forster G, Sieber K, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ Posterpräsentation, LfL Ökofeldtag 30.6.2017

Forster G, Sieber K, Kellermann A: „Genetic analysis of field resistance of potato to late blight in organic farming“ Poster GPBC Wernigerode 28.2. -1.3.2018

Forster G, Sieber K, Kellermann A: „Genetische Analyse der Feldresistenz von Kartoffeln gegenüber der Krautfäule im ökologischen Landbau“ Vortrag, GPZ & GFPi Sommertagung Groß Lüsewitz, 3.7.2017

Forster G, Sieber K, Kellermann A: „Genetische Analyse der Feldresistenz von Kartoffeln gegenüber der Krautfäule *Phytophthora infestans* im ökologischen Landbau“ Vortrag GPZ Resistenztagung Fulda, 5.12.2017

Forster G, Sieber K, Kellermann A: „Genetische Analyse der Feldresistenz von Kartoffeln gegenüber der Krautfäule im ökologischen Landbau“ Vortrag LfL AK Kartoffel 15.1.2018

Forster G, Sieber K, Kellermann A: „Krautfäuleregulierung - ein neuer Züchtungsansatz. Ableitungen für die Praxis nach sechs Jahren partizipativer Öko-Kartoffelzüchtung“ Vortrag Süddeutsche Naturland Kartoffeltagung, 15.2.2018

Forster G, Sieber K, Kellermann A: Projektkurzvorstellung sowie Versuchspräsentation und -besprechung im Rahmen der Bioland Kartoffel-Felderrundfahrt, 29.07.2016.

Forster G, Sieber K, Kellermann A: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Feldprüfung an den Ökostandorten“ Vortrag, GFP Jahrestagung, Bonn 07.11.2012

Forster G, Sieber K, Kellermann A: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Feldprüfung an den Ökostandorten“ Vortrag bei Feldbegehung in Schrobenhausen innerhalb der Vorlesung „Assessment of Sustainability in Agriculture“ der TU München in Schrobenhausen am 19.6.2013.

Forster G, Sieber K, Kellermann A: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Feldprüfung an den Ökostandorten“ Vortrag, Bioland-Versuchsfeldtag, Geltendorf-Walleshausen, 24.7.2013.

Forster G, Sieber K, Kellermann A: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Feldprüfung an den Ökostandorten“ Vortrag, GFP Tagung Bonn, 6.11.2013.

Forster G. "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Feldprüfung an den Ökostandorten“ Vortrag, AK Kartoffelerzeugung und Kartoffelzüchtung für den ökologischen Landbau, Freising am 13.1.2014.

Forster G, Sieber K, Kellermann A: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Feldprüfung an den Ökostandorten“ Vortrag, Naturland-Tagung, Freckenhorst, 28.1.2013.

Forster G, Sieber K, Kellermann A: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Ergebnisse der Feldprüfung an den Ökostandorten“ Vortrag MV Erzeugerring für Pflanzenbau Südbayern e.V. und Fachtagung Kartoffelbau des Amtes für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten Augsburg, Laimering am 20.2.2013.

Forster G, Sieber K, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau – Ergebnisse eines Sortenversuchs. Vortrag, Wissenschaftstagung ökologischer Landbau, 09.03.2017

Forster G, Sieber K, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau – Ergebnisse eines Sortenversuchs. Vortrag, Frühjahrsdienstbesprechung der Ämter, Freising, 16.03.2017.

Forster G, Sieber K, Schwarzfischer A, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ Vortrag, 6. Öko-Landbau-Tag der LfL, Triesdorf 2014.

Forster G, Sieber K, Schwarzfischer A, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ Vortrag, Feldtag Kartoffelzüchtung für gesunde Sorten, Schrobenhausen 17.7.2014.

Forster G, Sieber K, Schwarzfischer A, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ Vortrag, GFP Jahrestagung Bonn, 2014.

Forster G, Sieber K, Schwarzfischer A, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ Vortrag, Jahrestagung der GFP, Bonn, 2014.

Forster G, Sieber K, Schwarzfischer A, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ Vortrag, IPZ Colloquium LfL, Freising, 2015.

Forster G, Sieber K, Schwarzfischer A, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ Vortrag beim Arbeitskreis Kartoffelerzeugung und Kartoffelzüchtung im ökologischen Landbau, Freising, 2015.

Schwarzfischer A "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau - Einführung in das Verbundprojekt“ Vortrag, Erzeugerring für Pflanzenbau Südbayern e.V. und Fachtagung Kartoffelbau des Amt für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten Augsburg, Laimering, 20.2.2013.

Schwarzfischer A „Neue Züchtungsprojekte zur Entwicklung *Phytophthora*-resistenter Kartoffelzuchtstämme“ Vortrag, AK ökologischer Kartoffelanbau, Kassel, 05.12.2012.

Sieber K, Forster G, Kellermann A: „Participatory Potato Breeding for Organic Farming“ Poster GPBC Wernigerode 28.2. -1.3.2018.

Sieber K, Forster G, Kellermann A: „Kartoffelzüchtung für den ökologischen Landbau“ Vortrag, GPZ & GFPi Sommertagung Groß Lüsewitz, 3.7.2017.

Sieber K, Forster G, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ Vortrag GFPi Jahrestagung Berlin 8.11.2017.

Sieber K, Forster G, Kellermann A: „Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Kartoffelbau“ Vortrag 7. LfL Öko-Landbautag 20.9.2018.

Sieber K, Forster G, Kellermann A: „Fortschritte in der Krautfäule-Resistenzzüchtung - Nutzen für die Erzeugung von Biokartoffeln“ Vortrag DLG Feldtage Bernburg 13.6.2018.

Sieber K. "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau- Einführung ins Verbundprojekt“ Vortrag, GFP Jahrestagung, Bonn 07.11.2012.

Sieber K, Forster G, Kellermann A: "Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzuchtmaterial für den ökologischen Landbau – Einführung in das Verbundprojekt“ Vortrag, GFP Jahrestagung, Bonn, 6.11.2013.

Sieber K. Forster G. Kellermann A "Kartoffelzüchtung für den ökologischen Landbau – Wege in die Zukunft“. Vortrag, Frühjahrsdienstbesprechung der Ämter, Freising, 16.03.2017.

Sieber K, Bauer A, Forster G, Kellermann A, Schwarzfischer A, „Untersuchung der genomischen *Phytophthora*-Resistenzloci im Prüfgliedsortiment“ Vortrag, Feldtag Kartoffelzüchtung für gesunde Sorten, Schrobenhausen 2014.

Sieber K, Bauer A, Forster G, Kellermann A, Schwarzfischer A, „Untersuchung der genomischen *Phytophthora*-Resistenzloci im Prüfgliedsortiment“ Vortrag, Züchterbesprechung im Rahmen der Jahrestagung der GFP, Bonn, 2014.

Sieber K, Bauer A, Forster G, Kellermann A, Schwarzfischer A, „Untersuchung der genomischen *Phytophthora*-Resistenzloci im Prüfgliedsortiment“ Vortrag, IPZ Colloquium LfL, Freising, 2015.

Sieber K, Forster G. Kellermann A: "Kartoffelzüchtung für den ökologischen Landbau – Wege in die Zukunft“. Vortrag, Wissenschaftstagung ökologischer Landbau, 09.03.2017

Sieber K, Forster G, Schwarzfischer A, Kellermann A: "Development of Late Blight (*Phytophthora infestans*) Resistant Potato Breeding Material for Organic Farming" Poster. Euroblight Workshop, Limassol, Zypern, 21.-15. 5 2013.

11.1.4. Ökolandwirte und Verbände:

Dreyer W. Vortrag auf dem Bioland-Kartoffeltag und Landwirtschaftskammer Nds, 23.6.2017

Dreyer W. Vortrag auf dem Naturland-Kartoffeltag in Freckenhorst, 20.1.2017

Kainz, M: „Krautfäuleresistenzzüchtung mit aktiver Beteiligung von Landwirten – Projektbericht“ Vortrag, Bioland-Naturland-Kartoffeltagung, Fulda, 22.2.2017.

Kainz, M: Vortrag auf der Bioland-Naturland-Kartoffeltagung, Fulda, 22.2.2017.

Landzettel, C. Projekt-Öffentlichkeitsarbeit auf der 4. Internationalen Bioland und Naturland Kartoffelbautagung, Fulda. 21.-23. 02. 2017.

Landzettel, C. „Darf's etwas mehr Resistenz sein?“ bioland 12/ 2012, 8-9.

Landzettel, C. Gespräche mit Interessenskollegen aus dem Projekt Bio Impuls, „Open Days“ Niederlande, 09.-11.11.2016.

Landzettel, C. Projektkurzvorstellung im Rahmen eines Vortrages auf dem Bio Austria-Kartoffeltag, Bildungswerkstatt Mol (Niederösterreich), 22.11.2016.

Landzettel, C. Projektkurzvorstellung im Rahmen eines Vortrages auf dem Kartoffeltag des BBV, Herrsching, 23.11.2016.

Landzettel, C. Projektkurzvorstellung im Rahmen eines Vortrages für Studenten der TUM, Freising 18.01.2016.

Landzettel, C. Projektkurzvorstellung im Rahmen eines Vortrages für eine Bioland-Regionalgruppe am Chiemsee, Nußdorf-Sondermoning, 24.11.2016.

Landzettel, C. Projektkurzvorstellung im Rahmen eines Vortrages für die Lieferanten der terraviva AG, Kerzers (Schweiz), 29.11.2016.

Landzettel, C. Projektkurzvorstellung im Rahmen eines Vortrages für eine Bioland-Regionalgruppe auf der Schwäbischen Alb, Hohenstein-Meidelstetten, 30.11.2016.

Landzettel, C. und Forster G: Projektkurzvorstellung sowie Versuchspräsentation und -besprechung im Rahmen der Bioland Kartoffel-Felderrundfahrt, 29.07.2016.

Pieringer, E: Projektvorstellung bei der Felderbegehung Betrieb mit Kartoffeln zum Thema „Ansätze einer Krautfäulereduzierung durch Züchtung“, Aufhausen/Petershausen, 8.6.2016.

Pieringer, E: Projektvorstellung bei der Felderbegehung zum Thema „Ansätze einer Krautfäulereduzierung durch Züchtung“, Marklkofen, 26.7. 2016.

Pieringer, E. - Projektvorstellung bei einer Felderbegehung zum Thema „Ansätze einer Krautfäulereduzierung durch Züchtung“, Lappersdorf/Eichendorf, 4.7. 2016.

Pieringer, E. Projektvorstellung bei der Sortenbesprechung in Aldersbach, 19.1.2017.

Pieringer, E. Projektvorstellung bei der Sortenbesprechung in Hohenbercha, 11.1.2017.

Pieringer, E. Projektvorstellung beim Süddeutschen Naturland Kartoffeltag, Hohenbercha, 25.2.2016.

11.2. Veröffentlichungen

Diekmann, K., Löschner, K., Grube, M., Dehmer, K.J. „Molecular in-depth analyses of IPK's clonal potato collections“. Poster zum Institutstag des IPK Gatersleben, 25.09.2013.

Diekmann, K., Löschner, K., Grube, M., Dehmer, K.J. „In vitro-Erhaltung von Kartoffeln/ Anzucht von In vitro-Pflanzen für das Öko-Projekt“. Poster, Feldtag in Schrobenhausen, 17.07.2014.

Diekmann, K. „Molecular evaluation of IPK's potato genetic resources“. Poster, Genomics of Plant Genetic Resources, Gießen, 04.09.2017.

Diekmann, K. „Exploring a genetic treasure: What is hidden within IPK's potato collection?“. Poster, German Plant Breeding Conference, Wernigerode, 28.02.2018.

Forster G, Sieber K, Kellermann A, Schwarzfischer A: Breeding for late blight resistance under organic farming conditions. EAPR-Abstract Band, 2014, 108.

Kellermann A: Kartoffelzüchtung für gesunde Sorten - Feldtag 17. Juli. Kartoffelbau 6/2014, 45.

Landzettel, C: Auf der Spur der Krautfäuleresistenz. Bioland 12/2014, 8-10.

Schwarzfischer A: „Kartoffelzüchtung für gesunde Sorten“ Kartoffelbau 9-10/2014, 33.

Landzettel, C. Projektkurzvorstellung im Rahmen eines Fachartikels zur Krautfäule im Magazin „Kartoffelbau - Die Fachzeitschrift für Spezialisten“, Ausgabe Mai 2016, 14.

Sieber K, Dehmer K, Schwarzfischer A, Kellermann A, Hammann, T: Die Kraut-und Knollenfäule: Eine Herausforderung für die Kartoffelzüchtung. Kartoffelbau 6/2014, 42-45.

Sieber K, Forster G, Sprengel M, Diekmann K, Dehmer K, Hammann T und Kellermann A: „Krautfäule-Resistenzzüchtung: Eine Chance für den ökologischen Kartoffelbau“ Kartoffelbau 11/2018.

11.3. Veranstaltungen

Feldtag: „Kartoffelzüchtung für gesunde Sorten“ Schrobenhausen 17.7.2014.

Materialausstellung Freising, 21.12.2017

Ausstellung mit Messestand, DLG Feldtage, Bernburg, 12. -14.6.2018

Ausstellung mit Messestand, Potato Europe, Bockerode, 11-13.9.2018

Unterschriften der Institutsleitung / des Projektkoordinators

Freising, den 6. November 2018

Adolf Kellermann, Projektkoordinator

Dr. Peter Doleschel, Institutsleiter IPZ, Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung