



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft



Schlussbericht zum Thema

„Selektion und Züchtung nährstoffeffizienter Phytophthora-resistenter Kartoffelzuchtstämme für einen nachhaltigen ökologischen Landbau“

FKZ: 2818NA001; 2818NA002; 2818NA003

Projektnehmer/Projektnehmerin:

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

Julius Kühn-Institut

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

Gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft auf Grund eines Beschlusses des deutschen Bundestages im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau.

Das Bundesprogramm Ökologischer Landbau (BÖL) hat sich zum Ziel gesetzt, die Rahmenbedingungen für die ökologische Landwirtschaft in Deutschland zu verbessern. Es wird vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) finanziert und in der BÖL-Geschäftsstelle in der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) in die Praxis umgesetzt. Das Programm gliedert sich in zwei ineinandergreifende Aktionsfelder - das Forschungs- und das Informationsmanagement.

Detaillierte Informationen und aktuelle Entwicklungen finden Sie unter:

www.bundesprogramm.de
www.oekolandbau.de/forschung

Wenn Sie weitere Fragen haben, wenden Sie sich bitte an:

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Bundesprogramm Ökologischer Landbau
Deichmanns Aue 29
53179 Bonn
Tel.: 0228-6845-3280
E-Mail: boel-forschung@ble.de

Selektion und Züchtung nährstoffeffizienter Phytophthora- resistenter Kartoffelzuchtstämme für einen nachhaltigen ökologischen Landbau - EffiKar



Gefördert durch:



BÖLN

Bundesprogramm Ökologischer Landbau
und andere Formen nachhaltiger
Landwirtschaft

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages

Abschlussbericht

Verbundprojekt: „EffiKar – Selektion und Züchtung nährstoffeffizienter Phytophthora-resistenter Kartoffelzuchtstämme für einen nachhaltigen 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: 2818NA001 2818NA002 2818NA003
Laufzeit des Vorhabens: 01.09.2019 bis 29.02.2024	Berichtszeitraum: 01.09.2019 bis 29.02.2024

Kurzfassung

„EffiKar“ – Selektion und Züchtung Kraut- und Braunfäule-resistenter und nährstoffeffizienter Kartoffelstämme für einen nachhaltigen ökologischen Landbau

Das Verbundprojekt EffiKar hat zum Ziel für spätere Sorten Zuchtstämme zu entwickeln, die bei reduziertem Nährstoffangebot und verringertem Pflanzenschutzmitteleinsatz Ertrags- und Qualitätssicherheit im ökologischen Landbau gewährleisten. Ebenso soll untersucht werden, inwiefern die Nährstoffversorgung der Kartoffel die Anfälligkeit gegen *Phytophthora infestans* beeinflusst; schließlich sollen für die Merkmale von Interesse DNA-basierte Marker entwickelt werden.

In einem mehrjährigen Stickstoff Steigerungsversuch konnten keine signifikanten Effekte der N-Stufe auf den Befall mit *P. infestans* nachgewiesen werden. Allerdings fanden sich beachtliche Effekte der Sorten und Prebreeding-Stämme, wobei die Stämme fast ausschließlich ein deutlich höheres Resistenzniveau hatten. In den Qualitätseigenschaften konnten keine signifikanten Unterschiede zwischen Sorten und Stämmen gefunden werden.

Die LemnaTec-Anlage, die über modernste Hochdurchsatz-Phänotypisierungstechnik verfügt, soll für den Einsatz bei Kartoffeln optimiert werden.

An resistenten Prebreeding-Stämmen wurden Markeruntersuchungen mit bekannten PCR-Markern durchgeführt und es konnten 1-4 verschiedene Marker je Zuchtstamm nachgewiesen werden. Allerdings wurden auch Stämme mit hoher P.i. Resistenz ohne entsprechende Marker gefunden.

Im Rahmen einer genomweiten Assoziationsanalyse wurden 2 signifikante Marker-Merkmal-Assoziationen auf Chromosom 9, die mehr als 20 % der phänotypischen Varianz erklären, und insgesamt 15 signifikante Marker auf Chromosom 11, die jeweils mehr als 8 % der phänotypischen Varianz für die Resistenz gegen Krautfäule erklären, gefunden.

Neben vielen Kulturkartoffel (KKS) wurden erstmalig größere Anteile des andinen Kartoffel-Sortiments (AKS) sowie 40 Ökostämme bezüglich ihrer N- und P-Effizienz mit Hilfe eines Hydroponik-Systems charakterisiert. Es zeigte sich, dass N-Effizienz vor allem in andinem Material zu finden ist, während P-Effizienz zu großen Teilen bereits im Kultur-Pool enthalten ist.

“EffiKar” – Selection and breeding of nutrient efficient and late blight resistant potato breeding lines for sustainable organic farming

The aim of the EffiKar joint project is to develop breeding strains for later varieties that ensure yield and quality assurance in organic farming with a reduced supply of nutrients and reduced use of pesticides. It is also to be investigated to what extent the nutrient supply of the potato influences the susceptibility to *Phytophthora infestans*; finally, DNA-based markers are to be developed for the traits of interest.

In a multi-year nitrogen increase experiment, no significant effects of the N-level on infection with *P. infestans* could be detected. However, considerable effects of the varieties and prebreeding strains were found, whereby the strains almost exclusively had a significantly higher resistance level. No significant differences between varieties and strains could be found in the quality characteristics.

The LemnaTec, which features state-of-the-art high-throughput phenotyping technology, is to be optimized for use with potatoes.

Marker tests with known PCR markers were carried out on resistant prebreeding strains and 1-4 different markers per breeding strain could be detected. However, strains with high P.i. resistance were also found without corresponding markers.

In a genome-wide association analysis, 2 significant marker-trait associations on chromosome 9, which explain more than 20% of the phenotypic variance, and a total of 15 significant markers on chromosome 11, each explaining more than 8% of the phenotypic variance for resistance to late blight, were found.

In addition to many cultivated potatoes (KKS), larger proportions of the Andean potato range (AKS) and 40 organic strains were characterized for the first time regarding their N and P

efficiency with the help of a hydroponic system. It was found that N-efficiency is mainly found in Andean material, while P-efficiency is already contained largely in the culture pool.

Autoren:

Adolf Kellermann (LfL)

Email: Adolf.Kellermann@LfL.bayern.de; Telefon: 08161 71 3623

Dr. Thilo Hammann (JKI)

Email: thilo.hammann@julius-kuehn.de; Telefon: 038209 45 309

Dr. Klaus J. Dehmer (IPK)

Email: dehmer@ipk-gatersleben.de; Telefon: 038209 80525

Inhaltsverzeichnis

Selektion und Züchtung nährstoffeffizienter Phytophthora-resistenter Kartoffelzuchtstämme für einen nachhaltigen ökologischen Landbau - EffiKar	1
Abschlussbericht	1
Inhaltsverzeichnis	4
Abbildungsverzeichnis	8
Tabellenverzeichnis	15
Teil I: Einführung	18
1 Einführung	18
1.1 Gegenstand des Vorhabens	20
1.2 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts	21
1.2.1 Bezug des Vorhabens zu den einschlägigen Zielen des BÖL oder zu konkreten Bekanntmachungen und Ausschreibungen	21
1.2.2 Ziel und Aufgabe in der Umsetzung	22
1.3 Planung und Ablauf des Projektes	23
2 Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde	24
2.1 Nährstoffeffizienz bei Kartoffeln	24
2.2 Resistenzzüchtung	26
2.3 Markergestützte Selektion	27
2.4 Erschließung, Bewertung und Nutzung genetischer Ressourcen	27
Teil II: Teilbericht der LfL	29
3 Material und Methoden	29
3.1 Bereitstellung von Sämlingsknollen	29
3.2 Züchtung und pflanzenbauliche Versuche	31
3.2.1 Anlage der pflanzenbaulichen Feld- und Gewächshausversuche	33
3.2.2 Agronomische Bewertung	34
3.2.3 Laboruntersuchungen und genetische Analysen	34
3.2.4 Virustestung	35
3.2.5 Nematodentest	35
3.2.6 Kriebstest	36
3.2.7 <i>Phytophthora</i> -Monitoring auf den Versuchsflächen	36
4 Darstellung der Ergebnisse und Diskussion	36
4.1 Randomisierte Streifenanlage (N-Versuch)	36
4.2 Boden und Witterung am Standort Landsberg am Lech in den Anbaujahren 2020, 2021, 2022 und 2023	37
4.2.1 Agronomische Merkmale: Jugendentwicklung und Abreife	38
4.2.2 <i>P. i.</i> Resistenzzüchtung	40
4.2.3 Knollenertrag, Sortierung und Stärkegehalt	41

4.2.4	Speisewertqualität	45
4.2.5	Wurzelwachstum unter kontrollierten Gewächshausbedingungen	49
4.2.6	Trockenstresstoleranz	55
5	Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse	55
6	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen	56
7	Zusammenfassung LfL	58
8	Literaturverzeichnis LfL	59
9	63	
10	Übersicht über alle im Berichtszeitraum vom Projektnehmer realisierten Veröffentlichungen zum Projekt (Printmedien, Newsletter usw.), bisherige und geplante Aktivitäten zur Verbreitung der Ergebnisse	63
10.1	Vorträge	63
10.2	Artikel	64
10.3	Poster	64
10.4	Videos:	65
11	Anhang LfL	66
Teil III: Teilbericht des JKI		70
3	Material und Methoden	70
3.1	N-Steigerungsversuch (AP1)	70
3.2	Bewertung der Anfälligkeit gegen <i>Phytophthora infestans</i>	71
3.2.1	Krautfäuleprüfung im Feld	71
3.2.2	Bewertung der Krautfäuleresistenz im Labor	73
3.2.3	Erweiterung der genetischen Diversität der Kulturkartoffel mit dem Schwerpunkt auf quantitativer <i>Phytophthora</i> -Resistenz (AP 2)	76
3.3	Molekularbiologische Untersuchungen	78
3.3.1	Identifikation genetischer Marker für Krautfäuleresistenz (AP 4)	78
3.3.2	Durchführung einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS) (AP 4)	80
3.4	Etablierung und Nutzung moderner Drohnentechnik	81
4	Ausführliche Darstellung der Ergebnisse	81
4.1	Prüfung ausgewählter Sorten und Zuchtklone auf den Befall mit <i>P.i.</i> unter verschiedenen Dünge­stufen (Stickstoff) (AP 1)	81
4.1.1	Stickstoffsteigerungsversuch in den Jahren 2020 und 2021 (Blossei <i>et al.</i> , 2023) 81	
4.1.2	Stickstoffsteigerungsversuch 2022	92
4.1.3	Stickstoffsteigerungsversuch 2023	93
4.2	Prüfung ausgewählter Sorten und Zuchtklone auf den Befall mit <i>P.i.</i> unter verschiedenen Dünge­stufen (Stickstoff) über drei Versuchsjahre am Standort Groß Lüsewitz	97

4.3	Erweiterung der genetischen Diversität der Kulturkartoffel mit dem Schwerpunkt auf quantitativer <i>Phytophthora</i> -Resistenz (AP 2).....	100
4.4	Molekularbiologische Untersuchungen.....	102
4.4.1	Identifikation genetischer Marker für Krautfäuleresistenz (AP 4) (Blossei et al. 2021)	102
4.4.2	Durchführung einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS) (AP 4) (Blossei et al., eingereicht 2024)	103
4.5	Etablierung und Nutzung moderner Drohnentechnik	112
4.6	Resistenztests an den Pflanzen des Hydroponikversuches am IPK	112
4.7	Prüfung und Bewertung des vorhandenen und neu entwickelten Prebreeding-Materials	113
5	Diskussion der Ergebnisse	113
5.1	Stickstoffsteigerungsversuch in den Jahren 2020, 2021 und 2023	114
5.2	Identifikation genetischer Marker für Krautfäuleresistenz (AP 4) (Blossei et al. 2021)	115
5.3	Durchführung einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS) (AP 4) (entnommen aus Blossei et al, eingereicht 2024)	116
5.4	Prüfung und Bewertung des vorhandenen und neu entwickelten Prebreeding-Materials	117
6	Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse.	118
7	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen	119
7.1	Hinweise auf weiterführende Fragestellungen	122
8	Zusammenfassung JKI	123
9	Literaturverzeichnis.....	124
10	Übersicht über alle im Berichtszeitraum vom Projektnehmer realisierten Veröffentlichungen zum Projekt (Printmedien, Newsletter usw.), bisherige und geplante Aktivitäten zur Verbreitung der Ergebnisse.....	133
10.1	Veröffentlichungen	133
10.2	Poster	133
10.3	Vorträge.....	134
Teil IV: Teilbericht des IPK		135
3	Material und Methoden	135
3.1	Vergleich von Kultursystemen zur Erfassung der Nährstoffeffizienz.....	148
3.2	Beurteilung der N- und P-Effizienz	149
3.3	Untersuchungen <i>P.i.</i> -Anfälligkeit.....	149
3.4	Genotyping by Sequencing (GBS).....	149
4	Ausführliche Darstellung und Diskussion der Ergebnisse	151
4.1	Vergleich von Kultursystemen zur Erfassung der Nährstoffeffizienz.....	151

4.2	Ermittelte N- und P-Effizienzen.....	152
4.3	Ergebnisse <i>P.i.</i> -Anfälligkeit	162
4.4	Genotyping by Sequencing.....	164
4.5	Querschnittsaufgaben	165
5	Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse.	166
6	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen	166
7	Zusammenfassung IPK	166
8	Literaturverzeichnis.....	167
9	Übersicht über alle im Berichtszeitraum vom Projektnehmer realisierten Veröffentlichungen zum Projekt	168
9.1	Vorträge.....	168
9.2	Poster	168

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Übersicht über die Aufgaben der Institute.	23
Abbildung 2: Material- und Informationsfluss zwischen den beteiligten Partnern.	24
Abbildung 3: Aufnahme von Makronährstoffen während der Entwicklung und Reife der Kartoffelpflanze. Aus P. M. Harris (1978): The potato crop: The scientific basis for improvement.....	25
Abbildung 4: Ablauf der Samenerzeugung: Kastrierte Blüten werden von Hand mit Pollen des ausgewählten Elters bestäubt. Aus den Beeren einer Kreuzung werden die Samen gelöst und getrocknet.....	29
Abbildung 5: Kreuzungspartner innerhalb des Zuchtprogramms und die wichtigsten zur Kreuzung verwendeten Sorten.	30
Abbildung 6: Ablauf der Sämlingsknollen-Produktion. Nach der Vorkultur der Kartoffelsämlinge in Multizellplatten werden die Kreuzungsnachkommen in Töpfen im Kaltgewächshaus weitergezogen. Nach induzierter Abreife werden die Knollen geerntet und selektiert.	30
Abbildung 7: Sämlingsknollenproduktion in den Jahren 2021 bis 2023	31
Abbildung 8: a) Anzahl der jährlich selektierten Zuchtstämme innerhalb der einzelnen Vermehrungs-Generationen A-J im Projektzeitraum und b) Produktionsumfang von Projektsaatgut.	32
Abbildung 9: Einzelstauden aus Sämlingsknollen. Links: Feldaufgang, Mitte: nach Krautfäule-Befall, Rechts: Ernteknollen.....	33
Abbildung 10: Beispiel eines Markers auf der Standard BioTools Plattform. Auswertung standardmäßig als AA - AB – BB, bei der tetraploiden Kartoffel entspricht AA = AAAA und BB = BBBB, hinter AB verbirgt sich AAAB, AABB und ABBB.	35
Abbildung 11: Witterung am Standort Landsberg am Lech (Wetterstation Puch) in den Jahren 2020, 2021, 2022 und 2023. Darstellung der Temperatur (Monatsmittel, schwarz), Niederschlagsmenge (Monatssumme, blau) und klimatische Wasserbilanz (Monatssumme, grün) im Jahresverlauf.....	38
Abbildung 12: Jugendentwicklung und Abreife in den Jahren 2020 bis 2023 in Abhängigkeit von der Stickstoffversorgung in den Stufen N000 (rot), N060 (grün) und N120 (blau).	

Niedrigere Boniturnoten bedeuten eine zügigere Jugendentwicklung (links) oder langsamere Abreife (rechts). Mittelwerte \pm Standardabweichung.....	39
Abbildung 13: Abreife früher, mittelfrüher und mittelspäter Zuchtstämme (rot) und Vergleichssorten (blau) im Zeitverlauf im Anbaujahr 2022. Zuchtstämme mit niedrigeren Bonitur-Noten reiften langsamer ab. Mittelwerte \pm Standardabweichung.	40
Abbildung 14: P. i. Befall in den Jahren 2020 und 2021 der untersuchten Sorten (grün und rot) und Stämme (rot und blau) unter drei unterschiedlichen N-Stufen. Zum Vergleich des Befalls wurde der Flächeninhalt unter den Befallskurven im Zeitverlauf relativ zur höchstmöglichen Fläche dargestellt (AUDPC, Area under the disease progresse curve).	41
Abbildung 15: a) Vergleich der Knollenerträge der Anbaujahre 2020-2022 und b) einzelnen N-Stufen.	42
Abbildung 16: a) Mittlere Knollenerträge der Anbaujahre 2020, 2021 und 2022 unter mittlerer (blau) und niedriger (rot) N-Versorgung. B) Relative Ertragszunahme (%) der untersuchten Sorten und Kartoffelstämme zwischen niedrigen und mittleren Stickstoffbedingungen.	43
Abbildung 17: a) Streuung der Knollenerträge pro Pflanze im Anbaujahr 2023 im Gesamtversuch und b) innerhalb der N-Stufen.	44
Abbildung 18: a) Fraktionierung [Ertrag pro 10 Pflanzen in kg] und Knollen-Anzahl [Knollen-Anzahl pro 10 Pflanzen] \pm SE der Sorten und Zuchtstämme des Prüfsortiments in den Anbaujahren 2020-2022. Die Werte wurden mittels eines generalisierten linearen Modells mit den Faktoren, Jahr Behandlung und Genotyp geschätzt. b) Mittelwerte \pm Standardabweichung der Fraktionen [Ertrag pro 10 Pflanzen kg] und Knollen-Anzahl [Anzahl pro 10 Pflanzen] der Sorten und Zuchtstämme des Prüfsortiments des Anbaujahrs 2023. ...	45
Abbildung 19: Mittlere Boniturnote der Speisewertparameter a) in Abhängigkeit der N-Versorgungsstufen in den Anbaujahren 2020-2022, b) Reaktion der Genotypen im Geschmack auf die N-Düngung und b) Korrelationsmatrix der Speisewertparameter.	48
Abbildung 20: Wurzelwachstum (links) und Krautwachstum (rechts) unter optimaler und reduzierter N-Versorgung (Versuch 2021).	50
Abbildung 21: Vergleich des Zeitpunkts der maximalen Krautoberfläche unter optimaler und reduzierter N-Versorgung (Versuch 2021).	50

Abbildung 22: a) Wurzel- und b) Krautwachstum von 27 Sorten und Zuchtstämmen (2023) mit je sieben Wiederholungen pro Genotyp.	52
Abbildung 23: Maximale a) Wurzel- und b) Krautoberflächen der untersuchten Stämme und Sorten geschätzt mit einem generalisierten linearen Modell mit dem Faktor Genotyp, es wurden sieben Wiederholungen pro Genotyp angebaut.	53
Abbildung 24: Zeitpunkt von maximaler a) Wurzel- und b) Krautoberfläche geschätzt mit einem generalisierten linearen Modell mit dem Faktor Genotyp, bei sieben Wiederholungen pro Genotyp.	54
Abbildung 25: Krautfäuleresistenzprüfung im Feld.	73
Abbildung 26: Einzelblatttest zur Ermittlung der Krautfäuleanfälligkeit.	73
Abbildung 27: Labortest erntefrischer, unverletzter Knollen.	75
Abbildung 28: Ermittlung der quantitativen Knollenfäule-Resistenz.	76
Abbildung 29: Mittlere Δr AUDPC-Werte der 24 Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha).	82
Abbildung 30: Gemittelte Parzellenerträge aller Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha).	83
Abbildung 31: Mittlere Δr AUDPC-Werte der 38 Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha) in 2021	84
Abbildung 32: Mittlere Boniturnoten des Scheibentests der 38 Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha) in 2021	85
Abbildung 33: Gemittelte Parzellenerträge aller Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha) für das Jahr 2021	86

Abbildung 34:	Durchschnittliche Entwicklung des P. infestans-Befalls aller Stickstoffapplikationsraten von vier Kartoffelsorten und zwei Prebreeding-Zuchtstämmen im Jahr 2020 (a) und 2021 (b)	88
Abbildung 35:	Krautfäule Befall (rAUDPC) von vier Kartoffelsorten und zwei Prebreeding-Stämmen im Jahr 2020 (a) und 2021 (b).....	89
Abbildung 36:	Knollenfäulebefall im Scheibentest von vier Kartoffelsorten und zwei Prebreeding-Stämmen im Jahr 2020 (a) und 2021 (b).	91
Abbildung 37:	Erträge von Zuchtstämmen und Kontrollen der Leistungsprüfung im Jahr 2022	92
Abbildung 38	Ergebnisse der Leistungsprüfung 2022 mit Erträgen (in g/Pflanze) und Befall mit P.i. auf der Knollenscheiben (Mittelwerte der Verbräunung).....	93
Abbildung 39:	N-Versuch in Groß Lüsewitz Anfang August 2023.....	93
Abbildung 40:	Krautfäulebefall im Feldversuch Mitte August 2023	94
Abbildung 41:	Fraktionierung der Knollenerträge (n = 36) in den verschiedenen Düngestufen (N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha) für das Jahr 2023.....	95
Abbildung 42:	Mittelwerte (MW) der Boniturnoten des Scheibentests (BS) und des Blatttests (BT) in den verschiedenen Düngestufen (N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha) für das Jahr 2023	96
Abbildung 43:	Erträge der toleranten (T) und nicht toleranten (nT) Stämme und Sorten in den verschiedenen Düngestufen (N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha) in 2023	96
Abbildung 44:	Mittlere Δ rAUDPC-Werte der 36 Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha) in 2023.	97
Abbildung 45:	Versuchsplan mit 3 Düngestufen.....	98

Abbildung 46: Wetterdaten der Versuchsjahre 2020, 2021, und 2023 mit monatlicher Durchschnittstemperatur (M. Temp.) und monatlicher Niederschlagssumme (M. Nd.) am Standort Groß Lüsewitz	98
Abbildung 47: a) Gemittelter Knollenertrag und Standardabweichung des dreijährigen Stickstoffversuchs mit den Düngestufen N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha; b) Jahresmittel und Standardabweichung des Krautfäulebefalls im Stickstoffversuch von 2020, 2021 und 2023	99
Abbildung 48: Nachweis von R3a, R3b, Rpi-abpt, Rpi-blb1 und QTL_phu-stn in den Klonen '01.1290.02', '04.5214.03', '05.5049.10' und '13.1064.02' mittels genspezifischer Marker. Jede letzte Bahn (M) ist eine 100-bp-Leiter (AppliChem; Darmstadt, Deutschland). R3a und R3b: Positivkontrolle 'R3P10418104', Negativkontrolle 'R1P10218102'; Rpi-abpt: positiv Kontrolle 'R2P10318103', Negativkontrolle 'Gala'; Rpi-blb1: Positivkontrolle 'GLKS-31741', Negativkontrolle 'Gala'; QTL_phu-stn: Positivkontrolle 'IVP 48', Negativkontrolle 'Gala'....	103
Abbildung 49: Clusteranalyse der genetischen Verwandtschaft von 161 Zuchtklonen und 39 Sorten auf Basis der $\Delta rAUDPC$ Werte.	105
Abbildung 50: Manhattan-Diagramme für den Blatttest (a), $\Delta rAUDPC$ (b), $rAUDPC$ (c) und Knollenscheibentest (d).	106
Abbildung 51: Boxplots für die Bonituren der Blattteste (a), der $\Delta rAUDPC$ -Werte (b), der $rAUDPC$ -Werte (c) und der Ergebnisse des Knollenscheibentests (d), aufgeteilt in die Gruppen, die mindestens ein alternatives Allel tragen Chromosomen 11 (C11) und 9 (C9) oder kein alternatives Allel tragen (none).	107
Abbildung 52: Kopplungsungleichgewicht (LD, r^2) der 15 signifikanten Marker-Merkmal-Assoziationen auf Chromosom 11.....	108
Abbildung 53: N-Versuch in Groß Lüsewitz Anfang Juli 2023 ohne Spätverunkrautung und ohne Befall mit <i>P. infestans</i>	112
Abbildung 54: Leistungsprüfung der selektierten Prebreeding-Stämme unter natürlichen Befallsbedingungen mit <i>P. infestans</i> im Jahr 2023 in Groß Lüsewitz.....	113

Abbildung 55: Erzeugte Spross- und Wurzelbiomasse bei der Erfassung der N-Effizienz in drei verschiedenen Kultursystemen (von links nach rechts Hydroponik-, Sand- und Weckglas-Kultur).....	151
Abbildung 56: Verschiedene Stadien eines Hydroponik-Versuchs zur Erfassung der P-Effizienz.	152
Abbildung 57: Wurzelscans einer Standardsorte bei niedriger (links) und hoher (rechts) P-Behandlungsstufe.	152
Abbildung 58: Stickstoffnutzungseffizienzen der Ökostämme und von Standardsorten.	153
Abbildung 59: geografische Herkunft der 225 untersuchten Genbank-Akzessionen.	155
Abbildung 60: Frischgewicht der Sprosse der GLKS-Akzessionen bei hoher (grün) bzw. niedriger Nährstoffversorgung, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS) und Standard-Sorten; oben: N; unten: P.	155
Abbildung 61: Frisch- (links oben) und Trockengewicht (links unten) der Sprosse, Trockengewicht der Wurzeln (rechts oben) sowie Wurzel-Spross-Verhältnis (rechts unten) der GLKS-Akzessionen bei hoher (grün) bzw. niedriger Nährstoffversorgung, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS; Anordnung siehe Abbildung 60 und Standard-Sorten; oben: N; unten: P.....	156
Abbildung 62: N- (oben) und P-Gehalte (unten) der GLKS-Akzessionen in mg/Pflanze bei hoher (grün) bzw. niedriger Nährstoffversorgung, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS) und Standard-Sorten.	157
Abbildung 63: Balkendiagramme der N- (oben) und P-Gehalte (unten) der EffiKar-Akzessionen [mg/Pflanze] bei hoher bzw. niedriger Nährstoffversorgung, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS) und Standard-Sorten sowie angeordnet nach Gesamtwerten; gestrichelte Linie: Mittelwert.	158
Abbildung 64: Balkendiagramme der STI für N- (oben) bzw. P-Aufnahme (unten) der EffiKar-Akzessionen, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS) und Standard-Sorten; gestrichelte Linie: Mittelwert.....	159
Abbildung 65: Pearson-Korrelationsmatrix der erfassten Merkmale STI und N- bzw. P-Gehalte unter Hoch- bzw. Niedrig-N- und P- Bedingungen.	162
Abbildung 66: Hauptkomponentenanalyse der untersuchten Genotypen, basierend auf GBS-Daten. Serien nach Hawkes (1990): <i>Bulbocastana</i> (BUL), <i>Circaefolia</i> (CIR), <i>Conicibaccata</i>	

(CON), Morelliformia (MOR), Pinnatisecta (PIN), Piurana (PIU), wilde Tuberosa (TUBw) und Yungasensa (YNG)..... 164

Abbildung 67: Bayes'sche Populationszuordnung mit $K=7$ 165

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Ergebnisse der Varianzanalyse der Knollenerträge pro Pflanze der Anbaujahre 2020, 2021 und 2022.	42
Tabelle 2: Einfluss der Faktoren N-Stufe, Jahr, Genotyp und der Speisewertparameter auf den Geschmack.	46
Tabelle 3: Mittelwerte der einzelnen Speisewertparameter der Sorten und Zuchtstämme des N-Versuch in den Anbaujahren 2020-2022 ± Standardabweichung.	49
Tabelle 4: Trockenstresstoleranz der angebauten Sorten und Stämme, da es sich um das erste Prüfljahr handelt, sind die Einordnungen als Tendenz zu sehen.	55
Anhang Tabelle 5: Relative Knollenerträge, Abreife und Jugendentwicklung der geprüften Sorten und Stämme im Anbaujahr 2023.	66
Anhang Tabelle 6: Relativerträge der Vergleichssorten und Zuchtstämme des Stickstoffsteigerungsversuchs der Versuchsjahre 2020, 2021 und 2022 ± einfacher Standardabweichung.	68
Tabelle 7: Anzahl Prüfglieder in den Versuchsjahren 2020 bis 2023	71
Tabelle 8 Internationales Differentialsortiment (nach BLACK, 1953, modifiziert)	72
Tabelle 9: Erfassung des Krautfäulebefalls (Einzelblatttest).....	74
Tabelle 10: Erfassung des Befalls im Knollentauchtest	75
Tabelle 11: Bewertung des Befalls im Scheibentest	76
Tabelle 12 Molekulare Marker zum Nachweis entsprechender Krautfäule-Resistenzgene 79	
Tabelle 13: P-Werte der ANOVA für alle Merkmale.....	87
Tabelle 14: Korrelation der Speisewertprüfung (SPW) mit Jahr und Ertrag der Versuchsjahre 2020, 2021 und 2023.	100
Tabelle 15: Einzelpflanzen (Knöllchen) Anbau auf Ökobetrieben bzw. am JKI in den Jahren 2020 bis 2023 zur Selektion.....	101

Tabelle 16: Pearson-Korrelationskoeffizienten zwischen der relativen Fläche unter der Befallsverlaufskurve (rAUDPC), dem reifungskorrigierten Befall (Δ rAUDPC), den Blatttests und den Knollenscheibentests.	104
Tabelle 15: R-Gene und QTL gegen Kraut- und Knollenfäule auf Chromosom 9.....	110
Tabelle 18: R-Gene und QTL gegen Kraut- und Knollenfäule auf Chromosom 11.....	111
Tabelle 19: Gegenüberstellung der wichtigsten ursprünglich geplanten Ziele zu den tatsächlich erreichten Zielen.....	119
Tabelle 20: Untersuchte Ökostämme.....	136
Tabelle 21: Im Rahmen von EffiKar analysierte GLKS-Akzessionen	137
Tabelle 22: Ermittelte Stresstoleranz-Indices der jeweils fünf besten bzw. schlechtesten Ökostämme; farbig hinterlegt: zweimal in der Tabelle vorkommende Genotypen.....	154
Tabelle 23: Minimal-, Maximal- und Mittelwerte der N- und P-Stresstoleranz-Indices von Sprossen und Wurzeln von Genbank-Akzessionen.....	160
Tabelle 24: Genbank-Akzessionen mit höchstem bzw. niedrigstem Stresstoleranz-Index; farbig hinterlegt: zweimal in der Tabelle vorkommende Akzessionen.....	161
Tabelle 25: Toleranz-Einstufung der Standards und Ökostämme bei drei verschiedenen N-Düngungsstufen.....	163

Abkürzungsverzeichnis

AKS	Andines Kartoffel-Sortiment
ELISA	Enzyme-linked-Immunosorbent Assay
GBS	Genotyping by Sequencing
GLKS	Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente
GWAS	Genome Wide Association Study
IPK	Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung
JKI	Julius Kühn-Instituts
KF	Krautfäule
KKS	Kulturkartoffel-Sortiment
LfL	Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
N	Stickstoff
NUE	Nutzungseffizienz
P	Phosphor
<i>P. i.</i>	<i>Phytophthora infestans</i>
SSR	Simple sequence repeats
SPAD	Soil Plant Analysis Development
THG	Treibhausgas
WKS	Wildkartoffel-Sortiment

Teil I: Einführung

1 Einführung

Zur Verminderung der Nährstoffeinträgen in Grund- und Oberflächenwasser ist im Frühjahr 2020 die neue Düngeverordnung in Kraft getreten. Dadurch wurde das Thema Nährstoffnutzungseffizienz für die züchterische Bearbeitung von Kulturpflanzen verstärkt in den Fokus gerückt. Verringerte Düngungsmaßnahmen bewirkten die Verringerung der Nährstoffverfügbarkeit im Ackerboden und können sich in Form von abiotischem Stress in Form von Stickstoff (N)- und Phosphor (P)-Mangel äußern. Als viertwichtigste Feldfrucht ist vor allem die Karotte sehr stark betroffen, da durch das schwach ausgebildete, flache Wurzelsystem (Tanner et al. 1982) bei gleichzeitig hohem Nährstoffbedarf keine tieferen Bodenschichten zur Nährstoffaufnahme erreicht werden können. Zudem liegt der höchste N-Bedarf sehr nahe am Pflanztermin (Harris 2012), was die Gefahr der N-Verluste vor allem im Zusammenhang mit kräftigen Niederschlägen und der Feldbewässerung erhöht (Woli et al. 2016).

Die angestrebte Verringerung des Düngemitelesatzes kann eine Reduzierung der Treibhausgas (THG)-Emissionen in der Landwirtschaft in Deutschland bewirken. In der Vergangenheit wurden laut Umweltbundesamt seit dem Referenzjahr 1990 die THG-Emissionen kontinuierlich verringert. Im Jahr 2022 wurden 40,4 % weniger THG-Emissionen als im Jahr 1990 ausgestoßen. Das bedeutendste THG war Kohlenstoffdioxid, gefolgt von Methan und Lachgas. Die größte Quelle der Klimagase Methan und Lachgas ist mit 76 % die Landwirtschaft. Seit dem Jahr 1990 wurde im Gegensatz zu den anderen Sektoren Verkehr und Industrie keine bedeutsame Reduktion von Methan- und Lachgasemissionen in der Landwirtschaft erreicht. Lachgasemissionen sind vor allem auf den Einsatz stickstoffhaltiger Düngemittel zurückzuführen. Dadurch kann eine Reduktion des Düngemitelesatzes durch eine erhöhte Stickstoffnutzungseffizienz der Pflanzenbestände ein Beitrag zur Reduzierung von THG-Emissionen liefern. Die Züchtung effizienterer Kulturpflanzen, die zur Reduzierung des N-Inputs führen, steht im Einklang mit der deutschen Nachhaltigkeitsstrategie, die die Verringerung der Stickstoffüberschüsse auf 70 Kilogramm pro Hektar landwirtschaftlich genutzter Fläche bis zum Jahr 2028 vorsieht.

Das Bundesprogramm strebt eine Verringerung der Belastung von Gewässern (Eutrophierung) und der Atmosphäre (Klimawandel) an. Umweltbelastungen ergeben sich sowohl bei der Herstellung als auch bei einer unzureichenden Verwertung von Düngemitteln. Die verschärften Vorgaben aus der im Jahr 2017 novellierten, deutschen Düngeverordnung zur Ausbringung von Düngemitteln und Kultursubstraten regulieren neben dem Ausbringungsort, besonders die zeitlichen und mengenmäßigen Ausbringungsraten.

Quantitativ ist hiervon vor allem die konventionelle Landwirtschaft betroffen, geringere Auflagen ergeben sich für ökologisch wirtschaftende Betriebe.

Die Kartoffel (*Solanum tuberosum* L.) benötigt hohe Stickstoffgaben aufgrund ihrer geringen N-Nutzungseffizienz (NUE) im Feldanbau (Errebhi et al. 1998a). Die NUE wird durch die N-Aufnahme der Kartoffel beeinflusst, die N-Aufnahmeeffizienz ist definiert durch die N-Konzentration in der Pflanze im Verhältnis zur N-Zufuhr. Die NUE beschreibt den Ertrag im Verhältnis zur N-Aufnahme (Zebarth et al. 2004a; Kleinkopf et al. 1981). Die Kartoffel weist eine sehr schwache Wurzelentwicklung auf, 90 % der Wurzeln sind in einer Tiefe bis 25 cm lokalisiert (Tanner et al. 1982). Im Vergleich zu den Kulturpflanzen Reis, Mais, Weizen und Sojabohne weist die Kartoffel mit die geringste Wurzeldichte auf (Yamaguchi and Tanka 1990). Der höchste N-Bedarf im Kartoffelanbau liegt sehr nahe am Pflanztermin (Harris 2012), was die Gefahr der N-Auswaschung vor allem im Zusammenhang mit Bewässerung und Niederschlag steigen lässt (Woli et al. 2016). Im ökologischen Landbau besteht die Herausforderung die limitierte N-Verfügbarkeit in Einklang mit dem N-Bedarf zu bringen, dies ist besonders bei Kulturpflanzen mit einem kurzzeitig hohen N-Bedarf relevant (Pang et al. 2000). Als Indikator zur Feststellung des N-Versorgungsgrades wurde bei vielen Kulturpflanzen die Messung des Blattchlorophyllgehalts mittels zerstörungsfreien SPAD-Meters (Soil Plant Analysis Development, SPAD) Messungen vorgeschlagen (Minotti et al. 1994, Gianquinto et al. 2001, Wu et al. 2007). Vos und Bom (1993) zeigten, dass der Chlorophyllgehalt des Kartoffelblattes sehr eng mit dem N-Gehalt korreliert ist. Neben dem N-Gehalt werden die Merkmale Knollenertrag und Krautwachstum von der Höhe des N-Inputs beeinflusst (Ghiyal und Bhatia et al. 2018). Der N-Input hat Auswirkungen auf die Blattgröße der Kartoffel, bei höheren Stickstoffgaben verändert sich dagegen die Anzahl ausgebildeter Blätter kaum (Vos und Biemond 1992). Eine frühe Krautentwicklung kann eine raschere Knollenentwicklung bewirken, was besonders bei hohem Infektionsdruck durch die Kraut- und Knollenfäule (*Phytophthora infestans* Mont. de Bary) im ökologischen Landbau von Bedeutung ist (Tiemens-Hulscher et al. 2014).

Die Phänotypisierung des Wurzelwachstums im Feld kann durch arbeitsintensives Ausgraben der Pflanzen (Wishart et al. 2013) oder in substratfreien Aeroponic-Systemen erfolgen (Yousaf et al. 2021). Frühere Untersuchungen zeigten, dass Fotoaufnahmen des Wurzelwerks von transparenten Pflanzgefäßen repräsentativ für das gesamte Wurzelwerk für wichtige monokotyledone und dikotyledone Kulturpflanzen sind und die Substratlagerungsdichte nur geringen Einfluss auf die Wurzelentwicklung ausübt (Nagel et al. 2013).

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 Krautfäule (KF)-Resistenz im Zuchtmaterial gelegt werden, damit der Produktionsprozess im ökologischen Landbau in Zukunft nachhaltiger, effizienter und akzeptabler gestaltet werden kann.

Die Aufgabe der Projektbeteiligten bestand darin, das *P. i.* resistentes Zuchtmaterial im Hinblick auf die Nährstoffnutzungseffizienz, die Speisewertqualität und andere wichtige agronomische Merkmale (z. B. Ertrag, Resistenzen) durch gezielte Kreuzungen weiterzuentwickeln. Parallel wurde junges Zuchtmaterial auf seine Anbaueignung partizipativ, in Zusammenarbeit mit den Landwirten, die in die Selektionsarbeiten miteinbezogen waren, geprüft. An der LfL und dem JKI wurden in den Jahren 2020, 2021 und 2022 Kreuzungen durchgeführt, die daraus resultierenden Nachkommen wurden auf den Ökobetrieben über die Vegetationsperiode beobachtet und selektiert. Ziel der Züchtungsarbeit war es unter ökologischen Landbaubedingungen die bestehende KF-Resistenz weiter zu vererben und mit weiteren wichtigen Merkmalen wie der Nährstoffnutzungseffizienz zu kombinieren. Bei der Auswahl der Kreuzungseltern wurde darauf geachtet über Resistenzen gegen Nematoden und Virenbefall, weitere positive Eigenschaften gezielt ins Zuchtmaterial einzubringen.

Eine wichtige genetische Ressource 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 aus 2.850 Wildkartoffelakzessionen (WKS), gefolgt von vorwiegend alten Kartoffelsorten und Zuchtstämmen (Kulturkartoffelsortiment/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.

Eine wichtige Quelle genetischer Ressourcen in Deutschland stellen *Phytophthora*-resistente Kartoffelstämme aus dem Prebreeding-Programm des JKI in Groß Lüsewitz dar. Dessen jahrzehntelange 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.

Ebenso sollen 50 während des Vorgängerprojektes entstandene Zuchtstämme auf ihre N- und P-Effizienz untersucht werden, um so ein weiteres Selektionskriterium zu schaffen. Zusätzlich wurden unterschiedliche Kultursysteme zur Beurteilung der N- und P-Effizienz geprüft. Die Beurteilung der N- und P-Effizienz erfolgte an Zuchtstämmen, an zehn Standardsorten sowie an der Genbank-Kernsammlung. Mittels Blattchlorophyllmessungen wurden die Auswirkungen auf die Pflanzen beurteilt. Zum Versuchsende erfolgten die Bestimmungen der Trockenmasseerträge sowie Untersuchungen zur Nährstoffaneignungs- und Verwertungseffizienz.

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 des Projekts

1.2.1 Bezug des Vorhabens zu den einschlägigen Zielen des BÖL oder zu konkreten Bekanntmachungen und Ausschreibungen

Als Projektziele und Aufgaben wurden festgelegt:

„Züchtung und Selektion von *Phytophthora infestans* (P. i.) resistenten und nährstoffeffizienten Kartoffelstämmen für den ökologischen Landbau“

Im Zuge des Projekts werden von den Projektpartnern (siehe 1.3) umfangreiche Untersuchungen im Feld und im Gewächshaus zur Untersuchung und Weiterentwicklung des Zuchtmaterials unternommen. Die Schwierigkeit besteht darin, eine Vielzahl von Eigenschaften, die bei der Kartoffel von Bedeutung sind zu kombinieren.

Neben der Entwicklung von vier Kartoffelpopulationen für die Zielmerkmale N- und P-Effizienz werden die Kreuzungs- und Selektionsarbeiten weitergeführt, um die Genetik des Zuchtmaterials im Hinblick auf wichtige Eigenschaften wie die P. i. Resistenz und Nährstoffeffizienz zu optimieren.

Dazu erfolgt zum einen die „Phänotypisierung des Zuchtmaterials“. Dazu wird an den Instituten LfL und JKI ein Stickstoffsteigerungsversuch zur Prüfung vielversprechender Zuchtstämme angelegt, um einerseits die Zuchtstämme unter niedrigen und hohen Stickstoffbedingungen zu testen und andererseits einen Zusammenhang zwischen P. i. Befall und Stickstoffgabe zu untersuchen.

Zum anderen werden die Zuchtsämme molekular-genetische untersucht. Im Prebreeding-Genpool des JKI finden sich zahlreiche Zuchtstämme mit einer stabilen sehr hohen P. infestans Resistenz. Mit Hilfe von PCR-Markern für verschiedene P.i. Resistenzgene und QTL werden die Zuchtstämme näher charakterisiert.

Im N-Steigerungsversuch sollten in diesem Teil des Projektes durch mehrjährige, genaue Erhebungen von Evaluierungsdaten die grundlegende Datenbasis für eine Assoziationsstudie (GWAS) zur Ermittlung von P.i.-resistenten Stämmen mit verbesserter N-Effizienz liefern.

1.2.2 Ziel und Aufgabe in der Umsetzung

Ziel des Vorhabens war die Weiterentwicklung des Phytophthora infestans (P. i.) resistenten Kartoffelzuchtmaterials des Julius Kühn-Instituts (JKI) im Hinblick auf die N- und P-Effizienz für den ökologischen Landbau. Die von Phytophthora infestans verursachte Kraut- und Knollenfäule gilt als einer der wichtigsten biotischen Stressoren bei Kartoffeln. Dabei war unter anderem die Fragestellung von Interesse, inwieweit die Nährstoffversorgung einen Einfluss auf den Befall durch den Erreger hat. Parallel wurde die IPK-Kernsammlung erstmals phänotypisch auf N- und P-Effizienz untersucht, die unter anderem als Maßzahlen für die Toleranz gegenüber abiotischen Stressfaktoren herangezogen werden.

Ein weiteres Ziel war es mit Landwirten unter ökologischen Landbaubedingungen an der Züchtung von Krautfäule-Resistenz in Kombination mit weiteren wichtigen Merkmalen wie der Nährstoffnutzungseffizienz zu arbeiten. Bei der Auswahl der Kreuzungseltern wurde darauf geachtet über Resistenzen gegen Nematoden und Virenbefall, weitere positive Eigenschaften gezielt ins Zuchtmaterial einzubringen.

Ziel des Projekts ist die Entwicklung zukünftiger Kartoffelsorten, die in der Lage sind, bei reduziertem Nährstoffangebot und verringertem Pflanzenschutzmitteleinsatz Ertragssicherheit zu gewährleisten. In engem Zusammenhang mit den Projektzielen steht eine Verringerung der Treibhausgas-Emissionen in der Landwirtschaft.

Ein Ziel der Arbeiten am JKI war die Beurteilung des Einflusses der N-Düngungsintensität auf den Befall und das Resistenzverhalten von ausgewählten Vergleichssorten und Zuchtstämmen. Dies erfolgte in einem mehrfaktoriellen Feld-versuch mit unterschiedlichen N-Düngungsstufen in den Jahren 2020, 2021 und 2023. Darüber hinaus sollte dieser Teil des

Projektes durch mehrjährige, genaue Erhebungen von Evaluierungsdaten die grundlegende Datenbasis für eine Assoziationsstudie zur Ermittlung von P.i.-resistenten Stämmen mit verbesserter N-Effizienz liefern. Eine Genomweite Assoziationsstudie an Zuchtklonen des EffiKar Projektes war geplant, um die genetischen Hintergründe der P.i. Resistenz des getesteten Materials besser zu verstehen.

Da im Prebreeding-Genpool des JKI zahlreiche Zuchtstämme mit einer stabilen sehr hohen P. infestans Resistenz vorhanden sind, sollten Zuchtklone mit Hilfe von PCR-Markern näher charakterisiert werden.

Weiterhin sollte beim JKI Ausgangsmaterial mit erhöhter Resistenz gegenüber der Kraut- und Knollenfäule bei reduzierter N-Düngungsintensität entwickelt und selektiert werden. Der Aufbau und die gezielte züchterische Verbesserung von Sämlingspopulationen mit verbesserter N-Effizienz unter reduzierten Düngergaben und gleichzeitig verbesserter Resistenz gegen P.i. ermöglichen eine Erweiterung der Biodiversität im Kartoffelgenpool.

Ziel der Arbeiten am IPK war es, Genotypen aufzudecken, in denen N- und P-Effizienz möglichst mit Phytophthora-Resistenz kombiniert ist. Am JKI wurden dazu Kartoffelmuster der IPK-Kernsammlung auf die Anfälligkeit gegenüber dem Erreger Phytophthora infestans unter verschiedenen Düngegraden untersucht.

1.3 Planung und Ablauf des Projektes

Das Projekt wurde als Verbundprojekt der Partner JKI, IPK und LfL geplant und durchgeführt. Jeder Projektpartner bearbeitete eigenständig seine Aufgaben. Auf den Projekttreffen wurden die gemeinsamen Aufgaben abgestimmt und über den Stand der Arbeiten und die Ergebnisse informiert. Dem Zuwendungsgeber wurden die entsprechenden Zwischenberichte zugeleitet.

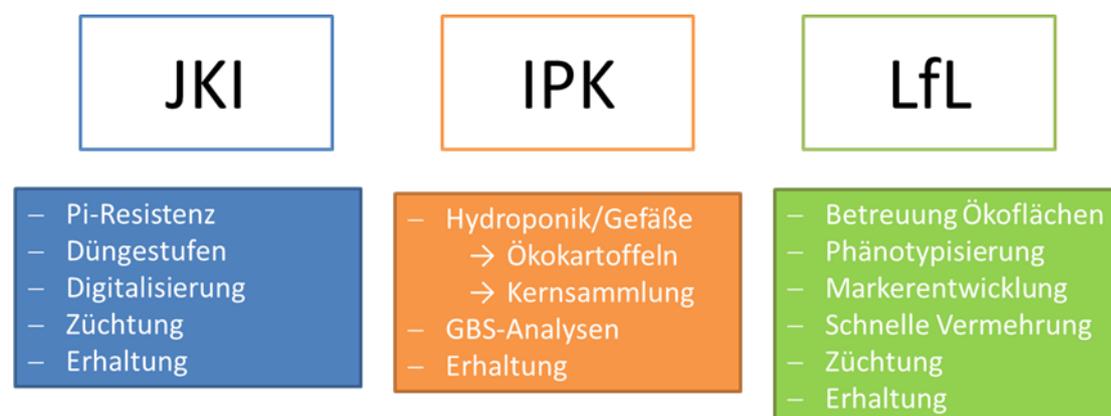


Abbildung 1: Übersicht über die Aufgaben der Institute.

In *Abbildung 1* sind die Aufgaben der Projektpartner dargestellt. Neben den drei Forschungseinrichtungen spielten die beteiligten Landwirte eine entscheidende Rolle. Diese stellten die langjährig ökologisch bewirtschafteten Flächen zur Verfügung und wirkten im

Anbau, Pflege, Beurteilung und Selektion des Züchtungsmaterials an allen entscheidenden Stellen mit. Der Informations- und Materialfluss zwischen den Projektpartnern und den Biobetrieben ist zusammen mit den ursprünglichen Aufgaben in *Abbildung 2* dargestellt.

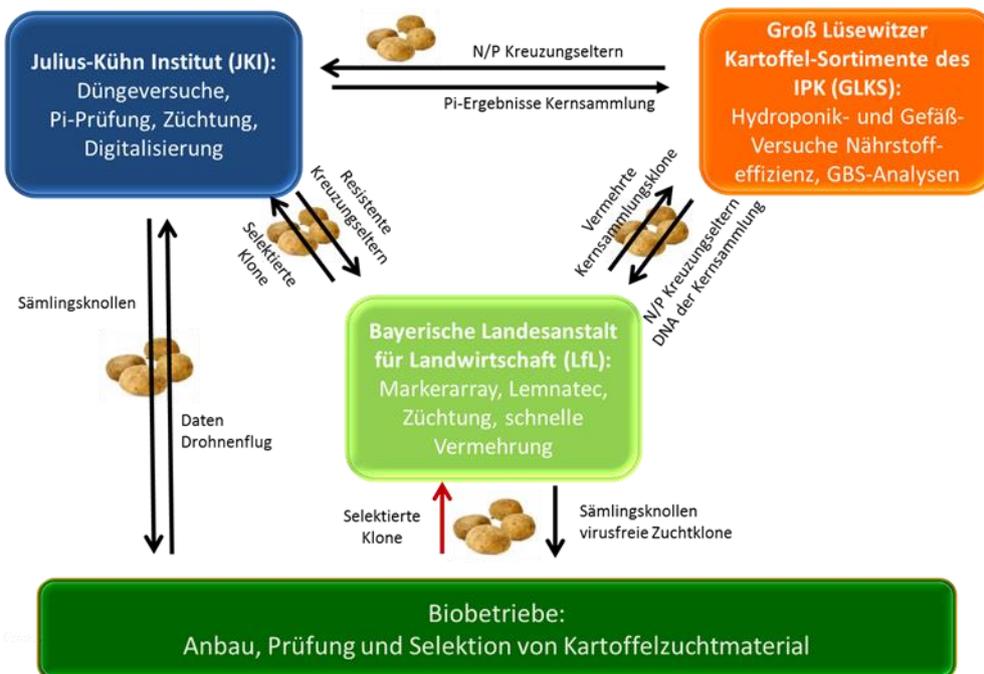


Abbildung 2: Material- und Informationsfluss zwischen den beteiligten Partnern.

2 Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

2.1 Nährstoffeffizienz bei Kartoffeln

Der sogenannte DOK-Versuch in der Schweiz ist ein Langzeitversuch, bei dem seit 1978 drei Bewirtschaftungssysteme (biologisch-dynamisch (D), organisch-biologisch (O) und konventionell (K)) an einem Standort mit siebenjähriger Fruchtfolge miteinander verglichen werden. Dort zeigte sich, dass biologisch angebaute Kulturen bei einer Einsparung von 65% der N-, 40% der P- sowie 45% der Kalium-Düngemenge einen 20%igen Ertragsverlust im Vergleich zu mineralisch gedüngten Kulturen aufweisen (<http://www.fibl.org/de/schweiz/forschung/bodenwissenschaften/bw-projekte/vergleich-biologischer-und-konventioneller-anbausysteme.html>). Die Ertragsverluste der Kartoffeln waren bei diesem Versuch mit 22% bis 42% am höchsten, da sie einen sehr hohen Nährstoffbedarf hat. Zu dem durch mangelhafte Nährstoffversorgung entstandenen abiotischen Stress kam bei dem DOK-Versuch noch biotischer Stress durch den Befall mit Kraut- und Knollenfäulen-erreger *Phytophthora infestans* hinzu. Diese beiden Stressfaktoren

führten dann letzten Endes zu den stark reduzierten Erträgen, welche jedoch durch züchterische Bearbeitung der Kartoffel vermieden bzw. verringert werden könnte.

Der Versuch zeigte, dass bei Kartoffel die Sortenwahl ein wichtiger ertragsbestimmender Faktor ist. Sorten, die Nährstoffe effizient ausnutzen können, benötigen geringere Düngemittelgaben und sind auch unter ungünstigen Witterungsbedingungen ertragsstabiler. Die Züchtung effizienter Varianten trägt zu einer umweltschonenderen und ökonomischen Landwirtschaft bei.

Abbildung 3 zeigt, dass Kartoffelpflanzen von der Keimung bis zum Beginn der Abreife kontinuierlich Nährstoffe aufnehmen. Den höchsten Bedarf an Stickstoff und Kalium hat die Pflanze zwischen Auflauf und Blütenentwicklung. Eine hohe Aufnahme und Einlagerung im Kraut und eine effektive Verwertung der Nährstoffe bei der Knollenbildung sind demnach Zieleigenschaften bei der Züchtung nährstoffeffizienter Kartoffeln für den ökologischen Anbau.

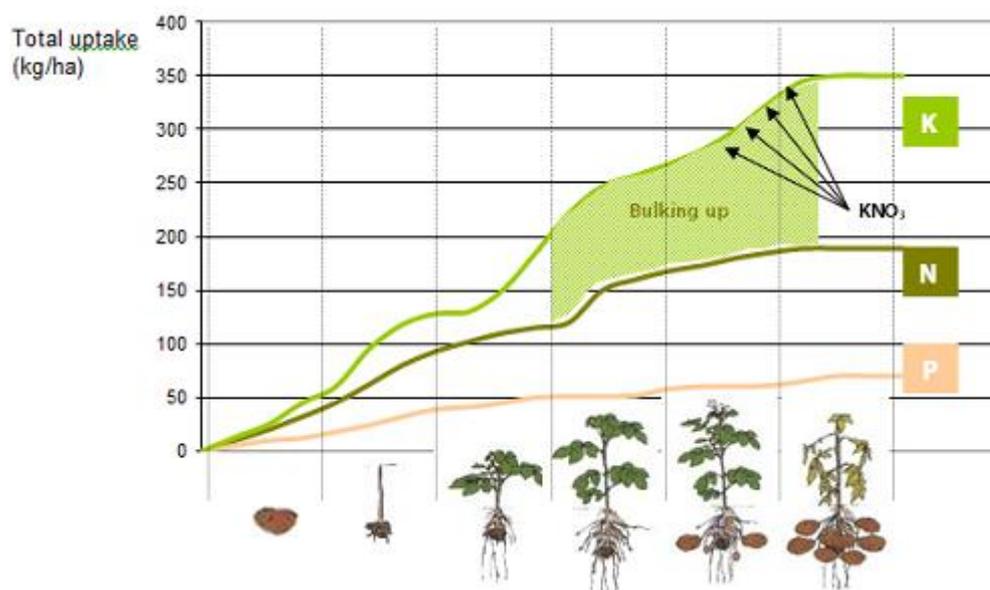


Abbildung 3: Aufnahme von Makronährstoffen während der Entwicklung und Reife der Kartoffelpflanze. Aus P. M. Harris (1978): *The potato crop: The scientific basis for improvement*.

Nährstoffeffizienz bei Pflanzen lässt sich in Aufnahmeeffizienz und Verwertungseffizienz messen. Diese werden beeinflusst durch veränderte Bodenfruchtbarkeitsgrade, klimatische Bedingungen, Fruchtfolge und Veränderungen der Produktionspraktiken (Steward et al., 2005). Laut Fageria et al. (2008) ist Effizienz das Verhältnis des Outputs (ökonomischer Ertrag) zum Input (Düngemittel). Bestehende Projekte bemühen sich um die Züchtung stickstoffeffizienter Raps- und Maissorten, die nur mit leichten Ertragsverlusten auf ein geringeres Stickstoffangebot reagieren. Im hier vorgestellten Vorhaben sollen diese Eigenschaften bei Kartoffelpflanzen untersucht und züchterisch verbessert werden.

2.2 Resistenzzüchtung

Trotz jahrzehntelanger, intensiver Züchtungsbemühungen an den weltweit führenden Kartoffelforschungseinrichtungen stehen bisher nicht genügend geeignete Speisesorten mit ausreichender Kraut- und Knollenfäulenresistenz zur Verfügung. Die ausgeprägte Anpassungsfähigkeit des Oomyceten *Phytophthora infestans* (*P. i.*), der innerhalb kürzester Zeit neue Erregerrassen bilden kann, führte in der Vergangenheit immer wieder zu schnellen Resistenzdurchbrüchen (Haverkort et al., 2009). Dies geschah insbesondere nach der gezielten Einkreuzung einzelner dominanter R-Gene in die Kartoffel, die nur eine rassenspezifische Resistenz gegen *P. i.* vermitteln. Eine Resistenz, die dauerhaft stabil sein kann, wird nach Darsow (2008) quantitativ vererbt, was das Erreichen eines hohen Resistenzniveaus zu einem langwierigen, stetigen Prozess mit zahlreichen Rekombinationszyklen werden lässt.

Da Resistenzen gegen die Kraut- und Knollenfäule durch Kreuzungen mit Wildarten in die Kulturkartoffel eingebracht werden, besitzen die Nachkommen durch den hohen Anteil an hierbei „mitgeschleppter“ Wildartengene unerwünschte Eigenschaften wie zum Beispiel späte Abreife, unförmige Knollen, lange Stolone oder geringen Ertrag. Dies wird als sogenannter „Linkage Drag“ bezeichnet. Wird eine Population ausschließlich nach den erwünschten qualitativen Kriterien selektiert, wie dies bei der kommerziellen Sortenzüchtung 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 die kommerziellen 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 auf *P. i.* Resistenz zurückblicken (Darsow, 2000). Dabei wurden Resistenzen aus verschiedenen Wildarten eingekreuzt und Kartoffelpflanzen selektiert, deren Widerstandsfähigkeit quantitativ manifestiert ist. Dies verleiht der Pflanze zwar keinen absoluten Schutz gegen einen Befall, wirkt aber befallsreduzierend gegen alle oder mehrere Erregerrassen.

An der Ausprägung einer quantitativen Resistenz sind mehrere bis viele Gene – sogenannte Polygene oder QTL – beteiligt. Die züchterische Nutzung der quantitativen Resistenz wird durch ihre komplexe Vererbung jedoch wesentlich erschwert. Außerdem unterliegt ihre Ausprägung einem erheblichen Umweltweinfluss. Resistenztests müssen daher über mehrere Jahre und unter 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 verbesserter *P. i.* Resistenz an die kommerzielle Kartoffelzüchtung abgegeben. Wie die Erfahrungen der Züchter zeigten, erfolgt dieser Schritt aber immer noch zu früh und die Resistenzen verlieren sich in den ersten Schritten des Zuchtprozesses, 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 & Bardshaw, 2006; Ross, 1986). In der Kartoffelzüchtung sind die Zuchtziele besonders komplex, da 60 bis 70 Merkmale oft polygen vererbt werden, was eine markergestützte Vorselektion erheblich erschwert. Um genetische Marker für eine breite *P. i.* Resistenz zu etablieren, wurde am JKI chromosomale Resistenzloki mit Hilfe der Diversity Array Technology (DART) identifiziert. Dies soll eine zukünftige markergestützte Selektion ermöglichen und zur Verkürzung des Zuchtprozesses beitragen.

2.3 Markergestützte Selektion

Über genetische Marker können bestimmte Eigenschaften im Zuchtmaterial bereits am Sämling identifiziert werden. Eine kleine Blattprobe ist für die Durchführung der dafür nötigen DNA-Analyse ausreichend. Voraussetzung für diese sogenannte markergestützte Selektion ist die Verfügbarkeit genetischer Marker für die gewünschten Resistenzeigenschaften. Für wenige bedeutende Eigenschaften ist dies in der Kartoffelzüchtung bereits realisiert: beispielsweise ist der Marker Gro1 diagnostisch für eine breite Resistenz gegen den Zysten bildenden 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 & Schwarzfischer, 2008). Ihre Anwendung hat sich bereits in der züchterischen Praxis an der LfL und an anderen Einrichtungen bewährt (Schwarzfischer et al., 2010; Dalton et al., 2011; Lopez et al., 2012; Slater et al., 2013).

2.4 Erschließung, Bewertung und Nutzung genetischer Ressourcen

In Deutschland werden pflanzengenetische Ressourcen u.a. der Kartoffel in der Bundeszentralen Ex-situ-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen des IPK erhalten. Um die Biodiversität im Kartoffelzuchtmaterial zu erweitern und Resistenzen neu einzubringen, ist es von großer Bedeutung, die Diversität der Kartoffel, bezüglich verschiedenster Resistenzen, aber auch die generelle Diversität im Kulturkartoffel-Sortiment als züchterische Grundlage genauer zu erfassen und zu charakterisieren. Diese Arbeit stellt auch die wesentliche Grundlage für Züchtungsarbeiten zur Kombination der *Phytophthora* - Resistenz mit anderen für den Marktwert einer Sorte entscheidenden Merkmalen dar.

Genauso wichtig sind aber auch langfristig vorgelagerte Arbeiten mit *Solanum*-Wildarten aus der Genbank, welche für die Entwicklung der aktuellen JKI-Zuchtstämme mit quantitativer *Phytophthora*-Resistenz unabdingbar sind; diese Arbeiten werden seit mehr als 50 Jahren in bewährter Kooperation zwischen IPK und JKI (bzw. am früheren Institut für Kartoffelforschung als gemeinsamer Vorgängereinrichtung beider Institute) erfolgreich durchgeführt.

Teil II: Teilbericht der LfL

3 Material und Methoden

3.1 Bereitstellung von Sämlingsknollen

Für die spätere Selektion unter Ökolandbau-Bedingungen bei den beteiligten Landwirten wurden an der LfL Sämlingsknollen generiert. Für die Produktion der Knollen werden zwei Jahre benötigt, dabei werden im ersten Jahr gezielte Kreuzungen durchgeführt, die entsprechend den Kreuzungen etikettierten Kartoffelbeeren geerntet, das Saatgut aufbereitet und gezählt (*Abbildung 4*).



Abbildung 4: Ablauf der Samenerzeugung: Kastrierte Blüten werden von Hand mit Pollen des ausgewählten Elters bestäubt. Aus den Beeren einer Kreuzung werden die Samen gelöst und getrocknet.

Im Folgejahr wird das Saatgut ausgewählter Kreuzungen gesät, die Kartoffelsämlinge nach 3-4 Wochen in Töpfe gepflanzt und nach 16 bis 18 Wochen Kulturdauer im Herbst die daraus resultierenden Sämlingsknollen geerntet. Bei der Aussaat wurde nicht nur Saatgutbestände des letzten Jahres berücksichtigt, sondern auch auf Saatgut von Kreuzungen zurückgegriffen, die bereits ein oder zwei Jahre zuvor gekreuzt wurden, um so die Anzahl der gesäten Kreuzungen weiter zu erhöhen. Bei der Ernte der Sämlingsknollen wurden zwei Drittel verworfen, da Knollenform, die Farbe oder die Beschaffenheit der Kartoffelschale Mängel aufweist. Durch die Vorselektion des Zuchtmaterials unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus, können unerwünschte Sämlingsknollen gut aussortiert werden, gleichzeitig steigt die Qualität des Zuchtmaterials bei der ersten Begutachtung im Zuchtgarten und es können mehr Zuchtstämme auf dem Feld geprüft werden.

Als Kreuzungspartner wurden überwiegend Stämme aus dem Projekt der LfL und des JKI verwendet. Zur weiteren Verbesserung und Einkreuzung positiver Eigenschaften wurden überwiegend Sorten und darüber hinaus Stämme der bayerischen Züchter genutzt. Ein breiter züchterischer Ansatz ist gerade bei der Kartoffelzüchtung von großer Bedeutung, da die Zuchtziele je nach Verwertungsrichtung voneinander abweichen, zudem finden im ökologischen Landbau ganz andere Sorten Verwendung, als es im konventionellen Anbau der

Fall ist. Um die Züchtung neuer, für den ökologischen Landbau angepasster Sorten zu ermöglichen wurden jedoch auch konventionelle Sorten einbezogen, die möglichst viele unterschiedliche positive Eigenschaften in sich vereinen (

Abbildung 5).

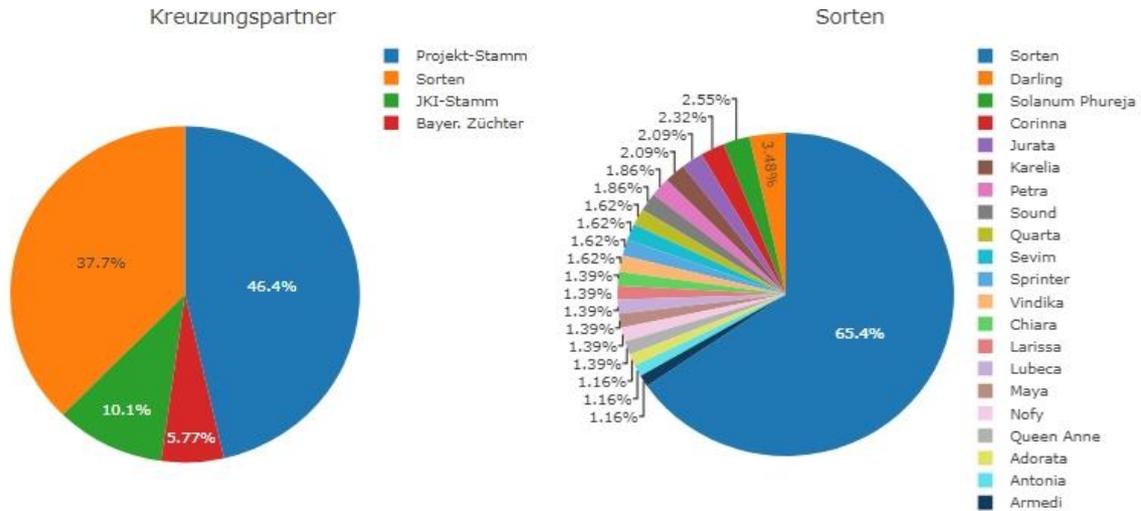


Abbildung 5: Kreuzungspartner innerhalb des Zuchtprogramms und die wichtigsten zur Kreuzung verwendeten Sorten.



Abbildung 6: Ablauf der Sämlingsknollen-Produktion. Nach der Vorkultur der Kartoffelsämlinge in Multizellplatten werden die Kreuzungsnachkommen in Töpfen im Kaltgewächshaus weitergezogen. Nach induzierter Abreife werden die Knollen geerntet und selektiert.

Im Rahmen des Projekts wurde durch umfangreiche Saatgut-Produktion der Grundstein für die weiteren Züchtungsanstrengungen gelegt. In den Projektjahren 2020 bis 2023 wurden zwischen 3987 und 18443 Samen aus unterschiedlichsten Öko-Kreuzungen aus 136 bis 230

unterschiedlichen Kreuzungen ausgesät, was zu einer nachhaltig hohen Sämlingsknollenproduktion führte. Abbildung 6 veranschaulicht die Sämlingsknollenproduktion. Davon wurden in den Folgejahren jährlich über 6000-7000 Sämlingsknollen auf den ökologischen bewirtschafteten Flächen Landsberg am Lech und Fürstenfeldbruck als Einzelpflanze oder Ramsch angebaut. Zusätzlich wurden mit dem Verbundpartner JKI zwischen 500 bis 600 Sämlingsknollen jährlich ausgetauscht. Darüber hinaus wurden auf den ökologisch und konventionell bewirtschafteten Flächen in Roding (Landkreis Cham) und Freising (LfL) Sämlingsknollen gepflanzt. Die Selektion an mehreren Standorten ermöglichte die Prüfung einer größeren Anzahl von Kartoffelsämlingen, was den weiteren Züchtungsbestrebungen zugutekam. Im Zeitverlauf ist gut erkennbar, dass von 2021 bis 2023 die Aussaatmengen und die Produktion von Sämlingsknollen unter gleichbleibenden Selektionsbedingungen gesteigert wurden (*Abbildung 7*).

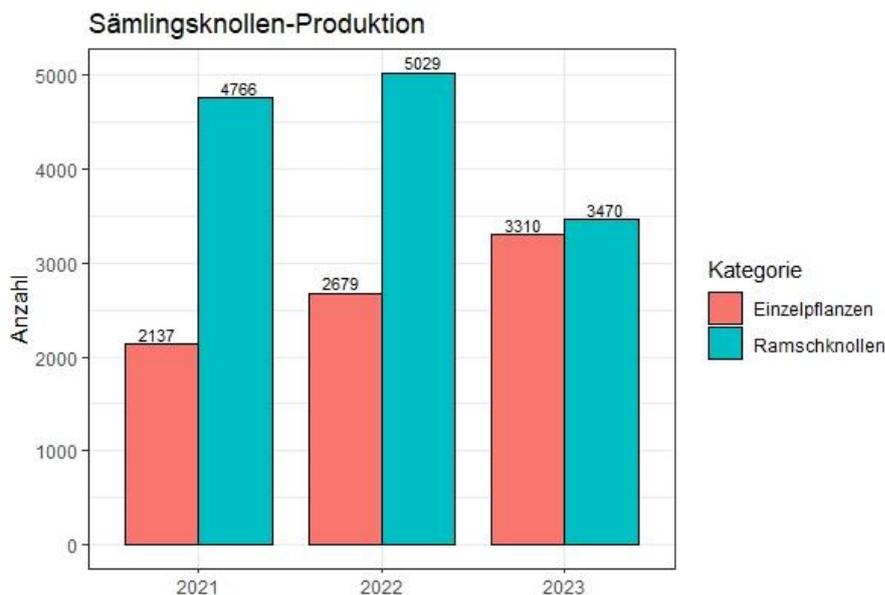
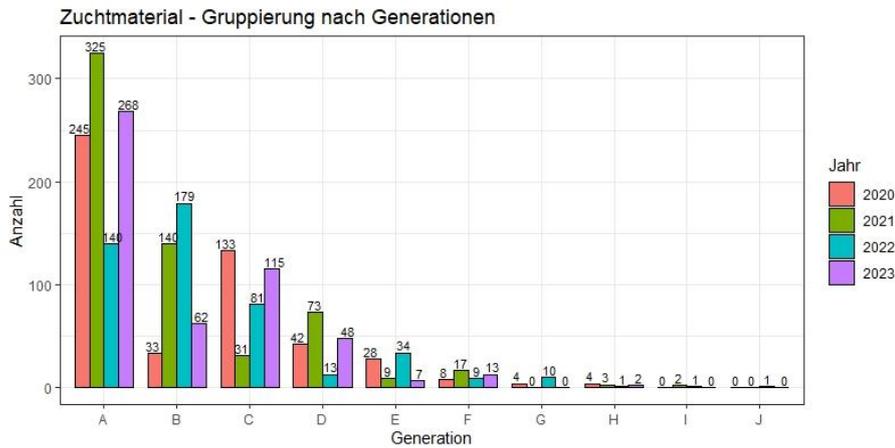


Abbildung 7: Sämlingsknollenproduktion in den Jahren 2021 bis 2023

3.2 Züchtung und pflanzenbauliche Versuche

Durch den fortwährenden Selektionsprozess in den Projektjahren wurde im hohen Umfang neues Zuchtmaterial in den unterschiedlichen Generationen erzeugt. Da die Erhaltung von Zuchtstämmen im Feld nur zu einem begrenzten Umfang erfolgen kann, muss in jedem Jahr entschieden werden welche Genotypen den angestrebten Züchtungszielen am nächsten kommen (*Abbildung 7* und *Abbildung 8*).

a)



b)

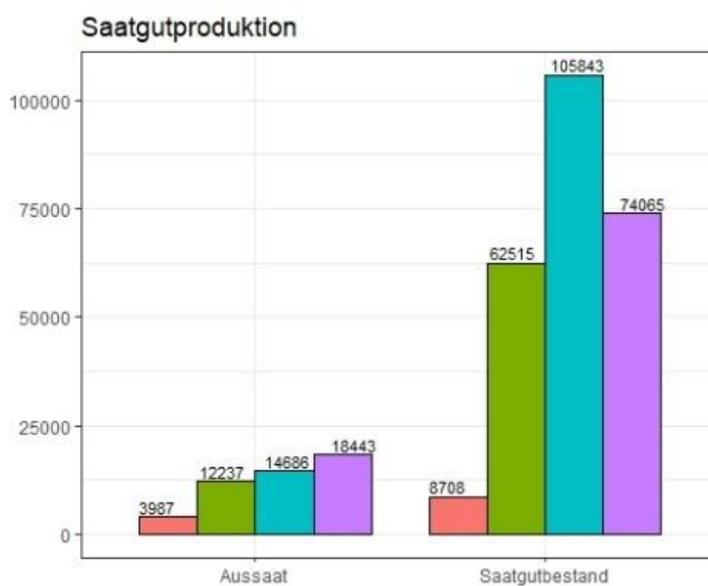


Abbildung 8: a) Anzahl der jährlich selektierten Zuchtstämme innerhalb der einzelnen Vermehrungs-Generationen A-J im Projektzeitraum und b) Produktionsumfang von Projektsaatgut.

In den Anbaujahren 2020, 2021, 2022 und 2023 wurde am Prüfstandort Landsberg am Lech eine randomisierte Streifenanlage zur Beobachtung, Prüfung und Bewertung fortgeschrittener Projektstämme im Vergleich zu den etablierten Kartoffelsorten Adretta, Otolia, Krone und Jelly angelegt. Der Versuch hatte das Ziel unter natürlichen *P. i.* Infektionsbedingungen unter drei unterschiedlichen Stickstoffstufen das Zuchtmaterial im Hinblick auf Nährstoffnutzungseffizienz, Speisewertqualität und *P. i.* Resistenz zu prüfen. Neben den Feldversuchen wurden ausgewählte, fortgeschrittene Zuchtstämme in der automatischen Fließbandanlage der LfL im Hinblick auf ihre Kraut- und Wurzelentwicklung untersucht. Zusätzlich wurde an allen Versuchsstandorten zur Prüfung und Vermehrung etabliertes Zuchtmaterial aus dem Vorgängerprojekt Ökokartoffel angebaut und darüber hinaus junges und fortgeschrittenes Zuchtmaterial gepflanzt.



Abbildung 9: Einzelstauden aus Sämlingsknollen. Links: Feldaufgang, Mitte: nach Krautfäule-Befall, Rechts: Ernteknollen.

3.2.1 Anlage der pflanzenbaulichen Feld- und Gewächshausversuche

Im Zuge des Stickstoffsteigerungsversuches (N-Versuch) wurden drei Wiederholungen innerhalb der drei Stickstoffstufen je Vergleichssorte und Zuchtstamm angelegt, was insgesamt neun Wiederholungen ergibt. Je Parzelle wurden zwei Doppelreihen a fünf Pflanzen mit einem Reihenabstand von 33 cm gepflanzt, als Stirnrand- und Pufferpflanzen, zwischen den Stickstoffstufen und den Parzellenrändern wurden die rotschaligen Sorten Birgit, Sandra und Arosa verwendet. Zur Auswertung der Knollenerträge wurden die Kartoffeln mittels einer Trommelsiebanlage in drei Fraktionen < 30 mm, $30 - 50$ mm und > 50 mm sortiert und anschließend gewaschen. Von jeder gewaschenen Partie wurden 2 - 4 kg Kartoffelknollen der mittleren Fraktionen für die Bestimmung des Stärkegehalts mittels Unterwassergewicht verwendet. Die Planung und Auswertung der Stickstoffsteigerungsversuche erfolgten in Excel und R (Version 4.0.2). Für die Auswertung der *P. i.* Bonituren wurde des R-Paket *Agricolae* (De Mendiburu, 2019 und 2020) verwendet, um die Flächeninhalte unter den Befallskurven zu ermitteln. *Abbildung 9* vermittelt einen Eindruck von den Feldversuchen.

In den Jahren 2021 und 2023 wurden fortgeschrittene Zuchtstämme in der automatischen Fließbandanlage der LfL im Hinblick auf ihr Kraut- und Wurzelwachstum untersucht. Die im Zeitverlauf erstellten Fotos wurden mit einem Algorithmus auf Basis künstlicher Intelligenz (Wolution GmbH & Co. KG, 82152 Planegg) auf die Erkennung von Kraut und Wurzeln trainiert und an einem Testdatensatz validiert. Die Planung und Auswertung der Versuche erfolgten mit Excel und R (Version 4.0.2). Mittels eines generalisierten linearen Modells das Varianzheterogenität zwischen den Genotypen annahm wurden die Werte für die einzelnen Merkmale Kraut- und Wurzeloberfläche der Genotypen anhand des Modells geschätzt.

3.2.2 Agronomische Bewertung

Im Rahmen des N-Versuchs wurden folgende Eigenschaften erfasst:

- Anzahl der Lücken und Virus-befallener Pflanzen
- Erntemasse der Fraktionen <35mm; 35-50mm; >50mm
- Knollenzahl pro Pflanze/Parzelle??
- Spezifische Dichte (Stärkegehalt)
- Jugendentwicklung
- Knollengröße, Knollenform, Fleischfarbe, Augentiefe, Schalenbeschaffenheit, Keimfreude, Mängel
- Speisewert

In der automatischen Fließbandanlage der LfL wurden folgende Parameter ermittelt:

- Kraut- und Wurzelentwicklung über Zeitverlauf
- Frischmasse Kartoffelkraut
- Knollenertrag
- Zeitpunkte maximale Steigung Kraut- und Wurzelentwicklung

3.2.3 Laboruntersuchungen und genetische Analysen

Marker- und Laboranalysen wurden an der LfL durchgeführt, um Aussagen über die Resistenzausstattung der Prüflieder 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.

Die DNA von 39 fortgeschrittenen Zuchtstämmen wurde auf dem Standard BioTools (ehemals Fluidigm) SNP-Chip im Hinblick auf 96 P. i. Marker (solcap) untersucht. Die Firmen-Software kann nur die drei Gruppen AA – AB – BB unterscheiden und ist daher für die Auswertung von Tetraploiden nur bedingt geeignet (*Abbildung 10*).

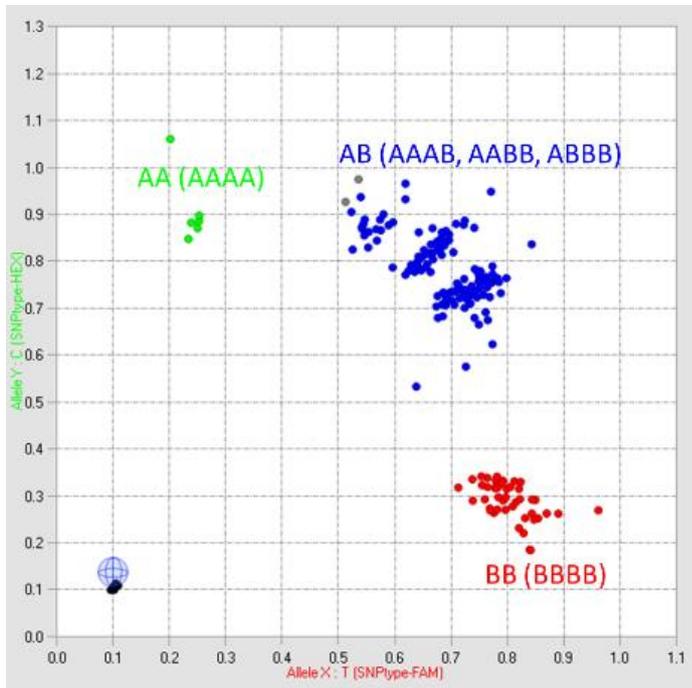


Abbildung 10: Beispiel eines Markers auf der Standard BioTools Plattform. Auswertung standardmäßig als AA - AB - BB, bei der tetraploiden Kartoffel entspricht AA = AAAA und BB = BBBB, hinter AB verbirgt sich AAAB, AABB und ABBB.

3.2.4 Virustestung

Von frühem Zuchtmaterial der 1. und 2. Knollenvermehrung wurde jede Knolle durch das antikörperbasierte Nachweisverfahren ELISA (Enzyme-linked-Immunosorbent Assay) am Presssaft des Dunkelkeims oder Blattsaft eines Augenstecklings auf den Befall der Kartoffelviren R, Y, M und S untersucht. Von fortgeschrittenen Zuchtstämmen wurde eine repräsentative Stichprobe zwischen 16 und 42 Augenstecklingen auf Virusbefall geprüft. Die benötigten Antikörper und Puffer waren von der Firma Bioreba (Bioreba AG, 4153 Reinach). Mit Virus belastetes Pflanzgut wurde aussortiert und nicht angebaut.

3.2.5 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.

3.2.6 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-Lemmerzahl-Methode infiziert und in Noten zwischen eins (resistent) und fünf (anfällig) bonitiert.

3.2.7 *Phytophthora*-Monitoring auf den Versuchsflächen

Die Probennahme erfolgte mittels Anwendung von FTA-Karten (Whatman). Die Kartenoberfläche ist mit einer patentierten Chemie imprägniert: Wenn eine biologische Probe auf die FTA-Karte aufgebracht wird, lysiert diese Chemie die Zellen und denaturiert die Proteine, während die Nukleinsäuren extrahiert und in den Papierfasern geschützt werden. Die FTA-Karte kann bei Raumtemperatur ins Labor transportiert oder für eine spätere Analyse bei Raumtemperatur gelagert werden. In den Anbaujahren wurden mehrere Proben zur Untersuchung am James-Hutton Institut im Rahmen des europaweiten *P. i.* Monitorings in Auftrag gegeben. Die DNA der *Phytophthora infestans* Pathotypen wurde mittels SSR-Analysen (Li et al. 2013) untersucht.

4 Darstellung der Ergebnisse und Diskussion

4.1 Randomisierte Streifenanlage (N-Versuch)

In den Jahren 2020-2023 wurde eine randomisierte Streifenanlage mit drei unterschiedlichen Stickstoff-Stufen (N-Stufen) angelegt. Ziel war es die vier etablierte Sorten Otolia, (mittelfrüh), Krone (mittelfrüh), Jelly (mittelfrüh) und Adretta (früh) mit 16 fortgeschrittenen Zuchtstämmen unter unterschiedlichen N-Düngestufen hinsichtlich Ertragsleistung, Sortierung, *P. i.* Resistenz, Jugendentwicklung, Abreife und Speisewertqualität zu vergleichen. Im Jahr 2023 wurden fünf zusätzliche, vier bewährte Vergleichssorten (2020-2022), 19 neu entwickelte und fünf etablierte Zuchtstämme (2020-2022) angebaut. Die Düngestufen wurden im Jahr 2020-2022 mit pelletiertem Diaglutin (Biofa, 72525 Münsingen; NPK: 11/2.5/1.2), einem organischen Dünger versorgt. Im Jahr 2023 wurde der organisch basierte Dünger TerraPlus Natura (Compo Expert GmbH, 48155 Münster; NPK: 8/2/2) verwendet. Die erste Düngestufe erhielt keinen Dünger, die zweite Düngestufe erhielt 60 kg/N/ha und die dritte Stufe 120 kg/N/ha. Das Diaglutin wurde mit einem batteriebetriebenen, halbautomatischen Düngestreuwagen nach der Pflanzung ausgebracht. Der N_{min}-Gehalt betrug zwischen 30-50 kg/ha zum Pflanztermin

(2021: 30.04; 2022: 29.04; 2023: 25.05). Innerhalb der Parzellen wurden je Sorte und Stamm drei Wiederholungen angebaut was insgesamt neun Parzellen ergab. Eine Parzelle bestand aus zwei Doppelreihen a fünf Pflanzstellen, der Reihenabstand betrug 33 cm, in der Reihe belief er sich auf 42 cm. An den Versuchsrändern wurden die rotschaligen Sorten Birgit (2020 und 2021), Sandra (2022) und Arosa (2023) angebaut. Die Pflanzung erfolgte teilmanuell mit einer zweireihigen bzw. vierreihigen Kartoffellegemaschine. Gegen Unkraut wurde 3-4-mal in der Saison gestriegelt, bei Bedarf wurde das selektiv wirkende biologische Pflanzenschutzmittel Novodor (Biofa, 72525 Münsingen) zur Bekämpfung von Kartoffelkäferlarven eingesetzt. Anfang bis Mitte September wurde das Kraut maschinell abgetötet, die Ernte von zwei Dämmen gleichzeitig erfolgte mittels eines Siebband-Roders (2021: 09.09; 2022: 14.09; 2023: 19.10).

4.2 Boden und Witterung am Standort Landsberg am Lech in den Anbaujahren 2020, 2021, 2022 und 2023

Der Anbauort Landsberg am Lech zeichnet sich durch fast ausschließlich Braunerde aus Schluff bis Schluffton (Lösslehm) aus. Die Feldschläge befanden sich im Umkreis von 4-6 km um Walleshausen bei Landsberg am Lech. Der Stickstoffgehalt im Boden (N_{\min} -Gehalt) lag zwischen 35-50 kg/N/ha in den Anbaujahren 2020 bis 2023. Die Witterungsverhältnisse waren durch sehr trockene Frühjahre im April und Mai geprägt, die Niederschläge waren im Jahr 2020 im Juni sehr ergiebig, wohingegen die Sommermonate in den Jahren 2020 und 2022 sehr trocken ausfielen. Das Jahr 2020 war durch warmes Frühjahr geprägt, im Jahr 2021 war der Sommer lang und warm. Das Jahr 2023 war durch einen trockenen Sommer geprägt, die Niederschläge im August und September kamen für viele Standorte mit leichteren Böden zu spät (*Abbildung 11*).

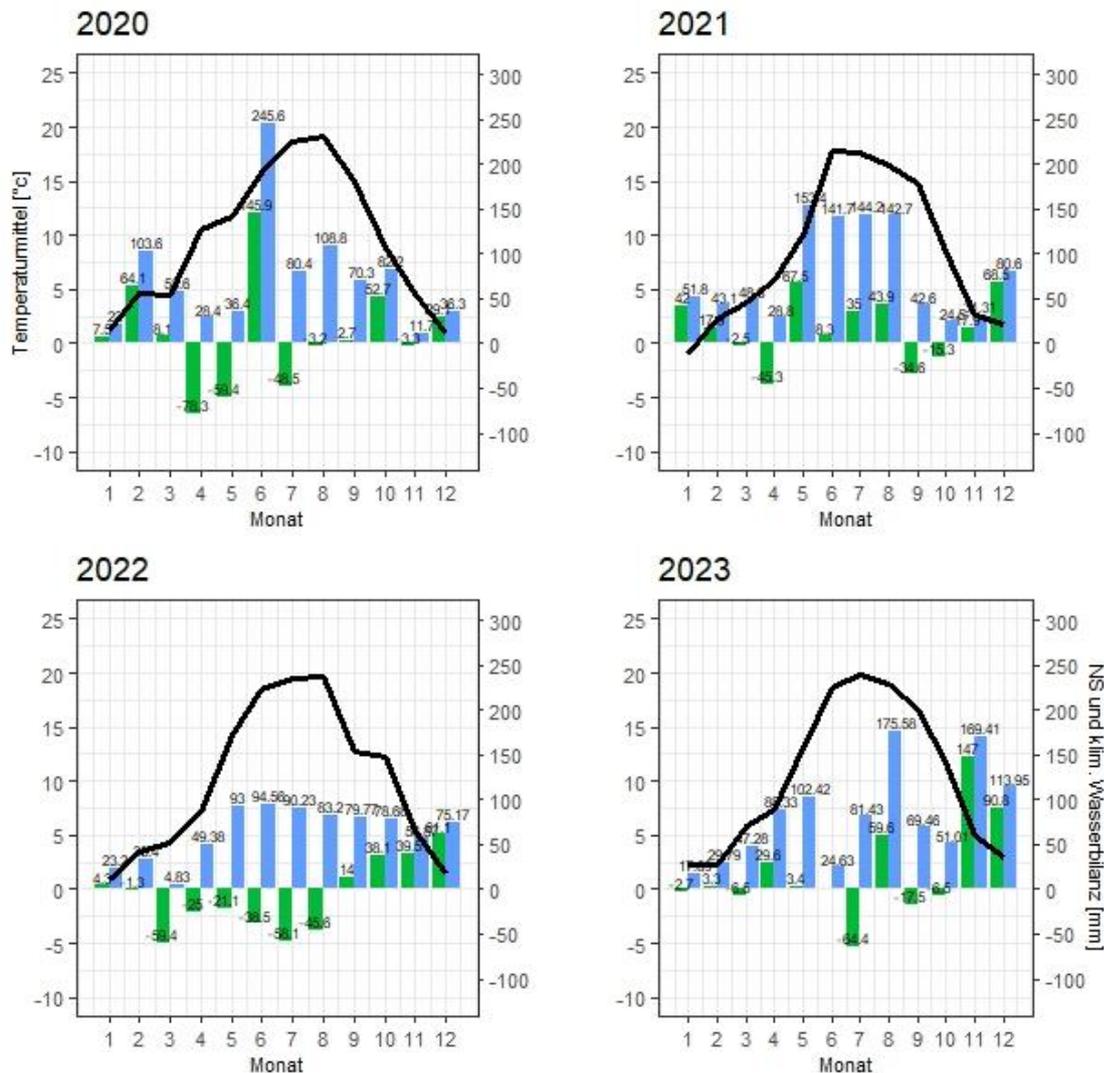


Abbildung 11: Witterung am Standort Landsberg am Lech (Wetterstation Puch) in den Jahren 2020, 2021, 2022 und 2023. Darstellung der Temperatur (Monatsmittel, schwarz), Niederschlagsmenge (Monatssumme, blau) und klimatische Wasserbilanz (Monatssumme, grün) im Jahresverlauf.

4.2.1 Agronomische Merkmale: Jugendentwicklung und Abreife

Die Jugendentwicklung der Sorten und Zuchtstämme wurde mit den Noten eins (sehr gut) bis neun (sehr schwach) erhoben. Die Jugendentwicklung hing von der Vorbereitung des Pflanzgutes ab, alle Pflanzknollen wurden bis zum Erhalt kühl gelagert und vor dem Pflanztermin gemeinsam im Gewächshaus vorgekeimt. Die Bonitur der Abreife erfolgte an mehreren Terminen von Juli bis September bis zur Ernte. Die Ergebnisse (Abbildung 12) zeigen, dass im Vergleich zu den Sorten die Stämme im Mittel eine etwas langsamere Jugendentwicklung aufweisen, jedoch existieren mehrere Stämme mit einer guten Jugendentwicklung wie 16742/01, 13131/01 und 14.077/02. Die Entwicklung der genannten Stämme ist ähnlich der Vergleichssorten Jelly und Otolia.

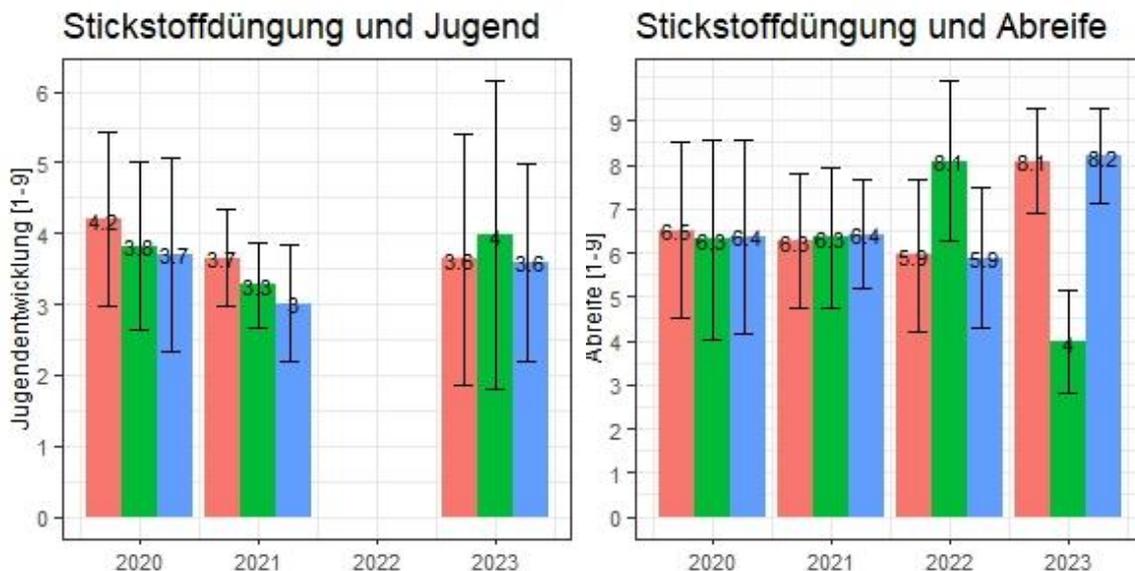


Abbildung 12: Jugendentwicklung und Abreife in den Jahren 2020 bis 2023 in Abhängigkeit von der Stickstoffversorgung in den Stufen N000 (rot), N060 (grün) und N120 (blau). Niedrigere Boniturnoten bedeuten eine zügigere Jugendentwicklung (links) oder langsamere Abreife (rechts). Mittelwerte \pm Standardabweichung.

Aufgrund der Krautfäule starben die Sorten in den Anbaujahren 2020 und 2021 zügig ab, was sich zwangsläufig in einer zu frühen Abreife bemerkbar machte im Vergleich zu den Zuchtstämmen (Abbildung 13). In der Züchtung wird bei Speisekartoffeln eine frühe Abreife bei gleichzeitig hoher Qualität angestrebt, das Kriterium der frühen Abreife erfüllen im Vergleich zur frühen Sorte Adretta die Stämme 16.1056/02 und 16186/02. Parzellen, die mit einer höheren Stickstoffgabe versorgt wurden, wiesen im Mittel ein etwas zügigeres Jugendwachstum und Abreifeverhalten auf. Aufgrund der sehr trockenen Witterung im Sommer 2023 begann die Abreife etwas früher einzusetzen als in den Vorjahren, zum vergleichbaren Zeitpunkt Anfang August war der Versuch bereits weitgehend erntereif. Dahingehend nahm der Unterschied zwischen den N-Stufen der Jugendentwicklung im Jahr 2023 durch die kühle trockene Witterung ab. Im Jahr 2022 konnten aufgrund der sehr nassen Feldbedingungen keine Aufzeichnungen zur frühen Jugendentwicklung im Vergleichszeitraum gemacht werden. Zudem scheint die Höhe der Stickstoffgabe einen höheren Einfluss auf die Jugendentwicklung zu haben als auf das Merkmal Abreife (Abbildung 12). Im Anbaujahr 2022 wurde bei vier Bonitur-Terminen das Merkmal Abreife erhoben, im Zeitverlauf zwischen Mitte August ist zu sehen, dass sehr frühe und frühe Sorten im Vergleich zur frühen Sorte Adretta genauso schnell oder schneller abreifen. Mittelfrühe und mittelspäte Zuchtstämmen benötigen länger bis zum Eintritt der Abreife. Sehr frühe Sorten benötigen weniger als 90 - 110 Tage von der Pflanzung bis zur Ernte, mittelfrühe Sorten können nach 110 bis 130 Tagen geerntet werden. Im Anbaujahr 2022 zusätzlich zum Kernsortiment die mittelspäte Stamm 16397/09 geprüft.

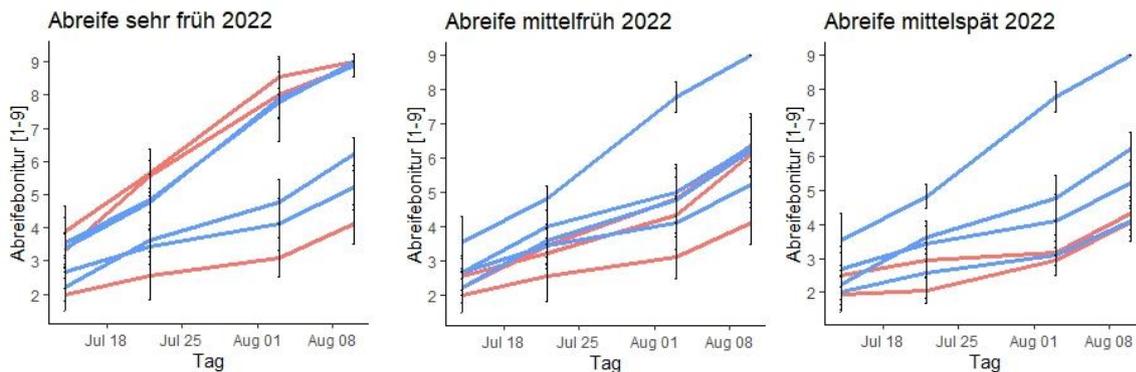


Abbildung 13: Abreife früher, mittelfrüher und mittelspäter Zuchtstämme (rot) und Vergleichssorten (blau) im Zeitverlauf im Anbaujahr 2022. Zuchtstämme mit niedrigeren Bonitur-Noten reifen langsamer ab. Mittelwerte \pm Standardabweichung.

4.2.2 *P. i.* Resistenzzüchtung

Hauptsächlich aufgrund des nassen Witterungsverlaufes konnte sich in den Jahren 2020 und 2021 eine natürliche *P. i.* Infektion im Stickstoffsteigerungsversuch etablieren. In den Anbaujahren 2020 und 2021 wurden umfangreiche *P. i.* Bonituren im Feld sechs bis acht Wochen nach Infektionsstart im Juni (2020) und Juli (2021) bis zur Abreife bzw. dem Absterben der Kartoffelbestände durchgeführt (Abbildung 14). Neben der *P. i.* Befalls-Intensität wurde auch die Höhe des Befalls abhängig von der Stickstoffversorgung untersucht. Im Jahr 2020 zeigten die Sorten einen mittleren bis hohen Befall, mit Ausnahme die im Ökolandbau verbreitete Sorte Otolia. Die Kartoffelstämme zeigten dagegen keinen oder sehr geringen Befall, mit Ausnahme des Stamms 16.1056/02. Im Anbaujahr 2021 war der Befallsdruck im Vergleich zum Vorjahr höher einzuschätzen, viele Sorten zeigten einen mittleren bis hohen Befall mit Ausnahme der Sorten Otolia, Muse und Papageno. Die Kartoffelstämme wiesen einen signifikant niedrigeren bis mittleren Befall auf bei gleichzeitig geringerer Gesamtvarianz. Die Ergebnisse zeigen, dass die untersuchten Sorten signifikant anfälliger ($\alpha=0.05$) gegenüber *P. i.* waren als die Kartoffelstämme, die innerhalb des Vorprojekts entwickelt wurden. Der Einfluss der Stickstoffbehandlung auf die Ausprägung des Befalls war unabhängig von den Anbaujahren nicht signifikant ($\alpha=0.05$).

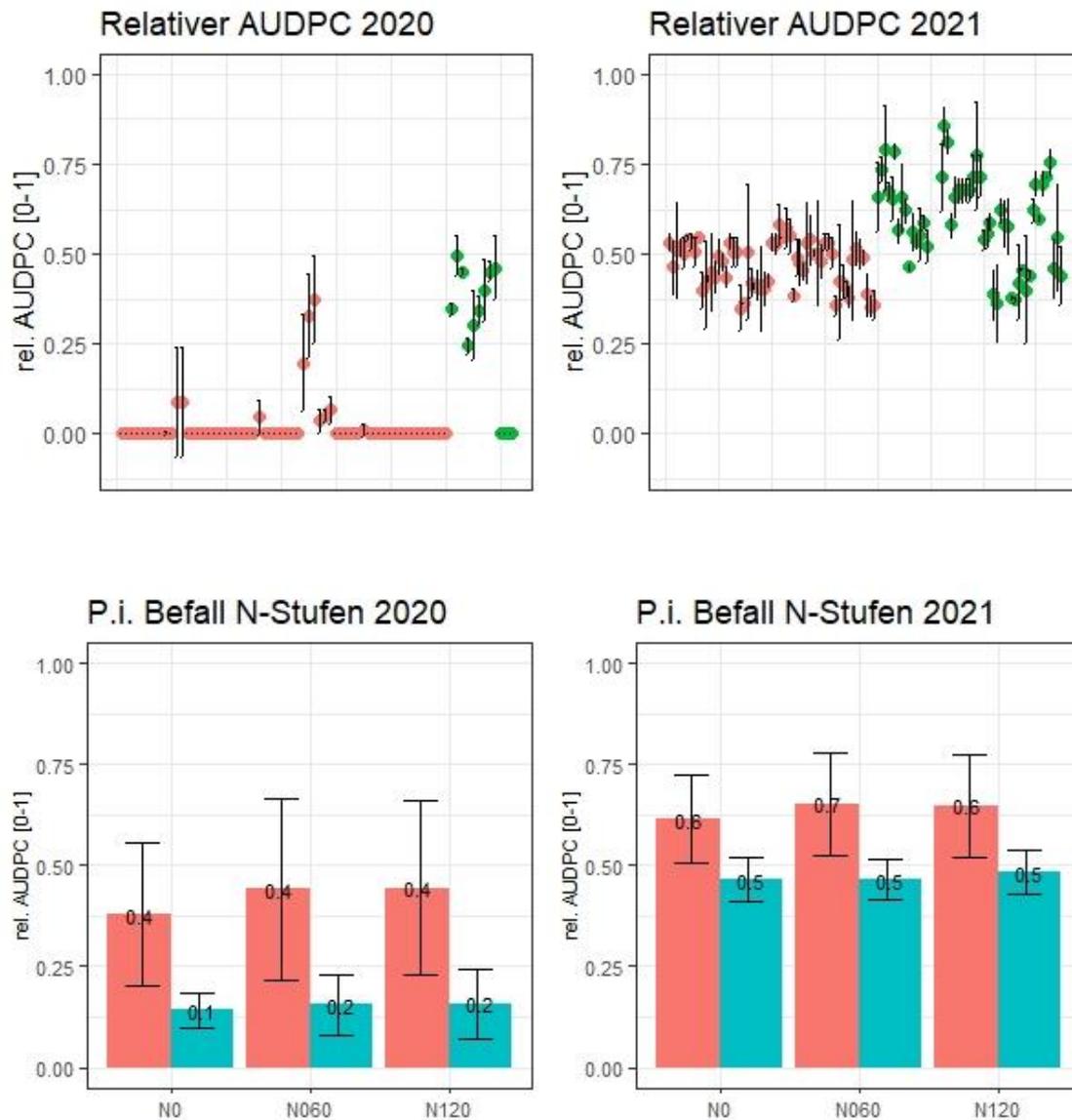


Abbildung 14: P. i. Befall in den Jahren 2020 und 2021 der untersuchten Sorten (grün und rot) und Stämme (rot und blau) unter drei unterschiedlichen N-Stufen. Zum Vergleich des Befalls wurde der Flächeninhalt unter den Befallskurven im Zeitverlauf relativ zur höchstmöglichen Fläche dargestellt (AUDPC, Area under the disease progress curve).

4.2.3 Knollenertrag, Sortierung und Stärkegehalt

In den Anbaujahren 2020, 2021 und 2022 wurde ein mittlerer Ertrag von 7.0, 3.5 und 6.8 kg/pro 10 Pflanzen/Parzelle geerntet. Der Knollenertrag zwischen den N-Stufen unterschied sich signifikant zwischen erster, zweiter und dritter N-Versorgungsstufe. Die geringeren Erträge im Anbaujahr 2021 sind wahrscheinlich durch die geringere Mineralisierungsrate bedingt, die durch die Hanglage des Versuchsfeldes zustande kam. Die Durchschnittserträge der Anbaujahre 2020 und 2022 waren vergleichbar, im Jahr 2020 war die Varianz der Erträge höher als 2022. Mit dem Anstieg der Düngergabe in der zweiten und dritten N-Stufe wurde ein ansteigender Knollenertrag erwartet, bei gleichzeitig abnehmendem Stärkegehalt. In den Anbaujahren 2020-2022 konnte zwischen der zweiten und dritten N-Stufe kein signifikant höherer Ertrag

festgestellt werden. Zwischen der ersten, zweiten und der ersten und dritten N-Stufe war jedoch eine signifikante ($\alpha=0.05$) Ertragszunahme festzustellen. Daher wurde sich auf die weitere Auswertung der N-Stufe ohne und mittlerer Stickstoffgabe konzentriert (*Abbildung 15*).

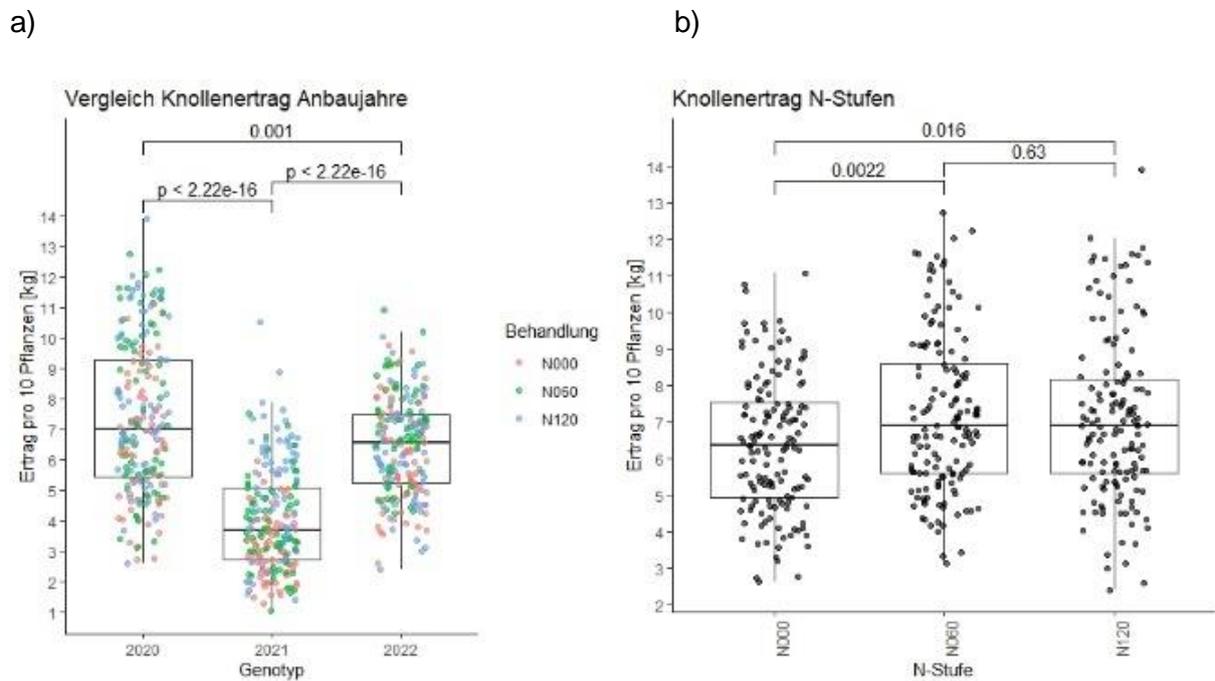


Abbildung 15: a) Vergleich der Knollenerträge der Anbaujahre 2020-2022 und b) einzelnen N-Stufen.

Zur Analysierung der Ertragsleistung der Sorten und Stämme, die von 2020 bis 2022 geprüft wurden, wurde eine Varianzanalyse (ANOVA) durchgeführt. Mittels der ANOVA wurden die Effekte Jahr, N-Stufe und Knollenzahl auf den Ertrag pro Pflanze geprüft. Wie bereits graphisch in *Abbildung 10* ermittelt, ergab die Auswertung signifikante Effekte der Faktoren Jahr und N-Stufe (*Tabelle 1*), was mit der graphischen Auswertung in *Abbildung 15* übereinstimmt.

Tabelle 1: Ergebnisse der Varianzanalyse der Knollenerträge pro Pflanze der Anbaujahre 2020, 2021 und 2022.

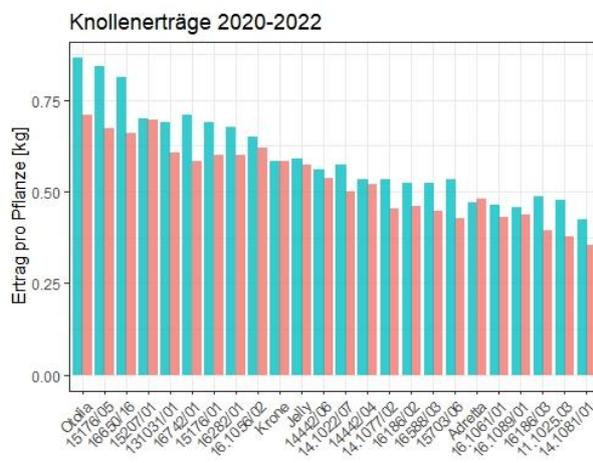
Faktor/Parameter	Freiheitsgrade (df)	Quadratsumme (Sum Sq.)	Mittlere Quadratsumme (Mean Sq.)	F-Wert	P-Wert ($\alpha=0.05$)
Ertrag/Behandlung	2	1.73	0.8667	15.952	1.73e-07***
Ertrag/Jahr	1	0.96	0.9566	17.607	3.1e-05***
Ertrag/Knollenzahl	1	0.08	0.0767	1.411	0.235
Residuen	641	34.83	0.0543	-	-

Im Jahr 2023 wurde ein neues Sortiment von 33 Sorten und fortgeschrittenen Zuchtstämmen in einer randomisierten Streifenanlage (N-Versuch) angebaut. Von 24 Zuchtstämmen wurden

neun am Julius Kühn-Institut und 15 an der LfL selektiert. Der Ertrag lag bei durchschnittlich 0.47 kg/Pflanze was einem Ertrag von 188 dt/ha bei 40 000 Pflanzstellen entspricht und damit auf einem ähnlichen Niveau wie im Anbaujahr 2021. Das Anbaujahr war durch ein nasses und kaltes Frühjahr und einen sehr trockenen Sommer geprägt, die Niederschläge im August führten zum Teil zu einem zweiten Knollenansatz, die Trockenheit im Sommer wirkte sich negativ auf den Knollenertrag aus. Die Durchschnittserträge der einzelnen Sorten und Stämme sind im Anhang aufgeführt (Anhang Tabelle 5). Von den einzelnen Stickstoffstufen unterschieden sich die Stufe zwei und drei signifikant in der Ertragshöhe (*Abbildung 15*).

Zur Beurteilung des Merkmals N-Effizienz wurde der absolute Knollenertrag und der relative Ertragsrückgang pro N-Stufe zwischen den Vergleichssorten und den Zuchtstämmen verglichen. Es zeigte sich, dass nur wenige Sorten (Jelly, Otolia) und Kartoffelstämmen (15207/01, 16.1056/02 und 14442/06) einen hohen Ertrag bei niedrigen und mittleren Stickstoffversorgung erreichen. Für den Anbau unter ökologischen Bedingungen sind vor allem Kartoffelstämmen mit hohem Ertragspotential unter niedriger und mittlerer Stickstoffversorgung von Bedeutung, da bei ausbleibenden Niederschlägen die Stickstoffmineralisierung eingeschränkt ist (*Abbildung 16 a) und b*).

a)



b)

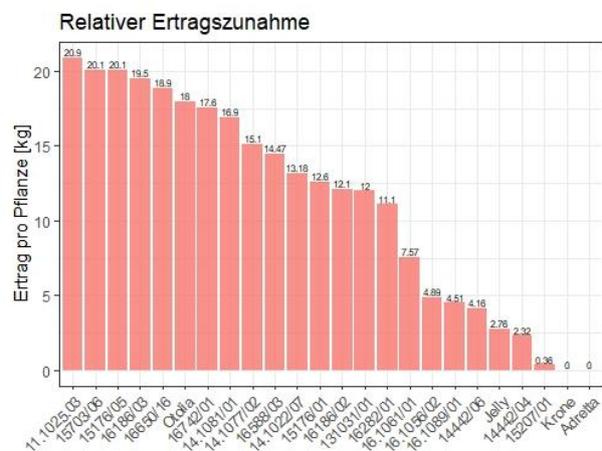


Abbildung 16: a) Mittlere Knollenerträge der Anbaujahre 2020, 2021 und 2022 unter mittlerer (blau) und niedriger (rot) N-Versorgung. B) Relative Ertragszunahme (%) der untersuchten Sorten und Kartoffelstämmen zwischen niedrigen und mittleren Stickstoffbedingungen.

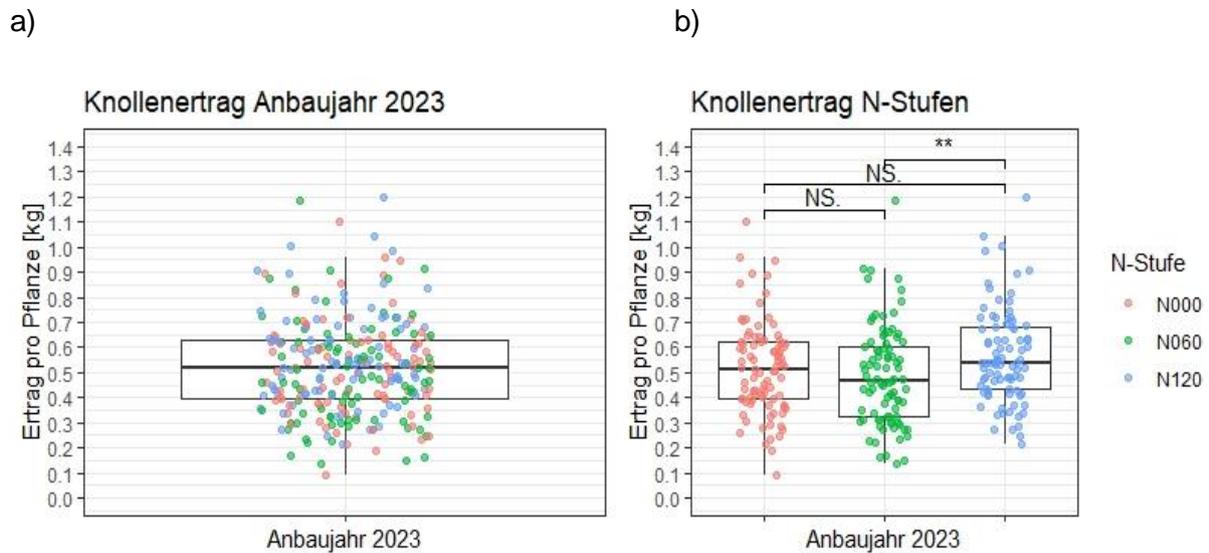
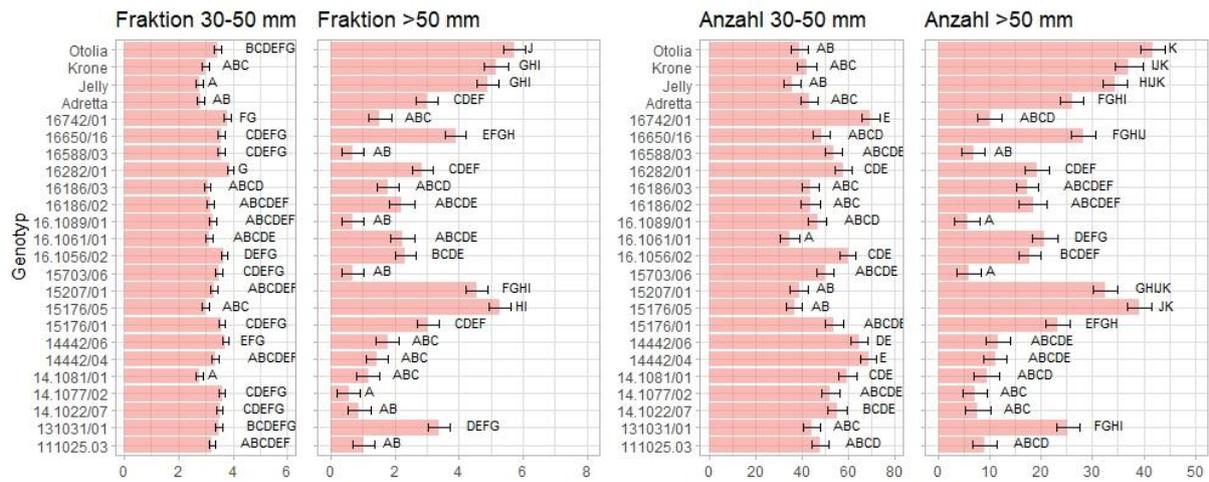


Abbildung 17: a) Streuung der Knollenerträge pro Pflanze im Anbaujahr 2023 im Gesamtversuch und b) innerhalb der N-Stufen.

Die einzelnen Knollenerträge der Sorten und Stämme im Anbaujahr 2023 (Abbildung 17) zeigen, dass Sorten (Otolia, Agria, Favola und Simonetta) und Stämme (16650/16, 17126/04, 19188/08, 16397/09, 19197/14 und 19.1022.48) existieren, die ohne oder mit einer mittleren Stickstoffgabe vergleichsweise hohe Erträge generieren können. Neben der reinen Ertragsbildung ist auch die Beschaffenheit des Erntegutes von großer Bedeutung für den späteren Verkauf als Speisekartoffeln. Die Vergleichssorte Simonetta ist für eine feine glatte Schale bekannt, die Zuchtstämme 16397/09, 17126/04 und 19188/08 zeichnen sich mit einer vergleichsweise glatten Schale aus.

Neben einem hohen Knollenertrag pro Pflanze wurde die Sortierung der gesamten Parzelle (10 Pflanzen) des Prüfsortiments von 2020-2022 und 2023 untersucht. Bei Speisekartoffeln sind je nach Form vor allem mittlere Sortierungen zwischen 30 und 50 mm Durchmesser für den Verkauf gewünscht. An der LfL wurden die Fraktionen 30-50 mm und >50 mm jeder Ernteparzelle untersucht. Überwiegend große Kartoffeln über 50 mm bilden die Vergleichssorten Otolia, Krone und Jelly aus. Vergleichbar zu den großfallenden Sorten sind die Stämme 15176/05 und 15207/01. Von einer ausgeglichenen Sortierung kann bei der Sorte Adretta und den Zuchtstämmen 16186/02, 131031/01, 15176/01 gesprochen werden (Abbildung 18a).

a)



b)

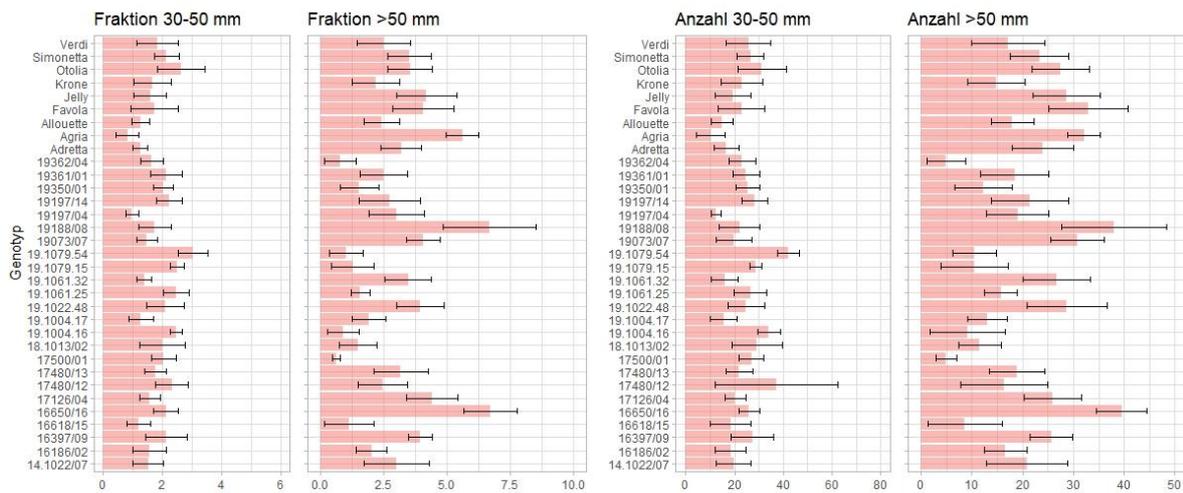


Abbildung 18: a) Fraktionierung [Ertrag pro 10 Pflanzen in kg] und Knollen-Anzahl [Knollen-Anzahl pro 10 Pflanzen] \pm SE der Sorten und Zuchtstämme des Prüfsortiments in den Anbaujahren 2020-2022. Die Werte wurden mittels eines generalisierten linearen Modells mit den Faktoren, Jahr, Behandlung und Genotyp geschätzt. b) Mittelwerte \pm Standardabweichung der Fraktionen [Ertrag pro 10 Pflanzen kg] und Knollen-Anzahl [Anzahl pro 10 Pflanzen] der Sorten und Zuchtstämme des Prüfsortiments des Anbaujahrs 2023.

Im Anbaujahr 2023 war die Streuung der Erträge und die Anzahl der Kartoffelknollen in den Fraktionen aufgrund der einjährig vorliegenden Ergebnisse höher. Im Prüfsortiment von 2023 (Abbildung 18b) befinden sich ertragsstarke Kartoffelstämme wie 19188/08 und 17126/04, die überwiegend eine großfallende Sortierung >50 mm aufweisen.

4.2.4 Speisewertqualität

Neben den agronomischen Merkmalen spielt bei Kartoffeln, die für den Verzehr bestimmt sind, der Speisewert eine große Rolle. Der Prüfung des Speisewerts ging ein standardisierter Kochprozess voraus, es wurden die Merkmale Fleischfarbe, Kochtyp, Struktur, Mehligkeit, Geschmack und Kochdunkelung untersucht. Die Vergleichssorten Adretta (mehligkochend),

Jelly (festkochend), Otolia (vorwiegend festkochend) und Krone (festkochend) dienen als Orientierung bei der Einstufung der Zuchtstämme in den einzelnen Prüfkategorien. Neben dem Geschmack ist eine gelbe Fleischfarbe ein wichtiges Zuchtziel, das vom Verbraucher gefordert wird. Neben dem Genotyp haben auch im geringen Maße die Stickstoffversorgung, der Bodentyp und das Anbaujahr einen Einfluss auf den Speisewert. Um möglichst aussagekräftige Ergebnisse über den Speisewert der Sorten und Zuchtstämme zu erhalten, wurde in den drei Anbaujahren 2020, 2021 und 2022 das Prüfsortiment auf vergleichbaren Ackerböden angebaut. Zudem wurde der Fragestellung nachgegangen ob bei niedriger N-Versorgung eine ausreichend hohe Speisewertqualität des Erntegutes erreicht werden kann. Eine Varianzanalyse ergab, dass neben dem Genotyp, das Anbaujahr und die Speisewerteigenschaften Kochdunkelung, Mehligkeit, Struktur und Fleischfarbe einen signifikanten Einfluss auf den Geschmack des untersuchten Prüfsortiments hatten. Die Stickstoffversorgung kann den Geschmack beeinflussen, unter Anlegung eines 5 % Konfidenzintervalls war dieser Effekt jedoch nicht signifikant (*Tabelle 2*).

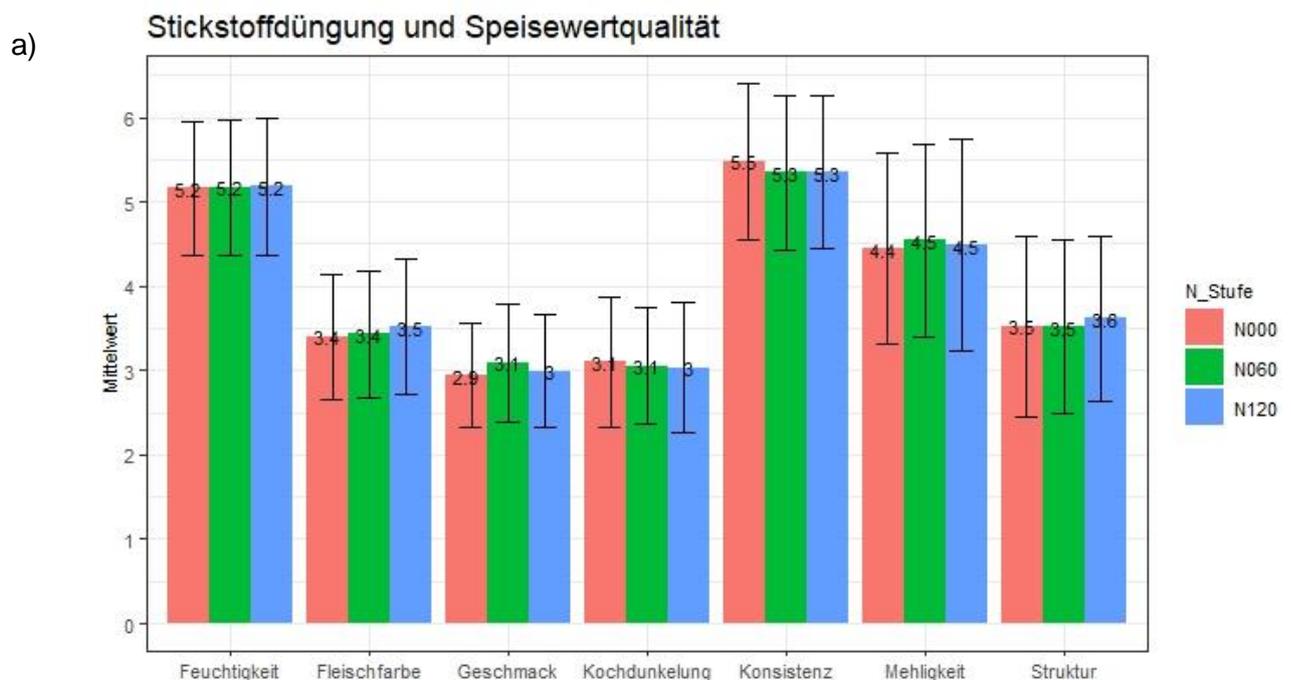
Tabelle 2: Einfluss der Faktoren N-Stufe, Jahr, Genotyp und der Speisewertparameter auf den Geschmack.

Faktor/Parameter	Freiheitsgrade (df)	Quadratsumme (Sum Sq.)	Mittlere Quadratsumme (Mean Sq.)	F-Wert	P-Wert ($\alpha=0.05$)
N-Stufe	3	2.4	0.801	2.455	0.062167
Jahr	1	0.19	0.188	0.577	0.447611
Genotyp	24	59.27	2.470	7.572	<2.00E-16
Kochdunkelung	1	6.48	6.482	19.877	9.85E-06
Mehligkeit	1	3.1	3.101	9.508	0.00214
Struktur	1	0.77	0.775	2.375	0.12379
Konsistenz	1	4.19	4.191	12.850	0.000365
Fleischfarbe	1	9.16	9.158	28.082	1.63E-07
N-Stufe/Jahr	2	0.32	0.16	0.49	0.612638
Residuen	603	196.65	0.326	-	-

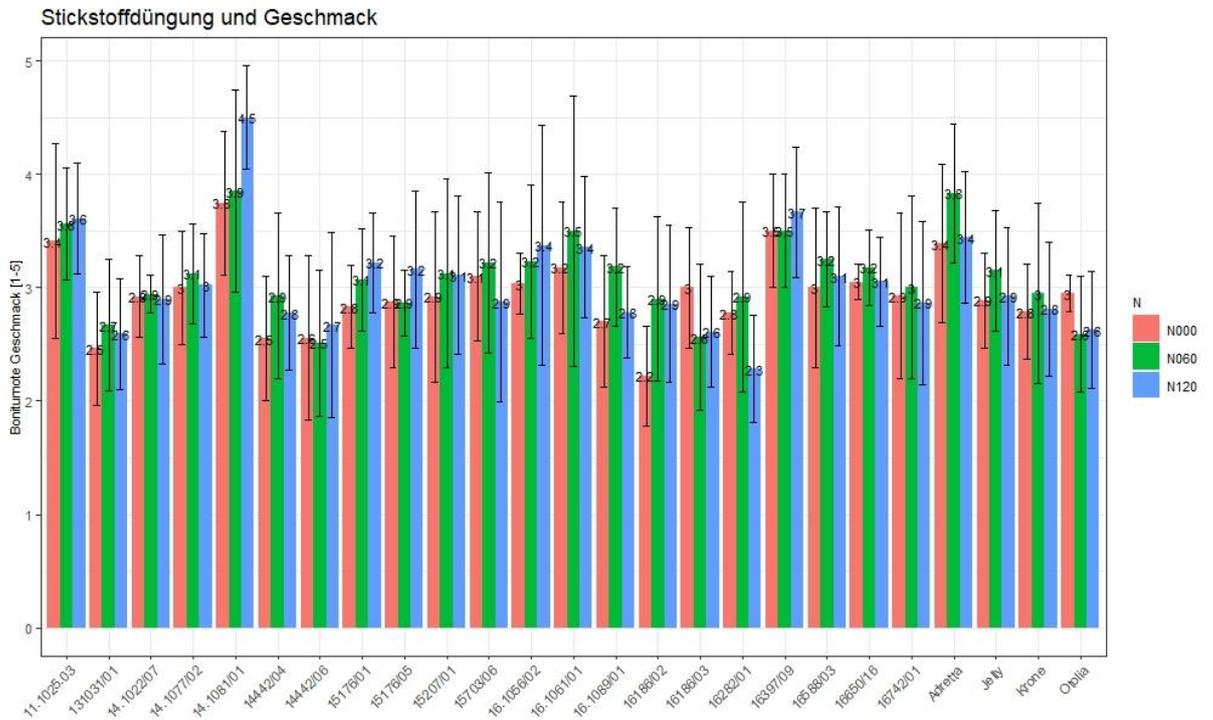
Generell erscheint die Züchtung von Speisekartoffeln möglich, die positive Eigenschaften bei allen Bewertungskomponenten der Speisewertqualität in sich vereinen. Bei der Auswertung des vorliegenden Datensatzes wurden nur schwache reziproke Zusammenhänge der unterschiedlichen Speisewertparameter gefunden (

Abbildung 19b).

Bei den einzelnen Speisewertparametern Fleischfarbe, Geschmack, Feuchtigkeit, Kochdunkelung, Konsistenz, Struktur und Mehligkeit war keine signifikante Beeinflussung durch die Stickstoffversorgung im Prüfsortiment über die Anbaujahre 2020, 2021 und 2022 zu finden (Abbildung 19 A). Zusätzlich wurde ein Effekt der Stickstoffversorgung auf die Speisewertparameter der einzelnen Sorten und Zuchtstämmen untersucht. Bei den Genotypen 15176/01, 14.1081/01 und 11.1025/03 lässt sich erkennen, dass die Speisewertqualität tendenziell etwas abnimmt, je höher die Stickstoffversorgung war. Ein signifikanter Einfluss der Stickstoffversorgung auf die untersuchten Speisewertqualitätsparameter konnte nicht festgestellt werden. Bei allen anderen Sorten und Zuchtstämmen ist kein Zusammenhang zwischen N-Versorgung und Speisewertqualität festzustellen.



b)



c)

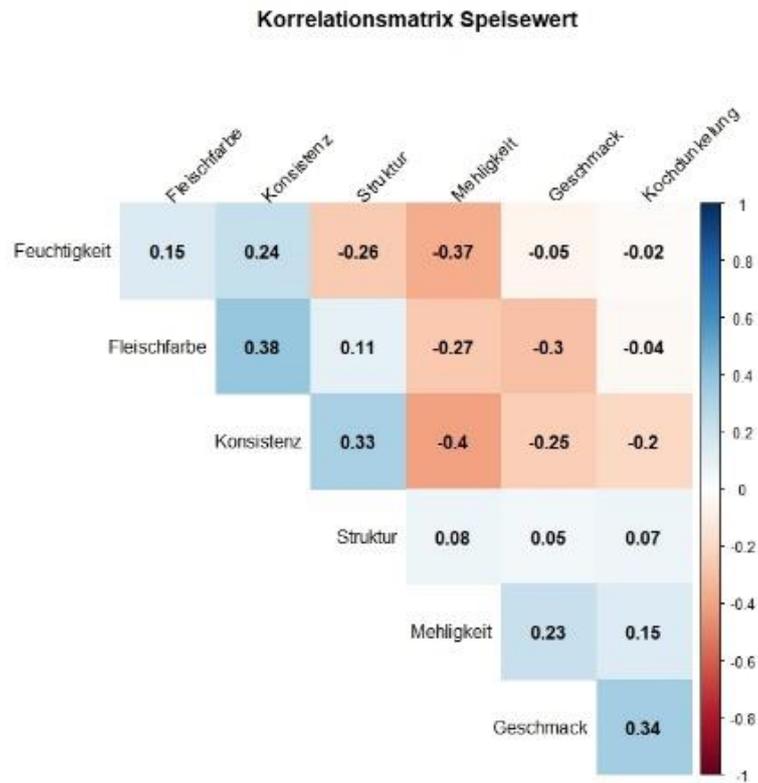


Abbildung 19: Mittlere Boniturnote der Speisewertparameter a) in Abhängigkeit der N-Versorgungsstufen in den Anbaujahren 2020-2022, b) Reaktion der Genotypen im Geschmack auf die N-Düngung und b) Korrelationsmatrix der Speisewertparameter.

Neben der Prüfung des Einflusses der Stickstoffversorgung auf die Speisewertqualität ist die Züchtung wohlschmeckender Speisekartoffeln für den ökologischen Landbau eines der wichtigsten Projektziele. Neben des Kochtyps (festkochend, vorwiegend festkochend, vorwiegend mehlig und mehlig kochend), ist der Geschmack (*Abbildung 19b*), die Mehligkeit und die Fleischfarbe von besonderer Bedeutung für den Endverbraucher. Geschmacklich fielen zu den Vergleichssorten vor allem die Zuchtstämme 16186/02, 14442/06 und 13031/01 auf, die eine dunkelgelbe (Boniturnote 5) bis gelbe (Boniturnote 4) Fleischfarbe besitzen bei vorwiegend festem Kochtyp (Boniturnote 5-6, *Tabelle 3*).

Tabelle 3: Mittelwerte der einzelnen Speisewertparameter der Sorten und Zuchtstämme des N-Versuch in den Anbaujahren 2020-2022 \pm Standardabweichung.

Genotyp	Fleischfarbe	Konsistenz	Struktur	Mehligkeit	Feuchtigkeit	Geschmack	Kochdunkelung
11.1025/03	2.9 \pm 0.77	5.3 \pm 0.93	3.5 \pm 1.02	4.3 \pm 1.16	5.2 \pm 0.76	3.4 \pm 0.64	3.4 \pm 0.57
131031/01	3.6 \pm 0.46	5.5 \pm 1.03	3.5 \pm 0.95	4.4 \pm 1.01	5.2 \pm 0.81	2.6 \pm 0.51	2.8 \pm 0.50
14.1022/07	3.5 \pm 0.51	5.7 \pm 0.98	4.6 \pm 0.65	4.6 \pm 0.89	4.4 \pm 0.52	2.9 \pm 0.38	2.9 \pm 0.45
14.1077/02	3.2 \pm 0.45	5.4 \pm 0.95	4.2 \pm 1.05	4.8 \pm 1.24	4.7 \pm 0.55	3.0 \pm 0.49	3.0 \pm 0.62
14.1081/01	3.6 \pm 0.70	5.3 \pm 0.83	3.3 \pm 0.84	4.5 \pm 1.13	6.3 \pm 0.74	3.8 \pm 0.66	4.5 \pm 0.72
14442/04	3.7 \pm 0.45	5.7 \pm 0.58	3.5 \pm 0.65	3.9 \pm 0.77	5.2 \pm 0.66	2.7 \pm 0.59	2.3 \pm 0.45
14442/06	3.9 \pm 0.35	5.9 \pm 0.84	3.5 \pm 0.94	3.6 \pm 0.71	5.3 \pm 0.71	2.6 \pm 0.71	2.7 \pm 0.52
15176/01	2.9 \pm 0.79	5.2 \pm 1.17	3.4 \pm 0.93	5.3 \pm 1.16	5.0 \pm 0.53	3.0 \pm 0.43	2.8 \pm 0.47
15176/05	3.4 \pm 0.62	5.5 \pm 0.83	3.6 \pm 0.70	4.0 \pm 0.92	5.6 \pm 0.80	3.0 \pm 0.54	3.0 \pm 0.52
15207/01	3.0 \pm 0.67	4.7 \pm 1.00	3.1 \pm 1.29	5.7 \pm 1.19	5.2 \pm 0.99	3.1 \pm 0.74	2.9 \pm 0.68
15703/06	3.6 \pm 0.51	5.7 \pm 1.02	3.7 \pm 0.95	4.8 \pm 0.89	4.9 \pm 0.67	3.1 \pm 0.73	2.9 \pm 0.45
16.1056/02	2.8 \pm 0.66	5.4 \pm 0.68	3.1 \pm 0.87	4.9 \pm 1.01	5.2 \pm 0.61	3.2 \pm 0.71	2.8 \pm 0.46
16.1061/01	2.7 \pm 0.70	4.8 \pm 1.31	3.7 \pm 1.16	5.9 \pm 1.07	4.6 \pm 0.77	3.3 \pm 0.80	3.6 \pm 0.76
16.1089/01	3.5 \pm 0.49	5.9 \pm 0.66	4.1 \pm 0.97	3.3 \pm 0.73	4.9 \pm 0.65	2.9 \pm 0.54	3.3 \pm 0.45
16186/02	3.7 \pm 0.49	5.4 \pm 0.47	2.9 \pm 0.99	4.1 \pm 0.84	5.4 \pm 0.56	2.6 \pm 0.68	2.3 \pm 0.39
16186/03	3.9 \pm 0.31	5.7 \pm 0.73	3.6 \pm 1.06	4.0 \pm 0.87	5.2 \pm 0.53	2.7 \pm 0.57	2.7 \pm 0.72
16282/01	3.6 \pm 0.55	5.4 \pm 0.87	3.5 \pm 0.96	4.4 \pm 0.95	5.2 \pm 0.71	2.7 \pm 0.67	2.5 \pm 0.43
16397/09	3.6 \pm 0.58	5.2 \pm 0.51	3.9 \pm 0.82	5.5 \pm 1.25	4.8 \pm 0.66	3.6 \pm 0.46	2.9 \pm 0.42
16588/03	3.2 \pm 0.61	5.2 \pm 0.94	4.0 \pm 0.80	4.8 \pm 0.89	4.9 \pm 0.68	3.1 \pm 0.58	3.3 \pm 0.68
16650/16	4.6 \pm 1.42	5.3 \pm 0.89	3.8 \pm 0.76	4.8 \pm 0.69	5.1 \pm 0.69	3.1 \pm 0.31	3.8 \pm 0.61
16742/01	3.9 \pm 0.32	6.1 \pm 0.92	4.3 \pm 1.10	3.8 \pm 0.82	4.8 \pm 0.67	2.9 \pm 0.73	3.1 \pm 0.45
Adretta	2.7 \pm 0.53	4.9 \pm 0.93	3.6 \pm 1.09	5.3 \pm 1.01	4.9 \pm 0.94	3.6 \pm 0.64	3.8 \pm 0.71
Jelly	3.5 \pm 0.50	5.3 \pm 0.55	2.9 \pm 0.84	4.0 \pm 1.06	5.6 \pm 0.88	3.0 \pm 0.51	2.9 \pm 0.59
Krone	4.2 \pm 0.42	5.2 \pm 0.75	2.5 \pm 0.63	3.7 \pm 1.13	6.0 \pm 0.88	2.9 \pm 0.62	3.4 \pm 0.55
Otolia	3.2 \pm 0.46	5.5 \pm 0.63	3.5 \pm 0.95	4.2 \pm 1.32	5.3 \pm 0.63	2.7 \pm 0.44	2.8 \pm 0.56

4.2.5 Wurzelwachstum unter kontrollierten Gewächshausbedingungen

Zwischen optimaler und limitierter N-Versorgung konnte kein signifikanter Unterschied im Hinblick auf das Wurzelwachstum an allen acht Genotypen ermittelt werden. Alle Wurzelwachstums-Verläufe der Sorten und Stämme zeigten einen starken Anstieg 15 DAP (Days after planting/Tage nach Pflanzung), der zwischen 25 bis 45 DAP ein Maximum fand.

Die Sorte Jelly erreichte im Mittel erst nach 50 Tagen die maximale Wurzeloberfläche (Abbildung 20).

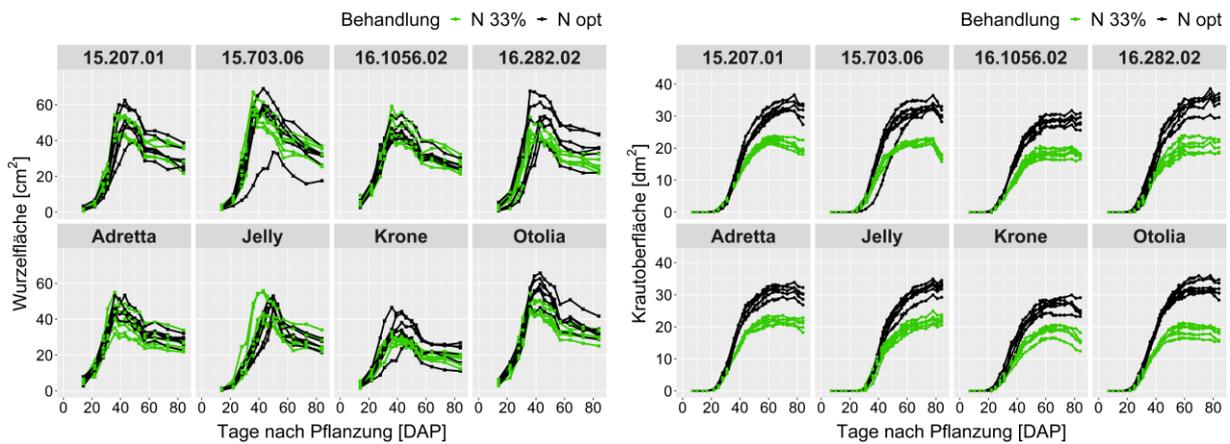


Abbildung 20: Wurzelwachstum (links) und Krautwachstum (rechts) unter optimaler und reduzierter N-Versorgung (Versuch 2021).

Zusätzlich zum Krautwachstumsverlauf wurden die maximalen Krautbild-Oberflächen verglichen, um eine Aussage zu treffen, welche der Sorten und Stämme die höchste maximale Krautentwicklung aufwiesen. Unter optimaler Versorgung bildete der Stamm 16282.02 die größte maximale Krautbild-Oberfläche aus, wohingegen Krone die kleinste maximale Oberfläche im Versuch aufwies (Abbildung 21).

Im Jahr 2023 wurde aufgrund der vorherigen Erfahrungen aus dem Jahr 2021 das Wurzelwachstum ausschließlich unter optimaler Stickstoffversorgung untersucht. Bei den Zuchtstämmen war das intensive Wurzelwachstum bei den Stämmen 15176/05, 130317/01 und der Sorte Otolia auffällig. Die Krautentwicklung war vor allem bei den Zuchtstämmen 16397/09 und 16588/03 überdurchschnittlich stark, für die Unkrautunterdrückung ist eine frühe Krautentwicklung gerade im ökologischen Landbau von großem Vorteil (Abbildung 21).

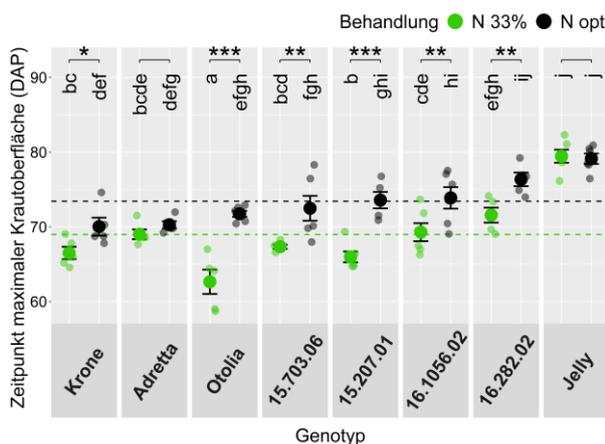


Abbildung 21: Vergleich des Zeitpunkts der maximalen Krautoberfläche unter optimaler und reduzierter N-Versorgung (Versuch 2021).

Bei der Kartoffel ist vor allem die frühe Wurzelentwicklung von großer Bedeutung, da in den ersten Wochen nach dem Pflanztermin der Stickstoffbedarf am höchsten ist und so Nährstoffverluste verringert werden können. Darüber hinaus ist denkbar, dass die maximale Wurzeloberfläche während der Vegetationsperiode eine Rolle bei der Nährstoff-Aufnahmeeffizienz spielt, da die Wurzelmasse positiv mit dem Ertrag und der Krautmasse korreliert (Ivama 2008). Die Ergebnisse zeigen, dass die Vergleichssorte Otolia die größte maximale Wurzeloberfläche entwickelte, gefolgt von den Zuchtstämmen 15176/05, 131031/01 und 16588/03. Im Feld viel vor allem Otolia und der Stämme 15176/05 und 131031/01 mit einem hohen Knollenertrag auf, was die Aussagekraft der Ergebnisse der Fließbandanlage stützt. Bei der Krautentwicklung ist der Stamm 16397/09 zu nennen, dessen hohe und rasche Krautentwicklung die Unkrautunterdrückung fördert (*Abbildung 22*).

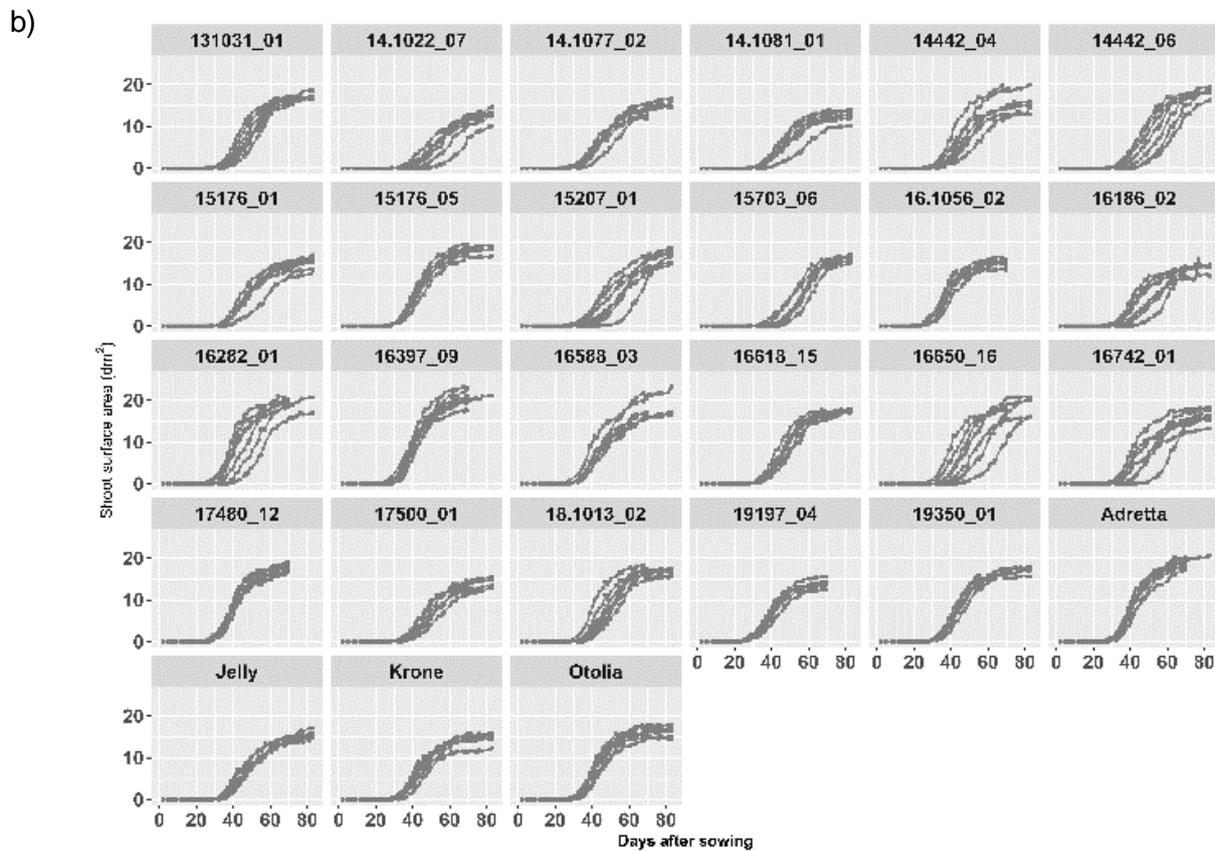
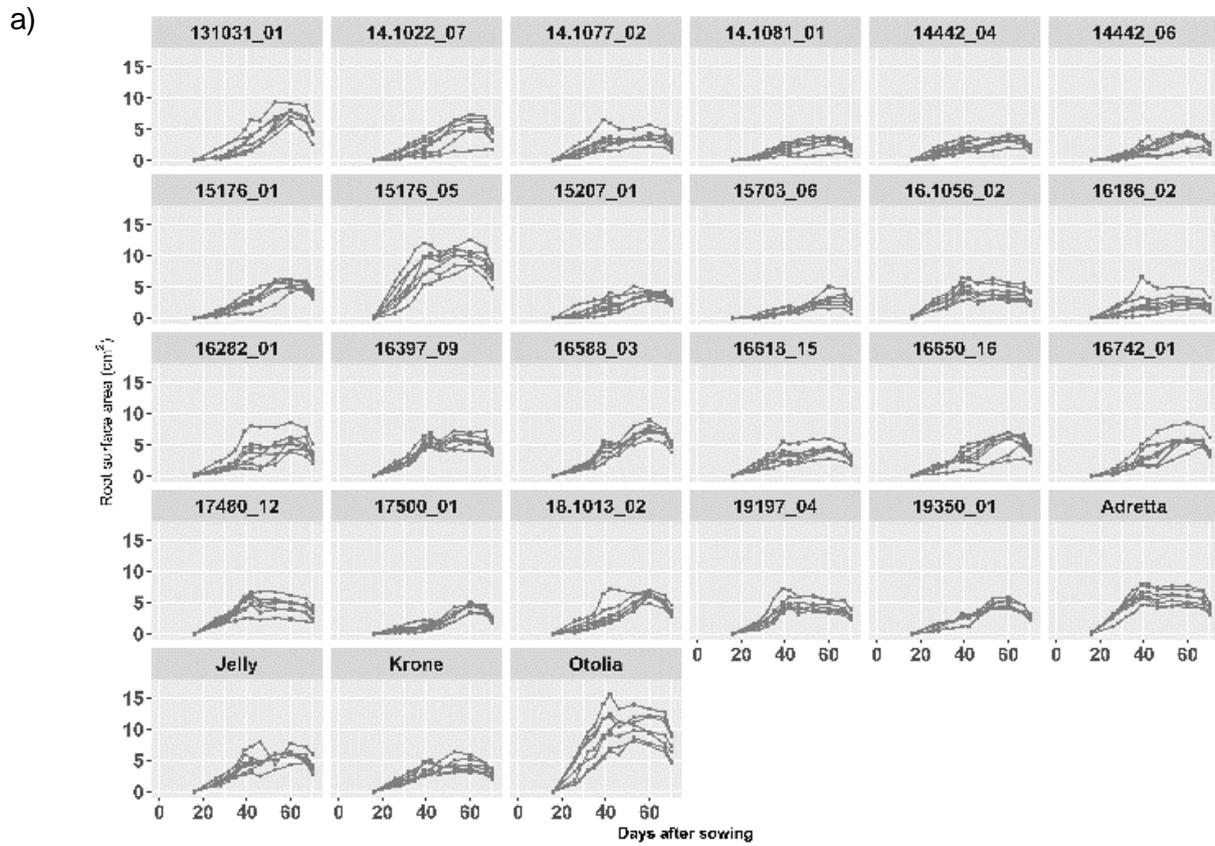


Abbildung 22: a) Wurzel- und b) Krautwachstum von 27 Sorten und Zuchtstämmen (2023) mit je sieben Wiederholungen pro Genotyp.

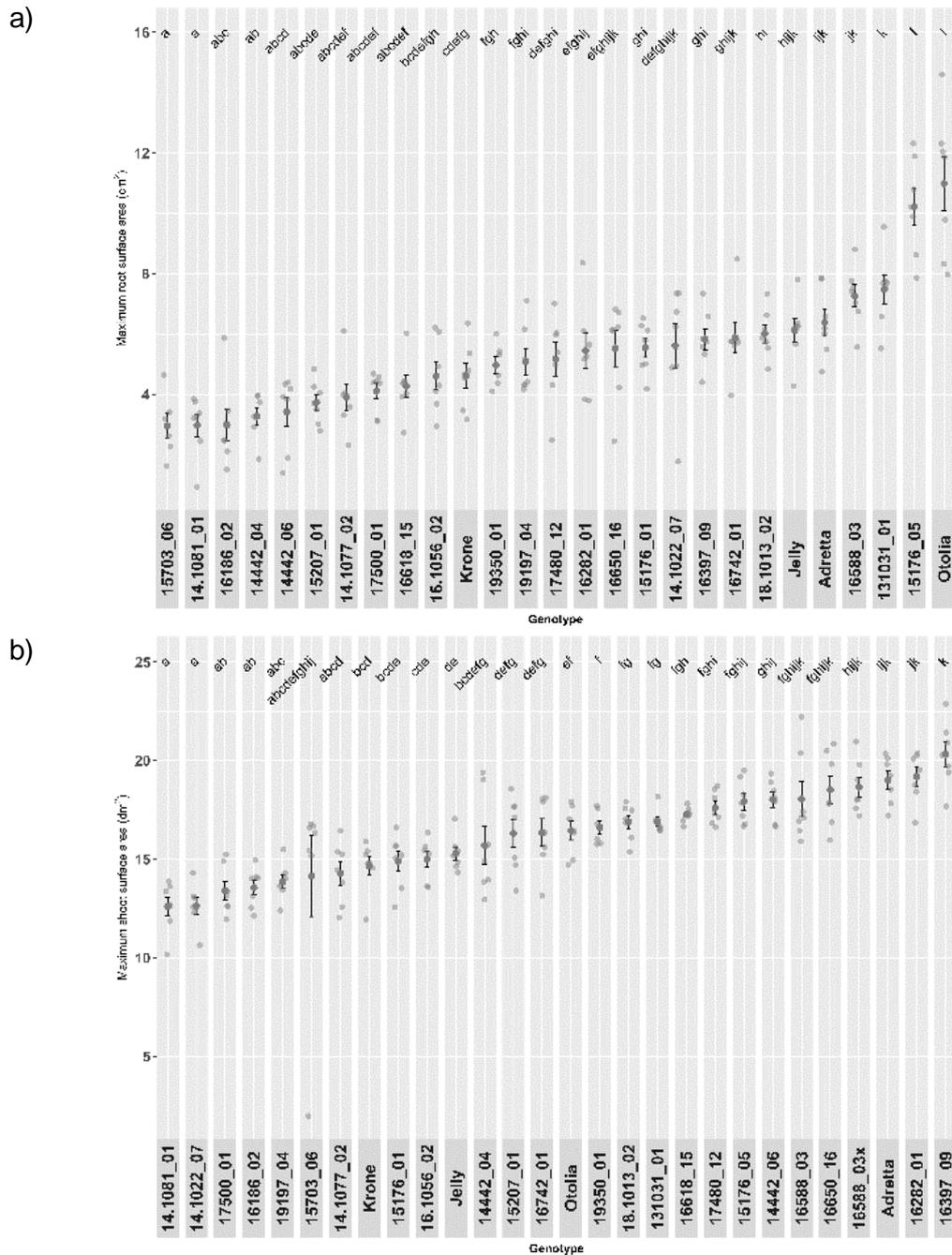


Abbildung 23: Maximale a) Wurzel- und b) Krautoberflächen der untersuchten Stämme und Sorten geschätzt mit einem generalisierten linearen Modell mit dem Faktor Genotyp, es wurden sieben Wiederholungen pro Genotyp angebaut.

Vor allem frühe Genotypen erreichen die maximale Wurzeloberfläche bereits nach etwa 30 Tagen (Adretta und 16.1056/02, früh und sehr frühe Abreife) wohingegen auch mittelfrühe Sorten wie Krone, Jelly und Otolia existieren die relativ schnell die maximale Wurzeloberfläche ausbilden. Dies lässt den Schluss zu, dass es möglich ist sehr frühe, frühe und mittelfrühe Sorten für den ökologischen Landbau zu entwickeln, die gleichzeitig eine hohe Stickstoff-Aufnahmeeffizienz aufweisen. Der rotschalige Genotyp 19.197/04 besitzt nicht die größte maximale Wurzeloberfläche (Abbildung 23) erreicht diese jedoch sehr zügig, dies gilt gleichzeitig für die Krautentwicklung (

Abbildung 24). Denkbar ist, dass der zeitliche Faktor bei der Wurzel- und Krautentwicklung eine besondere Rolle spielt, die maximal erreichte Wurzeloberfläche jedoch groß genug sein muss, um höhere Stickstoff-Aufnahmeeffizienzen zu erreichen. Gerade bei sehr frühen, frühen und mittelfrühen Genotypen ergibt sich Potential zur genetischen Verbesserung dieses Merkmals, da es vor allem spät reifende Sorten sind, denen eine hohe Stickstoff-Aufnahmeeffizienz durch die bessere Ausnutzung der Vegetationsperiode zugeschrieben wird.

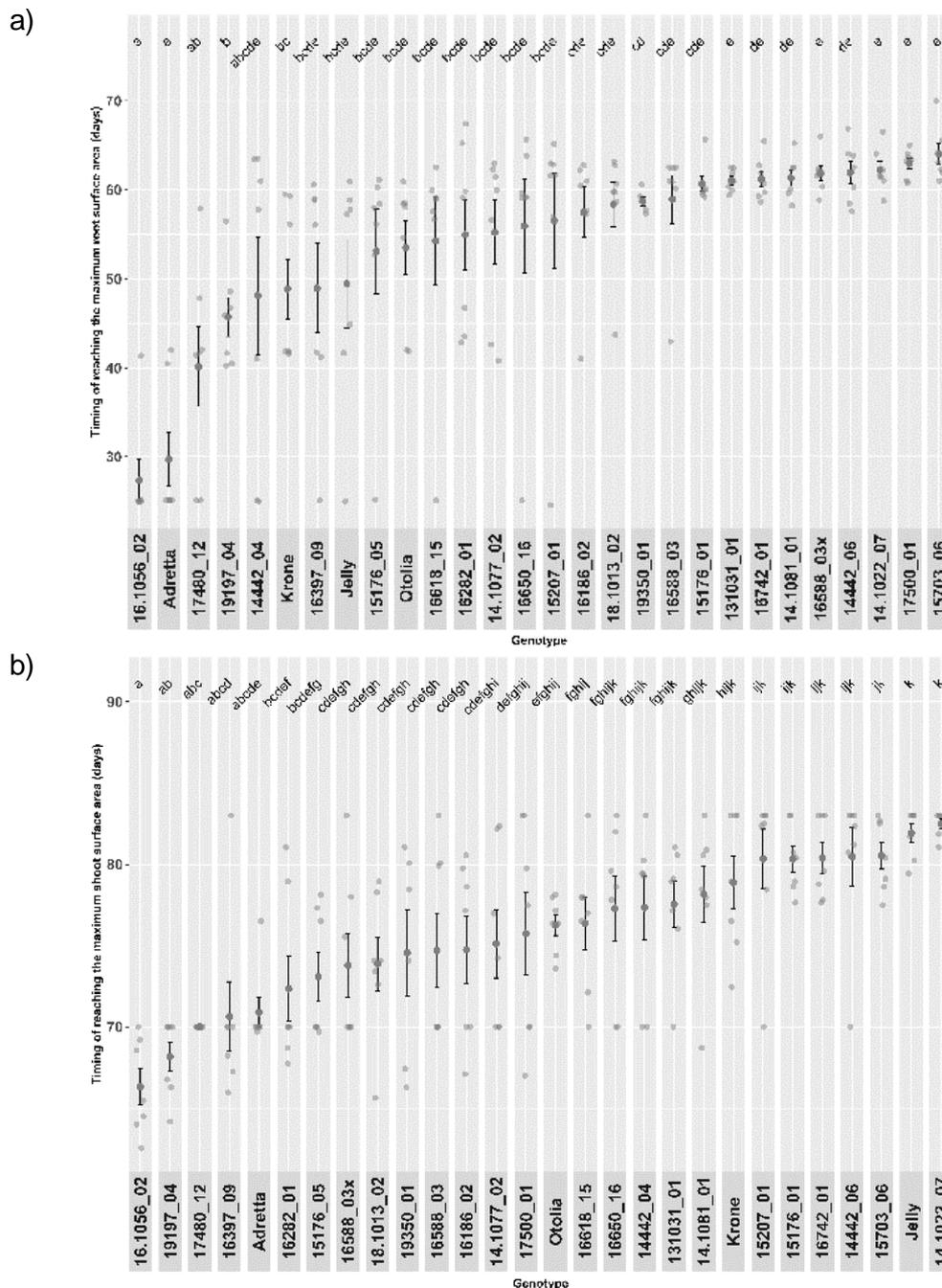


Abbildung 24: Zeitpunkt von maximaler a) Wurzel- und b) Krautoberfläche geschätzt mit einem generalisierten linearen Modell mit dem Faktor Genotyp, bei sieben Wiederholungen pro Genotyp.

4.2.6 Trockenstresstoleranz

Aufgrund der trockenen Witterung nach der Pflanzung im Anbaujahr 2023 wurde die Trockenstresstoleranz der aufgelaufenen Sorten und Stämme erhoben. Das Merkmal Trockenstresstoleranz wird im Hinblick auf den Klimawandel immer wichtiger, da Niederschläge vermehrt ausbleiben oder ungleichmäßig verteilt sind. Bei Kartoffeln ist die Dammtemperatur von besonderer Bedeutung, liegt die Temperatur zu hoch, stellen die Kartoffel das Wachstum ein die Kartoffeln erreichen dann oft nicht die entsprechende Größe für die Vermarktung (*Tabelle 4*).

Tabelle 4: Trockenstresstoleranz der angebauten Sorten und Stämme, da es sich um das erste Prüffahr handelt, sind die Einordnungen als Tendenz zu sehen.

Trockenstresstoleranz			
positiv		negativ	
Favola	Agria	Krone	Jelly
Otolia	Verdi	16397/09	19350/01
Adretta	Allouette		
17480/12	16650/16		
19073/07	19.1022.48		
19.1004/16	19197/14		
17500/01			

5 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Der Nutzen der Ergebnisse besteht vorwiegend in folgenden Punkten:

- In der züchterischen Verbesserung der Krautfäuleresistenz bei Kartoffelzuchtmaterial. Die erzeugten Klone dienen vorwiegend als Kreuzungseltern und stehen den Institutionen zur weiteren Kombination mit nährstoffeffizientem Material zur Verfügung. Damit wird eine wichtige Voraussetzung für eine Erhöhung des Anteils an ökologisch

bewirtschafteten Flächen geschaffen und nebenbei auch die Reduzierung von Pflanzenschutzmitteln eine Basis geschaffen.

- In der Schaffung einer ersten Wurzel- und Sproßleistungsbeschreibung von Kartoffelmaterial. Erstmals wurden Sproß- und Wurzelwachstum von Kartoffelzuchtmaterial beschrieben. Dies ermöglicht eine gezielte Wahl von Genotypen, die beides mit einer guten Krautfäuleresistenz vereinen.
- Im Training von Biobetrieben für die partizipative Züchtung. Die beteiligten Biobetriebe wurden in der Anlage von Feldversuchen für Züchtungsfragen inklusive Düngungssteigerung zur Ermittlung der Nährstoffeffizienz geschult. Die Einbindung in die Selektion von Zuchtklonen generierte die Vorteile, dass das Wissen der Biobetriebe und deren Züchtungsziele voll genutzt werden konnte und die stetig kleinen Verbesserungsschritte bei ihnen sichtbar wurden.
- In der Information von Landwirten und der Öffentlichkeit über die Züchtungsanstrengungen zur Verbesserung von Krautfäuleresistenz und Nährstoffeffizienz. Mit der Einbindung der Bioverbände Bioland und Naturland konnten viele Ökolandwirte auf die Verbesserung des Züchtungsmaterials und auf die schon guten Vergleichssorten aufmerksam gemacht werden. Verschiedene Termine zur Darstellung der Ergebnisse für ein breites Publikum (DLG-Feldtage, Tage der offenen Tür) und die Entwicklung eines Informationsvideos zeigen dem Steuerzahler, dass die großen Anstrengungen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau mit der Förderung von Züchtungsprojekten dem Ziel zur Erhöhung des ökologischen Landbaus voll Rechnung tragen.

6 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen

Ziele/Arbeitspakete (AP)	Tatsächlicher Bearbeitungsstand
AP 1 Züchtung und Gesundheits- erhaltung: Durchführung Kreuzungen zur Erstellung von	Während der gesamten Projektlaufzeit wurden Kreuzungen mit geeigneten Kreuzungseltern durchgeführt. Vorwiegend dienten JKI-Stämme und Züchtungsmaterial aus dem

<p>krautfäuleresistenten Zuchtmaterial. Schnelle Vermehrung zur Gesunderhaltung von Züchtungsklonen, Beschreibung von selektierten Klonen hinsichtlich des Ertrags, der Qualität, Nährstoffeffizienz und der Pathogenresistenz.</p>	<p>Vorgängerprojekt als Kreuzungseltern. Das Material wurde auf Ökobetrieben in partizipativer Züchtung selektiert und steht nun als Kreuzungseltern zur Verfügung.</p>
<p>AP 2</p> <p>Gefäßversuche: Phänotypisierung in einer automatischen Phänotypisierungsanlage hinsichtlich der P-Effizienz.</p>	<p>In der Phänotypisierungsanlage konnten Stämme und Sorten hinsichtlich ihres Wurzel- und Sprosswachstums beschrieben werden. Dies konnte in Abhängigkeit von der N-Düngung erfolgen. Der ursprüngliche Versuchsplan wurde hier abgewandelt, um die im Feld geprüfte N-Effizienz, mit der im Gefäßversuch vergleichen zu können. Die gewonnenen Ergebnisse lassen erstmals eine Bewertung des Züchtungsmaterials hinsichtlich der Wurzelleistung bei der im Ökolandbau sehr wichtigen raschen Blattentwicklung zu.</p>
<p>AP 3</p> <p>Feldversuche</p>	<p>Es wurden wie geplant Feldversuche auf Ökobetrieben zur Selektion und Beschreibung des Zuchtmaterials durchgeführt. Dabei konnten die Stämme hinsichtlich ihrer Krautfäuleanfälligkeit beschrieben werden.</p> <p>Zusätzlich konnte über die Projektlaufzeit ein mit dem JKI abgestimmtes Sortiment aus Vergleichssorten und Stämmen in einen N-Steigerungsversuch auf Ökoflächen anbebauet werden. Damit konnte die N-Effizienz beschrieben werden. Für sämtliches Material aus den Feldversuchen wurden Qualitätsbestimmungen durchgeführt.</p>
<p>AP 4</p> <p>Genetische Auswertung: Unter Verwendung der</p>	<p>Die Assoziationsstudien wurden an den anderen Instituten durchgeführt. Ein Fluidigm SNP-Array-System konnte nicht</p>

phänotypischen Daten der Feld-, Topf- und Hydroponik-Versuche sollen Assoziationsstudien durchgeführt werden.	etabliert werden. Die Anaylen begrenzten sich auf die Anwendung von Markern für <i>Globodera rostochiensis</i> -, <i>Globodera pallida</i> - und <i>Kartoffelvirus Y</i> -Resistenz.
AP 5 Öffentlichkeitsarbeit	Neben der üblichen Öffentlichkeitsarbeit wurde im Projekt ein Video zum Verbundprojekt von JKI, IPK und LfL angefertigt.

7 Zusammenfassung LfL

Das Verbundprojekt plant die Entwicklung von Selektionsmethoden während der züchterischen Anpassung von Kartoffeln an erhöhten biotischen und abiotischen Stress. Als Basis für spätere Sorten sollen dabei Zuchtstämme entwickelt werden, die bei reduziertem Nährstoffangebot und verringertem Pflanzenschutzmitteleinsatz Ertrags- und Qualitätssicherheit im ökologischen Landbau der Zukunft gewährleisten. Im Projektrahmen sollen Aufschlüsse über die Aufnahme- und Nutzungseffizienz der Kartoffel bezüglich des Stickstoffs und Phosphors als zwei essenzielle Nährstoffe gewonnen werden. Dies geschieht mittels Hydroponik-, Gefäß-, Feldversuchen sowie mit speziellen Experimenten in der digitalen Lemna-Tec-Phänotypisierungsanlage zur Erfassung von Spross- und Wurzelwachstum sowie Knollenbildung unter verschiedenen Nährstoffbedingungen. Ebenso soll mit Hilfe von UVA-basierter (Drohne) Spektralfotografie untersucht werden, inwiefern die Nährstoffversorgung der Kartoffel die Anfälligkeit gegen *Phytophthora infestans* beeinflusst; schließlich sollen für die Merkmale von Interesse DNA-basierte Marker entwickelt werden. Parallel dazu findet die Selektion von Zuchtstämmen auf ökologisch und konventionell bewirtschafteten Flächen statt.

Arbeitsplan LfL: an der LfL werden Züchtung und Gesunderhaltung betrieben, Feldversuche vorbereitet und Topfversuche durchgeführt. Die Züchtung möchte die Resistenzeigenschaften der JKI Prebreeding-Klone mit Nährstoffeffizienz und weiteren im Ökolandbau gewünschten Eigenschaften vereinen. Geeignete Kreuzungen werden dabei im Labor Marker-gestützt vorselektiert. So werden Sämlingsknollen für die erste Feldgeneration auf den Ökoflächen bereitgestellt und ein Ökozüchtungsprogramm etabliert. In der LemnaTec-Anlage der LfL, die über modernste Hochdurchsatz-Phänotypisierungstechnik verfügt, soll im Projekt für den Einsatz bei Kartoffeln optimiert werden. In der Anlage sollen sowohl Entwicklung des Blattapparates, Jungendentwicklung, Wurzelwachstum und Knollenbildung beobachtet werden. Die Klone für die Fragestellung werden anhand der Ergebnisse des JKI ausgewählt.

Unter Verwendung der phänotypischen Daten der Feld-, Topf- und Hydroponik-Versuche sollen Assoziationsstudien durchgeführt werden. Gesucht werden Signale, die mit den untersuchten Parametern wie zügiger Jugendentwicklung, Wurzelwachstum und Verwertungseffizienz (N bzw. P-Aufnahme und Ertrag) in Zusammenhang stehen. Im Projektvorhaben werden die identifizierten Marker für die Fluidigm-Technologie umgesetzt und mit den Akzessionen der IPK-Kernsammlung und den Ergebnissen aus den Hydroponik- und Gefäß-Versuchen validiert.

Ergebnisverwertung: das in der digitalen LemnaTec-Phänotypisierungsanlage etablierte anbau- und Bewertungssystem kann nach Projektende für weitere Fragestellungen übernommen werden. Die Untersuchung des Wurzel- und Sprosswachstums gibt Einblicke in die Funktion der Stickstoff- und Phosphoraufnahme bei Kartoffeln und deren Umsetzung in der Pflanze. Für Wissenschaft und Züchtungspraxis dient der Ansatz der Entwicklung und Validierung neuer molekularer Marker für die beschleunigte Auswahl gewünschter Eigenschaften. Das entwickelte Zuchtmaterial bildet die Grundlage für einen ökologischen Kartoffelbau, der den klimatischen und gesellschaftlichen Herausforderungen der Zukunft gewachsen ist und wirtschaftlich eine nachhaltigere Alternative zur konventionellen Landwirtschaft darstellt. Die gewonnenen Klone werden zur Kombinationszüchtung und weiteren Anreicherung von gewünschten Eigenschaften wie z.B. Resistenzen und Qualitätsmerkmalen eingesetzt.

8 Literaturverzeichnis LfL

Dale, M.F.B., Bardshaw, J.E. (2006) Modern methods for modern breeding programs. In: Hasse, N.U., Haverkoort, A.J.: Potato developments in a changing Europe. Wageningen Academics Publisher

Dalton, E., Milbourne, D., Griffin, D., Gallagher, T. (2011) Accelerated breeding in potato using marker assisted selection: strategy, prospects, and challenges. In: Santala, J.; Valkonen, J.P.T.: 18th Triennial Conference of the European Association for Potato Research (2011) (Book of Abstracts), 42. Oulu, Finland

Darsow, U. (2008) Vorläuferzüchtung der Kartoffel auf quantitative Phytophthora -Resistenz im ILK Groß Lüsewitz in der Ressortforschung des BMELV. Mitt. Julius Kühn-Institut 415. Quedlinburg

Darsow, U. (2000) 50 Jahre Züchtungsforschung zu Phytophthora infestans bei Kartoffel in Groß Lüsewitz – Geschichte einer Resistenzzüchtung mit Wechsel von der vertikalen zur

horizontalen Resistenz. Beiträge zur Züchtungsforschung. Bundeanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, 6, 49 S.

De Mendiburu, F. (2019) agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. R package version 1.3-1. [http://tarwi.lamolina.edu.pe/~fmendiburu\](http://tarwi.lamolina.edu.pe/~fmendiburu/)

De Mendiburu, F. (2020) Agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. <https://CRAN.R-project.org/package=agricolae>

Errebhi, M., Rosen, C.J., Gupta, S.C., Birong, D.E. (1998) Potato Yield Response and Nitrate Leaching as Influenced by Nitrogen Management. <https://doi.org/10.2134/agronj1998.00021962009000010003x>

Fageria, N.K., Baligar, V.C., Li, Y.C. (2008) The Role of nutrient Efficient Plants in Improving Crop yields in the Twenty First Century. *Journal of Plant Nutrition* 31(6), 1121-1157

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. *Theoretical and applied genetics* 112,1458-1464

Ghiyal and Bhatia (2018) Effect of nitrogen levels and fertigation frequency on the growth parameters and yield of potato tuber (*Solanum tuberosum* L.) cv. Kufri Bahar. *Agricultural and Food Sciences. Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry* 7(4), 2064-2067

Gianquinto, G., Sambo, P., Bona, S. (2001) The use of SPAD-502 chlorophyll meter for dynamically optimizing the nitrogen supply in potato crop: A methodological approach. *ISHS Acta Horticulturae* 607: IX International Symposium on Timing of Field Production in Vegetable Crops

Harris, M.P. (2012) The potato crop: the scientific basis for improvement. <https://doi.org/10.1007/978-94-011-2340-2>

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. (2009) Societal Costs of Late Blight in Potato and Prospects of Durable Resistance Trough Cisgenetic Modification. *Potato Research* 51, 47-57

Iwama, K. (2008) Physiology of the Potato: New Insights into Root System and Repercussions for Crop Management. *Potato Res.* 51, 333–353. <https://doi.org/10.1007/s11540-008-9120-3>

Kleinkopf G., Westermann D., Dwelle, R.B (1981) Dry Matter Production and Nitrogen Utilization by Six Potato Cultivars. <https://doi.org/10.2134/agronj1981.00021962007300050013x>

- Li, Y., Cooke, D.E.L., Jacobsen, E., van der Lee, T. (2013) Efficient multiplex simple sequence repeat genotyping of the oomycete plant pathogen *Phytophthora infestans*. *Journal of Microbiological Methods* 92(3): 316-322. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2012.11.021>
- Lopez-Vizcon, C., Ortega, F. (2012) Detection of mislabeling in the fresh potato retail market employing microsatellite markers. *Food Control* 26(2), 575-579
- Minotti, P.L., Halseth, D.E., Sieczka, J.B. (1994) Field Chlorophyll Measurements to Assess the Nitrogen Status of Potato Varieties. *HORTSCIENCE* 29(12), 1497-1500
- Nagel, K.A., Walter, A., Herrera, J.M., Jahnke, S., Schurr, U., Temperton, V.M. (2013) Root-root interactions: extending our perspective to be more inclusive of the range of theories in ecology and agriculture using in-vivo analyses. *Annals of Botany* 112(2), 253-266. <https://doi.org/10.1093/aob/mcs296>
- Pang, X.P., Letey, J. (2000) Organic Farming Challenge of Timing Nitrogen Availability to Crop Nitrogen Requirements. *Soil Science Society of America Journal* 64(1), 247-253
- Ross, H. (1986) Potato breeding-problems and perspectives. *Advances in Plant Breeding* 132pp
- Satterzadeh, A., Acenbach, U., Lübeck, J., Strahwald, J., Tacke, E., Hofferbert, H.R., Rothsteyn, T., Gebhard, 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. *Molecular Breeding* 18, 301-312
- Sattelmacher, B., Klotz, F., Marschner, H. (1990) Influence of the nitrogen level on root growth and morphology of two potato varieties differing in nitrogen acquisition. *Plant Soil* 123, 131-137. <https://doi.org/10.1007/BF00011258>
- Schwarzfischer, A., Behn, A., Groth, J., Reichmann, M., Kellermann, A., Songe Y-S. (2010) Markergestützte Selektion in der praktischen Kartoffelzüchtung - Erfahrungen und Perspektiven. 60. Tagung der Vereinigung der P 0. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkäufern und Saatgutkaufleute Österreichs, 2009, 81-85. ISBN: 978-3-902559-37-1
- Slater, A.T., Cogan, N.O.I., Forster, J.W. (2013) Cost analysis of the application of marker-assisted selection in potato breeding. *Molecular Breeding* 32, 299-310. <https://doi.org/10.1007/s11032-013-9871-7>
- Song, Y.S., Schwarzfischer, A. (2008) Development of STS Markers for Selection of Extreme Resistance (Ry sto) to PVY and Maternal Pedigree Analysis of Extremely Resistant Cultivars. *Am. J. Pot Res* 85, 159-170. <https://doi.org/10.1007/s12230-008-9012-8>

- Strahwald, J. (2011) Krautfäuleresistenzzüchtung- Grenzen und Chancen einer Kartoffelzüchtung für den ökologischen Landbau. Kartoffelbau, 47-50
- Steward, W.M., Dibb, D. W., Johnston, A.E., Smyth, T.J. (2005) The Contribution of Commercial Fertilizer Nutrients to Food Production. *Agronomy Journal* 97(1), 1-6. <https://doi.org/10.2134/agronj2005.0001>
- Tanner, C.B., Weis, G.G. & Curwen, D. (1982) Russet Burbank rooting in sandy soils with pans following deep plowing. *American Potato Journal* 59, 107-112. <https://doi.org/10.1007/BF02866365>
- Tiemens-Hulscher, M., Lammerts van Bueren, E.T., Struik, P.C. (2014) Identifying nitrogen-efficient potato cultivars for organic farming. *Euphytica* 199, 137-154. <https://doi.org/10.1007/s10681-014-1143-z>.
- Vos, J., Bom, M. (1993) Hand-held chlorophyll meter: a promising tool to assess the nitrogen status of potato foliage. *Potato Research*, 36, 301-308. <https://doi.org/10.1007/bf02361796>
- Vos, J., Biemond, H. (1992) Effects of nitrogen on the development and growth of the potato plant. 1. Leaf appearance, expansion growth, life span of leaves and stem branching. *Annals of Botany* 70, 27-35
- Wilbois, K.P. (2011) Ökologisch partizipative Pflanzenzüchtung. FiBL Deutschland
- Wishart, J., George, T.S., Brown, L.K., Ramsay, G., Bradshaw, J.E., White, P.J., Gregory, P.J. (2013) Measuring variation in potato roots in both field and glasshouse: the search for useful yield predictors and a simple screen for root traits. *Plant Soil* 368, 231-249. <https://doi.org/10.1007/s11104-012-1483-1>
- Woli, P., Hoogenboom, G., Alva, A. (2016) Simulation of potato yield, nitrate leaching, and profit margins as influenced by irrigation and nitrogen management in different soils and production regions. *Agricultural Water Management* 171, 120-130. <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2016.04.003>
- Wu, J., Wang, D., Rosen, C.J., Bauer, M.E. (2007) Comparison of petiole nitrate concentrations, SPAD chlorophyll readings, and QuickBird satellite imagery in detecting nitrogen status of potato canopies. *Field Crops Research* 101, 96-103. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2006.09.014>
- Junichi Yamaguchi and Akira Tanaka (1990) Quantitative observation on the root system of various crops growing in the field. *Soil Science and Plant Nutrition*, 36:3, 483-493, DOI: 10.1080/00380768.1990.10416917

Yousaf, M.F., Demirel, U., Naeem, M., Çalışkan, M.E. (2021) Association mapping reveals novel genomic regions controlling some root and stolon traits in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.). 3 Biotech 11, 174. <https://doi.org/10.1007/s13205-021-02727-6>

Zebarth, B.J., Tai, G. , Tarn, R., de Jong, H., Milburn, P.H. (2004) Nitrogen use efficiency characteristics of commercial potato cultivars. Canadian Journal of Plant Science 589-598. <https://doi.org/10.4141/P03-050>

9

10 Übersicht über alle im Berichtszeitraum vom Projektnehmer realisierten Veröffentlichungen zum Projekt (Printmedien, Newsletter usw.), bisherige und geplante Aktivitäten zur Verbreitung der Ergebnisse

10.1 Vorträge

1. **Selektion und Züchtung nährstoffeffizienter Phytophthora-resistenter Kartoffelzuchtstämme für einen nachhaltigen ökologischen Landbau**
 Vortragender: Johannes Wanner
Vortragstyp: Präsentation/Vortrag (Online-Meeting) im Rahmen einer Dienstbesprechung
Zielgruppe: Züchter, Wissenschaftler
Datum: 26.11.2020, **Ort:** LfL

2. **Projekt-Meeting EffiKar: Bericht zum Projektstand**
 Vortragender: Johannes Wanner
Vortragstyp: Vortrag im Rahmen einer Dienstbesprechung (Online-Meeting)
Zielgruppe: (Projekt-Beteiligte) Dr. Thilo Hammann (JKI), Johanna Blosser (JKI), Dr. Dehmer (IPK), Rebekka Erlinghagen (IPK), Herr Kellermann
Datum: 20.11.2021, **Ort:** LfL

3. **Untersuchung des Wurzelwachstums von Sorten- und Kartoffelstämmen unter optimierter und reduzierter Stickstoffgabe auf der Moving-Fields-Anlage (LemnaTec-Anlage) der LfL**
 Vortragender: Johannes Wanner
Vortragstyp: Vortrag im Rahmen der Ausbildung von Anwärtern und Referendaren
Zielgruppe: Referendare und Anwärter, Gruppe von 15-20 Personen
Datum: 01.07.2021 und 12.07.2021, **Ort:** LfL, LemnaTec-Anlage

4. **Ökozüchtung von Speisekartoffeln im Projekt EffiKar - Optimierung der Nährstoffeffizienz mittels Feld- und Gewächshausversuchen**

Vortragender: Johannes Wanner

Vortragstyp: Vortrag im Rahmen der Kartoffel-Versuchsfeld-Besichtigung in Olching bei Fürstenfeldbruck

Zielgruppe: Landwirte, Züchter (Dr. Ludwig Simon), Anbauberater (Bioverband Naturland, Ewald Pieringer) interessierte Öffentlichkeit (15 Personen)

Datum: 15.07.2021, **Ort:** Olching bei Fürstenfeldbruck

5. **EffiKar Verbundprojekt – Arbeiten zur Züchtung und Selektion nährstoffeffizienter und Phytophthora resistenter Kartoffeln**

Vortragender: Johannes Wanner

Vortragstyp: Wintertagung 2021 der GPZ-Arbeitsgemeinschaft Kartoffelzüchtung und Pflanzgutproduktion und der Georg-August-Universität Göttingen

Zielgruppe: Wissenschaftler, Kartoffel-Fachberater, Kartoffelzüchter

Datum: 18.11.2021, **Ort:** Göttingen

6. **Was bringen über 10 Jahre partizipative Ökokartoffelzüchtung an der LfL?**

Vortragender: Adolf Kellermann

Vortragstyp: Wissenschaftlicher Vortrag, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) - LfL-Jahrestagung 2023, "Pflanzenzüchtung und Tierzucht im ökologischen Landbau"

Datum: 05.12.2023, **Ort:** Grub

10.2 Artikel

Wanner J. (2022); Partizipative Kartoffelzüchtung - Kupfereinträge im Kartoffelanbau reduzieren; LUMBRICO 13/2022 37

10.3 Poster

Wanner J., Kellermann A. (2022) EffiKar - Selektion und Züchtung Kraut- und Braunfäule resistenter und nährstoffeffizienter Kartoffelstämme für einen nachhaltigen ökologischen Landbau; DLG-Feldtage, 14.–16. Juni 2022, Versuchsgut Kirschgartshausen, Mannheim

Wanner J., Wahl V., Kellermann A. (2022) Automatic phenotyping of early foliage and root development of potato (*Solanum tuberosum* L.); 21th Triennial Conference of the European Association for Potato Research (EAPR) 04-08. Juli .2022, Krakau

Wanner J. Kellermann A. (2023) Einfluss des Stickstoffinputs auf die Merkmale Knollenertrag, Stärkegehalt und Speisewert der Kartoffel (*Solanum tuberosum* L.); Tag der offenen Tür an der LfL, 18.06.2023, Freising

Wanner J. (2023) Automatische Phänotypisierung der frühen Wurzel- und Krautentwicklung der Kartoffel (*Solanum tuberosum* L.) unter kontrollierten Gewächshaus Bedingungen; 134. VDLUFA-Kongress, Klimaanpassung und Ernährungssicherheit - Herausforderungen für die Landwirtschaft, 05.-08. September 2023, Freising

10.4 Videos:

Bededikt Frommer; Johannes Wanner; Effikar – Selektion und Züchtung Kraut- und Braunfäule resistenter und nährstoffeffizienter Kartoffelstämme für einen nachhaltigen ökologischen Landbau; <https://www.lfl.bayern.de/ipz/kartoffeln/263735/index.php>

11 Anhang LfL

Anhang Tabelle 5: Relative Knollenerträge, Abreife und Jugendentwicklung der geprüften Sorten und Stämme im Anbaujahr 2023.

Stamm/Sorte/N-Stufe	N000	N060	N120
19.1004.16	68.6±6.3	61.7±3.1	67.5±11.8
19.1004.17	74.1±13.6	76.0±16.5	68.1±24.6
19.1061.25	85.1±8.5	73.6±24.7	80.9±6.0
19.1079.15	71.7±8.3	66.3±6.2	84.2±9.9
19.1061.32	99.9±33.2	105.0±8.5	89.1±22.4
19.1079.54	89.3±6.8	66.3±20.6	99.2±32.1
19.1022.48	111.7±9.4	150.9±30.3	92.3±5.6
14.1022/07	125.1±6.5	99.1±71.0	137.4±35.5
16650/16	186.6±1.6	186.2±5.5	164.2±33.5
16618/15	52.8±30.7	32.5±3.7	78.6±23.7
17126/04	131.7±31.7	154.9±27.0	135.8±26.6
16397/09	141.9±30.9	148.4±6.9	130.4±10.6
17480/12	85.5±12.4	102.8±10.2	106.5±7.3
17480/13	123.2±31.4	95.2±19.9	123.5±15.2
17500/01	46.1±12.1	60.7±5.6	65.1±7.9
18.1013/02	97.3±41.1	87.7±23.7	61.0±15.1
19073/07	121.1±6.2	121.0±4.5	99.7±33.5
19188/08	170.5±41.9	199.5±43.0	175.7±40.6
19197/04	79.5±29.7	80.1±32.6	97.3±1.4
19197/14	97.7±16.0	93.4±15.5	93.4±15.5
19361/01	119.3±24.1	76.5±20.7	91.4±5.4
19362/04	65.1±17.0	48.8±17.8	50.3±13.1
16186/02	75.9±23.2	74.3±17.2	76.3±9.9
19350/01	82.1±4.4	65.8±57.1	82.9±4.3

Stamm/Sorte/N-Stufe	N000	N060	N120
Adretta	88.2±17.3	97.9±10.0	93.9±15.4
Krone	85.3±32.2	85.7±38.5	105.9±19.9
Otolia	115.5±7.0	135.4±12.8	113.3±7.2
Agria	127.5±28.2	115.7±1.3	120.3±22.6
Allouette	68.8±3.6	63.8±8.4	72.3±23.1
Verdi	78.1±23.1	93.7±14.2	83.6±15.9
Favola	112.4±11.9	105.1±11.7	96.4±23.9
Simonetta	125.8±12.3	111.4±18.5	143.3±14.2
Ertragsmittel N-Stufe (kg/Pflanze) 100 %	0.51	0.48	0.56

Anhang Tabelle 6: Relativverträge der Vergleichssorten und Zuchtstämme des Stickstoffsteigerungsversuchs der Versuchsjahre 2020, 2021 und 2022 \pm einfacher Standardabweichung.

Anbaujahr	2020			2021			2022			2020, 2021 und 2022			2020 und 2022		
Stamm/Sorte/N-Stufe	N000	N060	N120	N000	N060	N120	N000	N060	N120	N000	N060	N120	N000	N060	N120
11.1025.03	88.3 \pm 51.1	91.6 \pm 25.9	122.5 \pm 52.0	65.4 \pm 6.3	88.1 \pm 5.5	67.8 \pm 31.0	53.9 \pm 10.1	78.0 \pm 9.4	74.7 \pm 27.5	69.2 \pm 30.5	72.5 \pm 16.8	74.3 \pm 37.3	70.9 \pm 37.6	78.0 \pm 18.4	88.4 \pm 36.4
131031/01	106.2 \pm 21.3	142.5 \pm 4.0	127.5 \pm 27.6	89.6 \pm 17.3	89.4 \pm 50.8	103.1 \pm 13.4	125.2 \pm 10.1	114.4 \pm 6.6	122.8 \pm 11.5	109.6 \pm 21.5	102.9 \pm 39.4	127.1 \pm 21.7	119.2 \pm 17.0	123.1 \pm 22.7	118.0 \pm 17.6
14.1022/07	74.3 \pm 11.4	91.9 \pm 20.2	90.2 \pm 6.7	107.1 \pm 10.5	103.8 \pm 23.1	124.0 \pm 18.6	91.9 \pm 14.6	106.7 \pm 12.7	99.2 \pm 17.2	96.0 \pm 14.6	88.8 \pm 20.7	114.3 \pm 40.0	90.0 \pm 12.7	99.3 \pm 16.4	94.1 \pm 12.2
14.1077/02	72.7 \pm 5.8	92.7 \pm 7.5	97.5 \pm 11.3	115.5 \pm 37.8	78.1 \pm 11.8	108.2 \pm 23.8	82.31 \pm 3.0	110.7 \pm 4.9	71.2 \pm 9.9	90.4 \pm 27.9	80.3 \pm 20.9	101.6 \pm 42.6	77.3 \pm 6.9	93.2 \pm 8.6	76.1 \pm 10.9
14.1081/01	46.4 \pm 9.9	65.2 \pm 30.8	49.6 \pm 8.2	76.8 \pm 10.7	71.9 \pm 10.7	59.2 \pm 22.6	72.2 \pm 10.8	78.2 \pm 4.0	77.1 \pm 7.2	65.0 \pm 15.9	63.5 \pm 18.9	66.1 \pm 22.3	60.8 \pm 15.7	67.9 \pm 19.9	60.3 \pm 18.2
14442/04	84.5 \pm 12.1	80.1 \pm 9.7	91.6 \pm 4.2	72.4 \pm 28.2	129.1 \pm 67.0	94.1 \pm 24.3	106.3 \pm 0.3	76.1 \pm 6.5	81.1 \pm 25.4	93.2 \pm 22.1	82.7 \pm 26.5	101.6 \pm 32.1	103.2 \pm 9.6	78.9 \pm 14.0	86.0 \pm 17.4
14442/06	86.1 \pm 12.9	97.6 \pm 65.5	122.0 \pm 27.9	92.1 \pm 9.5	91.0 \pm 18.0	106.5 \pm 18.2	120.5 \pm 8.4	110.6 \pm 22.5	98.8 \pm 25.4	99.7 \pm 18.3	84.8 \pm 36.7	116.8 \pm 30.7	103.0 \pm 21.4	95.5 \pm 41.1	100.0 \pm 15.3
15176/01	93.9 \pm 28.8	125.4 \pm 37.2	124.2 \pm 23.8	105.7 \pm 44.8	140.5 \pm 27.9	124.4 \pm 15.9	129.1 \pm 20.8	134.6 \pm 13.8	122.0 \pm 11.2	112.0 \pm 32.1	125.8 \pm 21.9	135.9 \pm 34.1	114.6 \pm 28.3	123.5 \pm 25.1	116.2 \pm 15.9
15176/05	112.3 \pm 6.5	147.7 \pm 5.9	126.5 \pm 30.07	78.1 \pm 38.6	153.9 \pm 17.3	132.9 \pm 13.6	134.3 \pm 21.4	139.0 \pm 7.1	129.4 \pm 13.3	120.8 \pm 30.8	130.0 \pm 26.8	142.3 \pm 33.8	133.7 \pm 14.4	145.0 \pm 22.8	127.2 \pm 20.8
15207/01	130.6 \pm 29.0	137.7 \pm 60.0	166.1 \pm 7.5	150.5 \pm 27.9	128.9 \pm 18.4	131.6 \pm 31.5	120.2 \pm 33.5	111.5 \pm 9.8	95.6 \pm 6.6	134.0 \pm 29.8	106.4 \pm 34.1	139.9 \pm 45.7	125.0 \pm 28.4	114.6 \pm 39.4	117.0 \pm 25.8
15703/06	73.1 \pm 14.9	91.6 \pm 20.1	96.9 \pm 29.6	94.4 \pm 12.8	108.4 \pm 34.5	117.8 \pm 8.9	74.3 \pm 13.4	86.8 \pm 17.4	69.9 \pm 3.7	82.5 \pm 15.6	81.9 \pm 19.2	103.1 \pm 42.4	76.1 \pm 13.3	85.1 \pm 17.9	78.2 \pm 19.9
16.1056/02	77.8 \pm 7.3	89.4 \pm 2.7	94.2 \pm 24.2	95.9 \pm 16.5	107.3 \pm 19.4	99.4 \pm 19.1	110.7 \pm 14.6	120.2 \pm 14.2	121.4 \pm 29.7	107.3 \pm 20.7	96.8 \pm 18.7	110.1 \pm 29.5	116.1 \pm 30.9	103.7 \pm 16.0	112.0 \pm 31.4
16.1061/01	130.4 \pm 22.7	111.2 \pm 25.2	122.4 \pm 29.4	116.5 \pm 23.0	90.5 \pm 29.6	64.7 \pm 32.4	79.6 \pm 18.9	106.1 \pm 3.2	107.6 \pm 10.3	98.6 \pm 28.1	85.3 \pm 22.0	98.6 \pm 30.7	91.0 \pm 19.3	100.2 \pm 9.6	53.4 \pm 17.2
16.1089/01	77.9 \pm 29.3	85.8 \pm 37.3	103.1 \pm 34.1	103.8 \pm 23.4	75.8 \pm 28.5	75.4 \pm 6.6	74.7 \pm 11.1	76.01 \pm 6.8	54.3 \pm 17.5	89.3 \pm 24.9	69.2 \pm 25.9	74.6 \pm 31.8	78.9 \pm 21.4	77.3 \pm 26.0	68.9 \pm 20.8
16186/02	59.0 \pm 11.8	59.7 \pm 8.7	58.8 \pm 6.0	130.5 \pm 19.3	81.3 \pm 7.5	63.7 \pm 3.7	80.7 \pm 13.4	115.4 \pm 22.8	101.0 \pm 17.6	94.1 \pm 31.8	76.3 \pm 24.9	81.9 \pm 21.7	75.3 \pm 13.6	85.2 \pm 24.8	79.2 \pm 24.9
16186/03	71.1 \pm 30.0	83.0 \pm 20.1	77.9 \pm 6.8	77.0 \pm 17.1	92.7 \pm 25.7	87.2 \pm 19.5	74.6 \pm 18.8	105.2 \pm 14.2	106.0 \pm 19.3	74.3 \pm 19.8	76.7 \pm 20.5	97.7 \pm 30.5	72.6 \pm 22.4	86.2 \pm 17.0	85.0 \pm 24.6

Anbaujahr	2020			2021			2022			2020, 2021 und 2022			2020 und 2022		
Stamm/Sorte/N-Stufe	N000	N060	N120	N000	N060	N120	N000	N060	N120	N000	N060	N120	N000	N060	N120
16282/01	83.3±23.9	141.0±7.2	167.2±7.7	146.7±33.4	101.2±24.9	119.3±19.5	120.0±25.1	118.3±7.0	123.4±22.4	117.3±33.9	103.3±33.0	144.3±25.9	104.4±28.4	124.0±20.4	136.2±21.9
16588/03	68.0±1.4	72.0±4.2	80.3±5.9	86.8±21.0	53.3±0.0	85.5±25.0	94.9±23.6	93.7±11.3	100.0±9.4	86.7±17.6	75.9±18.4	102.0±27.4	87.7±16.9	82.4±7.4	89.6±11.9
16650/16	142.9±21.8	153.0±21.1	142.7±50.2	116.6±9.5	125.5±6.3	106.6±40.4	106.2±15.8	134.0±17.0	112.0±26.3	121.1±20.3	120.9±26.8	129.3±44.4	124.1±25.9	131.9±20.3	115.3±31.9
16742/01	95.6±12.7	129.4±25.7	108.7±5.3	113.0±24.3	120.6±14.2	120.7±4.4	114.6±22.0	119.9±0.5	83.4±9.7	87.9±33.2	107.4±24.2	122.2±42.3	108.3±17.7	119.0±20.4	90.2±11.2
Adretta	82.5±26.3	67.3±5.7	68.0±13.8	62.6±10.0	76.2±10.0	89.9±0.0	109.6±23.8	105.5±17.6	124.2±8.3	73.2±40.2	72.3±20.4	99.8±30.9	103.7±25.7	85.0±15.2	95.3±31.2
Jelly	133.0±12.3	150.9±20.6	151.1±24.6	79.4±9.7	66.8±18.1	69.5±0.0	94.0±19.8	118.2±21.3	101.5±17.0	88.1±42.0	88.8±45.0	111.4±21.5	113.1±25.6	123.9±25.9	113.6±22.6
Krone	121.0±31.1	110.3±31.8	110.9±34.7	58.8±17.4	55.5±12.0	45.3±2.4	113.5±7.4	141.2±10.5	127.0±8.9	89.8±49.0	86.9±45.0	100.4±30.7	121.2±23.1	118.9±22.8	112.6±24.6
Otolia	108.7±22.2	127.6±49.7	150.3±21.5	159.6±31.8	151.4±17.6	151.8±39.2	122.6±19.6	162.7±14.3	137.9±24.2	109.6±28.2	131.5±35.1	167.0±48.2	125.8±21.0	144.4±36.2	143.4±22.0
Ertragsmittel N-Stufe (kg/Pflanze) 100 %	0.67	0.71	0.79	0.31	0.38	0.54	0.62	0.69	0.63	0.53	0.60	0.66	0.64	0.73	0.71

Teil III: Teilbericht des JKI

3 Material und Methoden

3.1 N-Steigerungsversuch (AP1)

Alle Prüfglieder der Jahre 2020 bis 2023 wurden in enger Kooperation mit den Projektpartnern ausgewählt und sind mengenmäßig in der *Tabelle 7* zusammengefasst.

Das Testsortiment des N-Steigerungsversuchs umfasste neben 29 Sorten und 40 fortgeschrittene Zuchtstämmen der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) bzw. des Julius Kühn-Instituts insgesamt 29 während des Projekts neu entwickelte Zuchtstämme.

Die Prüfung des Sortiments untergliederte sich während der Projektlaufzeit in zwei Phasen. In Projektphase 1 (2020, 2021) wurden aktuelle deutsche und ausländische Sorten sowie Zuchtstämme der LfL und des JKI hinsichtlich ihrer Kraut- und Knollenfäule-Anfälligkeit in 3 N-Düngestufen untersucht. Die im Projektverlauf als gering anfällig eingestuft Sorten und Zuchtstämme wurden anschließend für Kreuzungsprogramme ausgewählt. In der zweiten Phase (2021 bis 2023) wurde die *Phytophthora*-Anfälligkeit der im Projekt neu entwickelten Kreuzungs-Nachkommenschaften unter Feld- und Laborbedingungen geprüft.

In einer randomisierten Blockanlage mit drei Düngestufen (50 kg N/ha, 100 kg N/ha und 200 kg N/ha), zwei Versuchsstandorten (Groß Lüsewitz, Freising) und je drei Wiederholungen wurden im Projektjahr 2021 insgesamt 24 Prüfglieder aus 2020 (20 Pre-Breeding-Klone und die Sorten 'Adretta', 'Jelly', 'Krone' und 'Otolia') sowie 14 weitere Sorten ('Agria', 'Allians', 'Alouette', 'Bettina', 'Caprice', 'Etana', 'Juventa', 'Mariola', 'Muse', 'Olivia', 'Papageno', 'Simonetta', 'Talent', 'Vitabella') mit zehn Pflanzstellen pro Parzelle angebaut. Für die Düngung wurde der organische Dünger 'Diaglutin® N pellet' der Firma BIOFA verwendet, der auch im Ökolandbau eingesetzt wird.

Anfang Juli wurden die Parzellen am JKI-Standort Groß Lüsewitz mit einem vor Ort gesammelten, hoch virulenten *Phytophthora infestans* Gemisch inokuliert und der Befall zwei Mal wöchentlich bis zur Abreife als prozentual befallene Krautfläche erfasst (siehe Kap. 3.2.1). Im Labor wurden von selbigem Material sowohl ein Blatt- als auch ein Scheibentest als weitere Methoden zur Untersuchung der Anfälligkeit gegen P.i. durchgeführt (siehe Kap. 3.2.2)

Des Weiteren wurden Parzellenertrag, Stärkegehalt, Speisewert und Keimung des Materials bestimmt, um den Einfluss der Düngestufen auf die agronomischen Eigenschaften zu untersuchen. Am Standort Freising erfolgte keine künstliche Inokulation, sondern es wurde unter natürlichen Befallsbedingungen getestet.

Tabelle 7: Anzahl Prüfglieder in den Versuchsjahren 2020 bis 2023

Jahr	Anzahl Prüfglieder
2020	24
2021	38
2022	53 ¹
2023	36
Gesamt	151

¹ Aufgrund schlechter Erträge im Jahr 2021 konnte im Jahr 2022 kein N-Steigerungsversuch durchgeführt werden, es war nur die Vermehrung des Zuchtmaterials möglich

3.2 Bewertung der Anfälligkeit gegen *Phytophthora infestans*

3.2.1 Krautfäuleprüfung im Feld

Zur Bewertung der quantitativen KF-Resistenz wurden in den Jahren 2020 bis 2023 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 Bestandsentwicklung 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 Erregerspektrum der Feldisolate wurde vom James Hutton Institute, Dundee, United Kingdom mithilfe von FTA-Karten analysiert. Für 2020 wurden hauptsächlich die Genotypen EU_41_A2 und EU_13_A2 nachgewiesen. Im Jahr 2021 wurde vorwiegend der Genotyp EU_37_A2 identifiziert. Das Inokulum wurde zur näheren Charakterisierung der enthaltenen Pathotypen im Feld an einem internationalen Differentialsortiment getestet und repräsentierte Virulenzen gegenüber den Resistenzgenen R1 bis R11

(Tabelle 8). 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. Aufgrund sehr trockener und warmer Bedingungen musste in den Jahren 2021 bis 2023 mehrfach inokuliert werden, um einen Krautfäulebefall zu induzieren. Dennoch war die Interpretation der Ergebnisse schwierig.

Tabelle 8 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)

Der Befall der Prüfglieder mit KF wurde ab dem 5. Tag nach der Inokulation (5 dpi) als prozentual befallene Krautfläche ohne die inokulierte Pflanze 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 25). 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 (Truberg et al. 2009).



Abbildung 25: Krautfäuleresistenzprüfung im Feld

3.2.2 Bewertung der Krautfäuleresistenz im Labor

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 μ l; $1,4 \times 10^4$ 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 26). Das Mittel aus beiden Bonituren diene als Maß für den KF-Befall und beschreibt die Anfälligkeit des geprüften Stammes (Tabelle 9).



Abbildung 26: Einzelblatttest zur Ermittlung der Krautfäuleanfälligkeit

Tabelle 9: 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

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 27, Tabelle 10*) 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 zur Ermittlung der relativen Knollenfäule-Resistenz statt.



Abbildung 27: Labortest erntefrischer, unverletzter Knollen

Tabelle 10: 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

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 Feuchtkammer 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). 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 (Abbildung 28). 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 anhand der Abwehrreaktion des Knollenmarks berücksichtigt (DARSOW, 2008) und entsprechend *Tabelle 11* bewertet.



Abbildung 28: Ermittlung der quantitativen Knollenfäule-Resistenz

Tabelle 11: 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

3.2.3 Erweiterung der genetischen Diversität der Kulturkartoffel mit dem Schwerpunkt auf quantitativer *Phytophthora*-Resistenz (AP 2)

Zur Verbesserung der Resistenz- und Qualitätseigenschaften des Ausgangsmaterials wurden seit Projektbeginn, parallel zu den Feldversuchen, gezielt Kreuzungen durchgeführt. Als Kreuzungspartner dienten JKI-Prebreeding-Stämme, die eine sehr geringe *Phytophthora*-Anfälligkeit sowie weitere positive agronomische und Qualitätseigenschaften, wie früher

Reifezeit und/oder Chips- bzw. Pommes-frites-Eignung aufwiesen und Sorten mit guter Speiseeignung.

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 2020 bis 2023 wurden insgesamt 3.148 Einzelpflanzen aus 190 Populationen erzeugt und an die beteiligten Ökobetriebe zur Selektion unter deren Anbaubedingungen abgegeben.

Ein weiteres Ziel ist die Entwicklung von Stickstoff-effizientem und dabei *P.i.*-resistentem Zuchtmaterial. Dazu wurden 2020 vier Sämlingspopulationen mit jeweils ca. 200 Individuen, basierend auf Kreuzungen aus dem Jahr 2019 zwischen einem resistenten Klon und einer zugelassenen Sorte, im Gewächshaus angezogen. 2021 wurden diese Populationen als Einzelpflanzen im Feld angebaut und Blatttests durchgeführt. Basierend auf den Daten und den Daten aus 2020 wurden zwei Populationen ausgewählt, die 2022 als A-Stämme weitergeführt wurden. Aus den erzeugten Zuchtstämmen der vier Sämlingspopulationen aus dem Jahre 2020, wurden geeignete Zuchtstämmen selektiert und vermehrt, so dass sie im Jahr 2022 in einer ersten Leistungsprüfung in Bezug auf Phänotyp, Ertragsleistung, Qualität und *P. infestans* Resistenz untersucht und selektiert werden konnten. In einem Blatttest wurden die Zuchtstämmen auf ihre Krautfäuleanfälligkeit getestet. Im Labor wurde vom selben Material ein Knollenscheibentest (siehe Kap. 3.3.2.2) zur Untersuchung der Anfälligkeit gegen Knollenfäule durchgeführt.

Parallel dazu wurden im Jahr 2021 in den Einzelpflanzen Blattproben zur DNA Extraktion entnommen, die anschließend für ein „Genotyping by Sequencing (GBS) zur Verfügung standen. Für das GBS wurden Blattproben, bestehend aus 2 bis 3 Blättern gewonnen und die Blattproben wurden bis zur DNA-Extraktion bei –80 °C gelagert. Die DNA wurde mit dem DNeasy Plant Pro Kit von Qiagen aus jungen Blättern extrahiert und an LGC Genomics GmbH geschickt. LGC führte eine Genotypisierung durch Sequenzierung (GBS) mit 2 x 150 bp (NextSeq 500/550 v2) und ~ 1,5 Millionen Lesevorgängen pro Probe mit der Enzymkombination PstI-ApeKI durch. Das Referenzgenom war die Akzession GCA_000226075, Stamm DM1-3 516 R44 vom Potato Genome Sequencing Consortium (2011).

3.3 Molekularbiologische Untersuchungen

3.3.1 Identifikation genetischer Marker für Krautfäuleresistenz (AP 4)

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

Für diese Studie wurden insgesamt 52 Zuchtstämme mit hoher Resistenz gegen *P. infestans* verwendet. Sie stammen aus Kreuzungen, die zwischen 2001 und 2014 erzeugt wurden und stellen höhere Rückkreuzungsgenerationen von BC5, BC6 oder BC7 dar. Zusätzlich wurden acht gängige Sorten einbezogen, von denen fünf als anfällig ('Adretta', 'Belana', 'Gala', 'Krone', 'Princess') und drei als mäßig resistent ('Sarpo Mira', 'Alanis', 'Otolia') beschrieben wurden. Die Feldresistenz wurde in einem randomisierten Blockdesign in zwei Wiederholungen über 3 Jahre an der JKI-Versuchsstation in Groß Lüsewitz evaluiert. Die Pflanzen wurden Anfang Juli mit einer *P. infestans*-Suspension inokuliert, die aus Rassen bestand, welche über mehrere Jahre auf dem Feld gesammelt wurden. Die Feldbonituren wurden bis zur Reife zweimal pro Woche durchgeführt. Die relative Fläche unter der Befallsverlaufskurve wurde berechnet und gemäß OEPP/EPPO (2021) in Bonituren von 1 (sehr resistent) bis 9 (hoch anfällig) umgewandelt.

Pflanzen für die Markeranalyse wurden für 4 Wochen in einem Gewächshaus kultiviert und anschließend wurde DNA mit dem DNeasy Plant Pro Kit (Qiagen; Hilden, Deutschland) aus jungen Blättern extrahiert und auf 10 ng/µl verdünnt. Elf Paare von genspezifischen PCR-Primern für sieben bekannte Resistenzgene und ein QTL-Allel wurden verwendet (Tabelle 12). Als Positivkontrollen für die jeweiligen Gene 'GLKS-31741' (*blb4*, *Rpi-blb1/Rpi-sto1*, *R2/Rpi-abpt/Rpi-blb3*), 'Bionica' und 'Toluca' (*Rpi-blb2*), 'R1 P 102 18102' (*R1*), 'R2 P 103 18103' (*R2/Rpi-abpt/Rpi-blb3*), 'R3 P 104 18104' (*R3a*, *R3b*), 'Sto 30602/1' (*Rpi-blb1/Rpi-sto1*) und 'S. phureja IVP 48' (*Rpi-phu1*, *QTL_phu-stn*) verwendet. Die Sorte 'Gala' (*R3a*, *R3b*) und 'R1 P 102 18102' (*R1*) wurden als Negativkontrollen verwendet. Diese Marker wurden auf Grundlage der Resistenzgene, die in den wilden Verwandten enthalten sein sollten, ausgewählt.

Die PCR-Reaktionslösungen von 20 µl bestanden aus 20 ng Template DNA, 0,4 µM jedes Primers und 10 µl Red HS Taq Master Mix (Biozym; Hessisch Oldendorf, Deutschland). Die PCR-Reaktion wurde im Universal-Thermocycler peqSTAR 96 (PEQLAB; VWR, Darmstadt, Deutschland) durchgeführt. Anschließend wurden die PCR-Produkte durch Gelelektrophorese (1,5 h, 5,6 Volt/cm) mit 2 %igen Agarosegelen (Biozym; Hessisch Oldendorf, Deutschland), denen eine 1 %ige Ethidiumbromidlösung (Roth; Karlsruhe, Deutschland) zugesetzt wurde, aufgetrennt. Die Produkte wurden durch UV-Licht in der G-Box F3 (Syngene; Cambridge, Vereinigtes Königreich) sichtbar gemacht.

Tabelle 12 Molekulare Marker zum Nachweis entsprechender Krautfäule-Resistenzgene

Gen/ QTL	Ursprung	Marker	Forward/Reverse Primer	Chromoso- m-Nr., erwartete Größe (bp) des Amplicons	Annealin- g Tempera- tur (°C)	Referenz
Rpi- blb1/ Rpi-sto1	S. bulbocastanu m	BLB 1/1'	F: CACGAGTGCCCTTTTCTGAC R: ACAATTGAATTTTACTACT	8, 213	60-50	Colton et al. 2006
	S. stoloniferum	Sto1F/R	F: ACCAAGGCCACAAGATTCTC R: CCTGCGGTTTCGGTTAATACA	8, 890	68-58	Zhu et al. 2012
Rpi-blb2	S. bulbocastanu m	BLB2F/ R	F: GGAAGTGGTAACGACAATCC R: AGCAGGATTTCCCTAATGC	6, 773	60-50	Wang et al. 2008; Lokossou et al. 2010
Rpi- blb3/ R2/ Rpi-abpt	S. bulbocastanu m	BLB3F/ R	F: AGCTTTTTGAGTGTGTAATTGG R: GTAACACTCGGACTCGAGGG	4, 305	60-50	Zhu et al. 2012
	S. demissum	R2F/R	F: ATGGCTGATGCCTTTCTATCATTT GC R: TCACAACATATAATTCCGCTTC	4, 2500	60-50 (27 cycles)	Kim et al. 2012
	S. demissum	R2- F1/R3	F: GCTCCTGATACGATCCATG R: ACGGCTTCTTGAATGAA	4, 686	50	Kim et al. 2012
R1	S. demissum	76-2sf2/ 76-2SR	F: CACTCGTGACATATCCTCACTA R: CAACCCTGGCATGCCACG	5, 1400	60-50	Ballvora et al. 2002
R3a	S. demissum	SHA- F/R	F: ATCGTTGTCATGCTATGAGATTGT T R: CTTCAAGGTAGTGGGCAGTATGCT T	11, 982	68-57	Huang et al. 2005
R3b	S. demissum	R3b- F4/R5	F: GTCGATGAATGCTATGTTTCTCGA GA R: ACCAGTTTCTTGAATCCAGATT G	11, 378	55	Rietmann 2011
Rpi- phu1	S. phureja	GP94F/ R	F: ATGTATCACAATCACATTCTTGCTC R: TGTAACAACAAGTAGTGTTC	9, 300	45-35	Śliwka et al. 2006
QTL_ph u-stn	S. phureja	GP198F -1/R	F: TTTGCTTACTCTTGTGTATG R: TCACTTTGGTGCTTCTGTCC	3, 450	60-50 (25 cycles)	Wickramasin- ghe et al. 2009

3.3.2 Durchführung einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS) (AP 4)

Die genetische Grundlage der *P.i.*-Resistenz der JKI Zuchtklone ist bislang noch unklar. Deswegen ist ein weiteres Ziel des Vorhabens die Durchführung einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS).

Zu diesem Zweck wurden 200 Genotypen, darunter 161 Zuchtklone und 39 Sorten über drei Jahre in einer randomisierten Blockanlage in zwei Wiederholungen und zehn Pflanzen pro Parzelle kultiviert. Für die Untersuchungen wurde das Material mehrjährigen Feldtests mit künstlicher Inokulation unterzogen. (Methodik siehe Kap. 3.2.1). Zusätzlich zu den Feldversuchen wurden in allen Versuchsjahren Tests an Blattproben und Knollenscheibentests (siehe Kap. 3.2.2) durchgeführt, um die Resistenz gegen Knollenfäule zu untersuchen.

Der Korrelationskoeffizient zwischen Merkmalen wurde nach Pearson (1948) berechnet und die Heritabilität der phänotypischen Merkmale wurde mit PLABSTAT Version A (Utz 2011) nach Knapp und Bridges (1987) berechnet. Für die GWAS wurden Mittelwerte verwendet.

DNA Extraktion und Genotypisierung für die Assoziationsstudie (GWAS)

Für die genomweite Assoziationsstudien (GWAS) wurden Blattproben, bestehend aus 2 bis 3 Blättern gewonnen und die Blattproben wurden bis zur DNA-Extraktion bei $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ gelagert. Die DNA wurde mit dem DNeasy Plant Pro Kit von Qiagen aus jungen Blättern extrahiert und an LGC Genomics GmbH geschickt. LGC führte eine Genotypisierung durch Sequenzierung (GBS) mit $2 \times 150\text{ bp}$ (NextSeq 500/550 v2) und $\sim 1,5$ Millionen Lesevorgängen pro Probe mit der Enzymkombination PstI-ApeKI durch. Das Referenzgenom war die Akzession GCA_000226075, Stamm DM1-3 516 R44 vom Potato Genome Sequencing Consortium (2011). Insgesamt wurden 21.312 SNPs in $\geq 66\%$ der Proben vollständig abgedeckt, mit einer geringen Allelhäufigkeit von $\geq 5\%$. Davon wurden weitere 310 SNPs entfernt, da mehr als 4 Allele vorhanden waren. Eine genetische Distanzmatrix wurde mithilfe der in TASSEL Version 5.2.87 implementierten Identity-by-State-Methode berechnet (Bradbury et al. 2007). Die Matrix wurde auf R Version 4.2.0 übertragen und die Clusteranalyse wurde mit dem im R-Paket Phangorn implementierten Neighbor-Joining-Algorithmus (Saitou und Nei 1987) durchgeführt (Schliep et al. 2019).

Durchführung einer Genomweiten Assoziationsstudie

Die Berechnung der Verwandtschaftsmatrix und der Populationsstruktur mittels Hauptkomponentenanalyse sowie die Berechnung der GWAS wurden mit dem R-Paket GWASpoly durchgeführt (Rosyara et al. 2016). Für die GWAS wurden die ersten drei Hauptkomponenten als Co-Faktoren verwendet. Die Genotypen wurden in die Gruppen „Sorte“ und „Zuchtstamm“ eingeteilt. Für alle Merkmale wurde das 1-dom-alt-Modell verwendet. Das Modell geht davon

aus, dass Pflanzen, die nur Referenzallele tragen, anfällig für Kraut- und Knollenfäule sind. Die Resistenz wird auf das alternative Allel vererbt und der volle Dominanzeffekt wird angenommen, wenn nur ein alternatives Allel vorhanden ist. Die Bonferroni-Korrektur ($\alpha = 0,05/\text{Anzahl der SNPs}$) wurde verwendet, um Mehrfachtests zu berücksichtigen und die Rate falsch positiver Marker-Merkmal-Assoziationen niedrig zu halten. Manhattan-Diagramme mit $-\log_{10}$ (p-Werten) wurden erstellt und der erklärte Prozentsatz der phänotypischen Varianz (R^2) wurde mit einer Regression der SNP-Marker-Dosierung (0 = kein alternatives Allel; 1 = ein oder mehrere alternative Allele) im Resistenztestergebnis berechnet.

3.4 Etablierung und Nutzung moderner Drohnentechnik

Eine drohnengestützte Erfassung des Krautfäulebefalls kann möglicherweise zu erheblichen Effizienzgewinnen gegenüber einer visuellen Bonitur führen. Im Jahr 2022 konnten aufgrund des witterungsbedingt fehlenden Krautfäulebefalls keine nutzbaren Aufnahmen gemacht werden. Die Befliegung mit einer Drohne (Cis Multicopter Oktopus) mit dem Multispektralsystem 'MicaSense RedEdge' zur Erzeugung von Orthofotos war für 2023 eingeplant.

4 Ausführliche Darstellung der Ergebnisse

4.1 Prüfung ausgewählter Sorten und Zuchtklone auf den Befall mit P.i. unter verschiedenen Düngestufen (Stickstoff) (AP 1)

4.1.1 Stickstoffsteigerungsversuch in den Jahren 2020 und 2021 (Blossei *et al.*, 2023)

Ein Ziel des Vorhabens ist es, den Einfluss der Stickstoffversorgung auf den Befall von Zuchtklonen und Sorten mit P.i. zu ermitteln. In einer randomisierten Blockanlage mit drei Düngestufen (50 kg N/ha, 100 kg N/ha und 200 kg N/ha), zwei Versuchsstandorten (Groß Lüsewitz, Freising) und je drei Wiederholungen wurden im Projektjahr 2020 insgesamt 24 Prüfglieder mit zehn Pflanzstellen pro Parzelle angebaut. Diese umfassten 20 Pre-breeding-Klone der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) bzw. des JKI sowie vier Sorten ('Adretta', 'Jelly', 'Krone' und 'Otolia'). Für die Düngung wurde der organische Dünger 'Diaglutin® N pellet' der Firma BIOFA verwendet, der auch im Ökolandbau eingesetzt wird.

Anfang Juli wurden die Parzellen am JKI-Standort Groß Lüsewitz mit einem vor Ort gesammelten, hoch virulenten *Phytophthora infestans* Gemisch inokuliert und der Befall zwei Mal wöchentlich bis zur Abreife als prozentual befallene Krautfläche erfasst. Anschließend erfolgte die Berechnung von rAUDPC-Werten ('relative Area Under the Disease Progress Curve') und reifekorrigierten Δ rAUDPC-Werten. Am Standort Freising wurde keine Inokulation durchgeführt, sondern unter natürlichen Befallsbedingungen getestet.

Im Labor wurden am selben Material sowohl ein Blatt- als auch ein Scheibentest als weitere Methoden zur Untersuchung der Anfälligkeit gegen *P.i.* durchgeführt.

Der Einfluss der Dünge­stufen auf das *P.i.*-Befallsniveau der Prüf­glieder wurde varianzanalytisch untersucht. Der Einfluss erwies sich im ersten Versuchsjahr als nicht signifikant (*Abbildung 29*). Erheblich größere Unterschiede im reifekorrigierten Befall waren zwischen den Zucht­klonen einerseits und Sorten andererseits zu beobachten. Die Sorten so wie ein Zucht­klon (16.1056/02HC) erwiesen sich als deutlich anfälliger als der Großteil der Zucht­klone (*Abbildung 29*).

Des Weiteren wurden Parzellenertrag, Stärkegehalt und Speisewert des Materials bestimmt, um den Einfluss der Dünge­stufen auf die agronomischen Eigenschaften zu untersuchen. Dabei zeigte sich, dass eine hohe Dünge­stufe zu signifikant höheren Erträgen, niedrigeren Stärkegehalten und geringeren Speisewerten führte (beispielhaft für den Ertrag in *Abbildung 30*). Diese Ergebnisse zeigen auch, dass die resistenten Klone das Angebot an Stickstoff genauso gut in Ertrag umsetzen konnten wie die anfälligen Sorten.

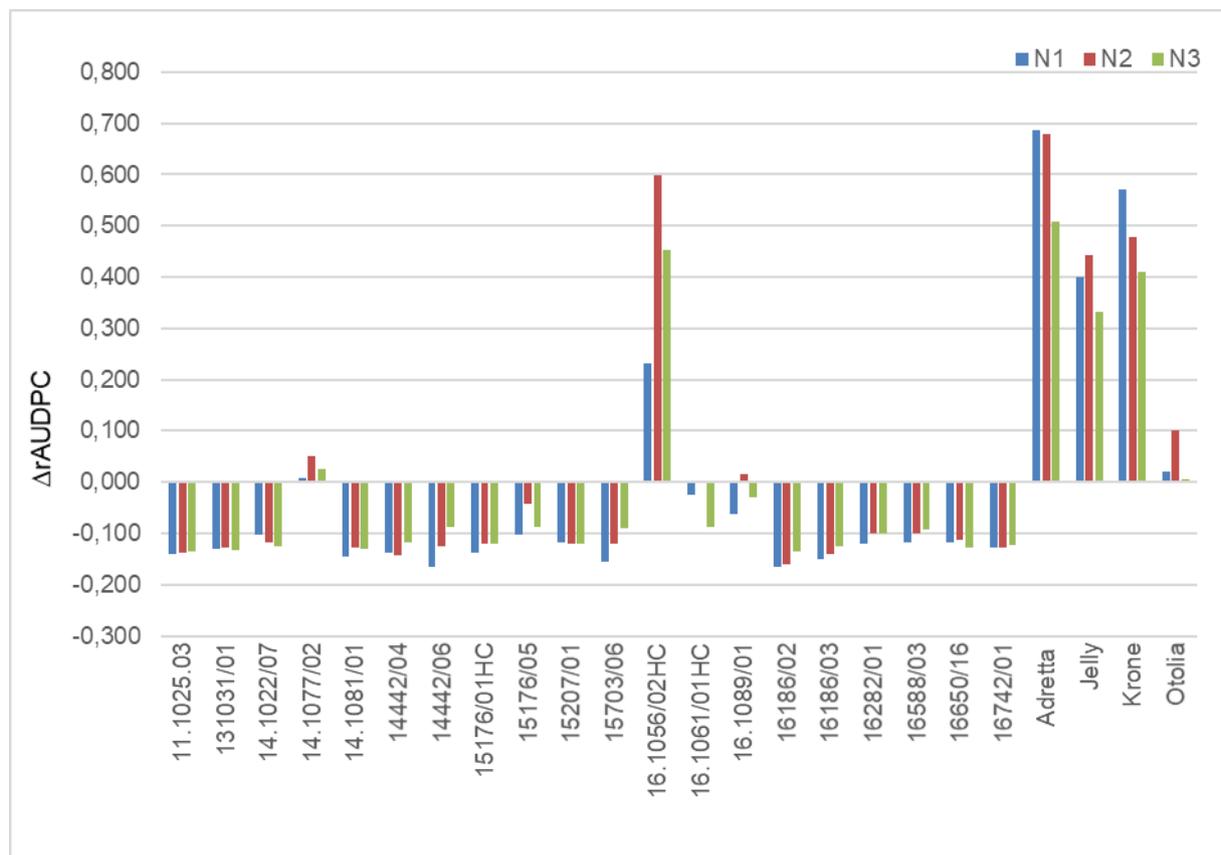


Abbildung 29: Mittlere Δ AUDPC-Werte der 24 Prüf­glieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Dünge­stufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha)

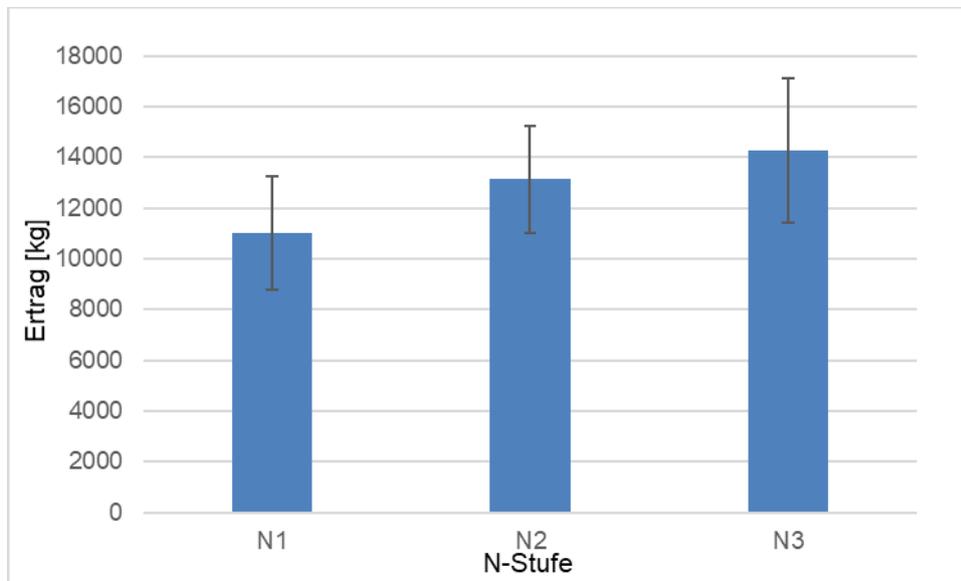


Abbildung 30: Gemittelte Parzellenerträge aller Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha)

Im darauffolgenden Projektjahr 2021 wurde der Versuch auf insgesamt 24 Prüfglieder aus dem Jahr 2020 (20 Pre-Breeding-Klone und die Sorten 'Adretta', 'Jelly', 'Krone' und 'Otolia') sowie 14 weitere Sorten ('Agria', 'Allians', 'Alouette', 'Bettina', 'Caprice', 'Etana', 'Juventa', 'Mariola', 'Muse', 'Olivia', 'Papageno', 'Simonetta', 'Talent', 'Vitabella') mit zehn Pflanzstellen pro Parzelle erweitert. Für die Düngung wurde wie 2020 der organische Dünger 'Diaglutin® N pellet' der Firma BIOFA mit drei Düngestufen (50 kg N/ha, 100 kg N/ha und 200 kg N/ha) verwendet.

Anfang Juli wurden die Parzellen am JKI-Standort Groß Lüsewitz wie im Vorjahr mit einem vor Ort gesammelten, hoch virulenten *P. infestans* Gemisch inokuliert und der Befall zwei Mal wöchentlich bis zur Abreife als prozentual befallene Krautfläche erfasst. Anschließend erfolgte wiederum die Berechnung von rAUDPC-Werten und reifekorrigierten Δ rAUDPC-Werten. Am Standort Freising wurde keine Inokulation durchgeführt, sondern unter natürlichen Befallsbedingungen getestet.

Im Labor wurden am selben Material wiederum sowohl Blatt- als auch Scheibenteste als weitere Methoden zur Untersuchung der Anfälligkeit gegen *P.i.* durchgeführt.

Der Einfluss der Düngestufen auf das *P.i.*-Befallsniveau der Prüfglieder wurde varianzanalytisch untersucht. Der Einfluss erwies sich 2021 ebenso wie 2020 in den Feldtestungen (Abbildung 7) und im Blatttest als nicht signifikant. Für den Scheibentest zeigte sich 2020 kein Unterschied zwischen den Düngestufen, allerdings war 2021 ein signifikant erhöhter Befall bei der Stufe N3 (200 kgN/ha) sowohl für die Sorten als auch für die Zuchtklone nachweisbar (Abbildung 8). Erheblich größere Unterschiede im reifekorrigierten Befall waren

zwischen den Zuchtklonen einerseits und Sorten andererseits zu beobachten. Die meisten Sorten, mit Ausnahme von 'Alouette', 'Caprice', 'Muse', 'Otolia', 'Papageno' und 'Vitabella', so wie ein Zuchtklon (16.1056/02HC) erwiesen sich als deutlich anfälliger als der Großteil der Zuchtklone (Abbildung 31).

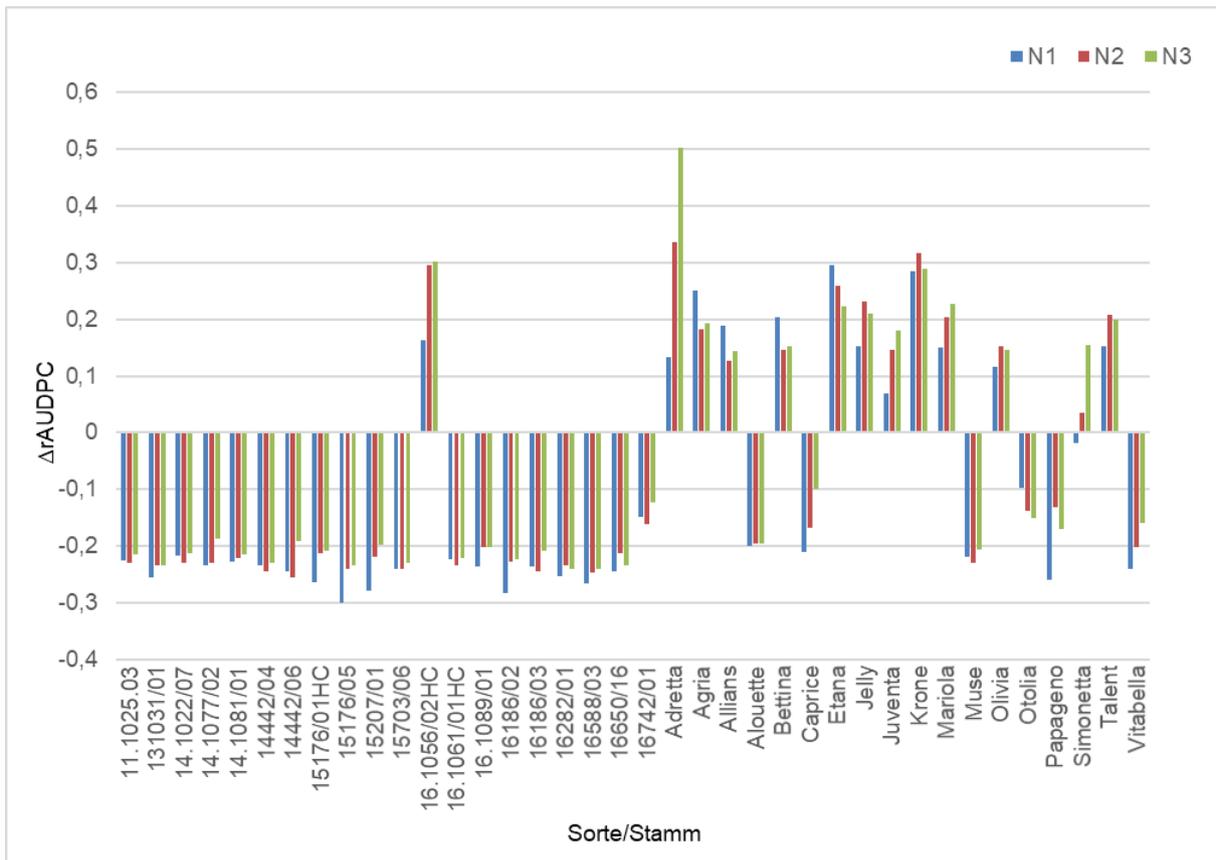


Abbildung 31: Mittlere $\Delta rAUDPC$ -Werte der 38 Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha) in 2021

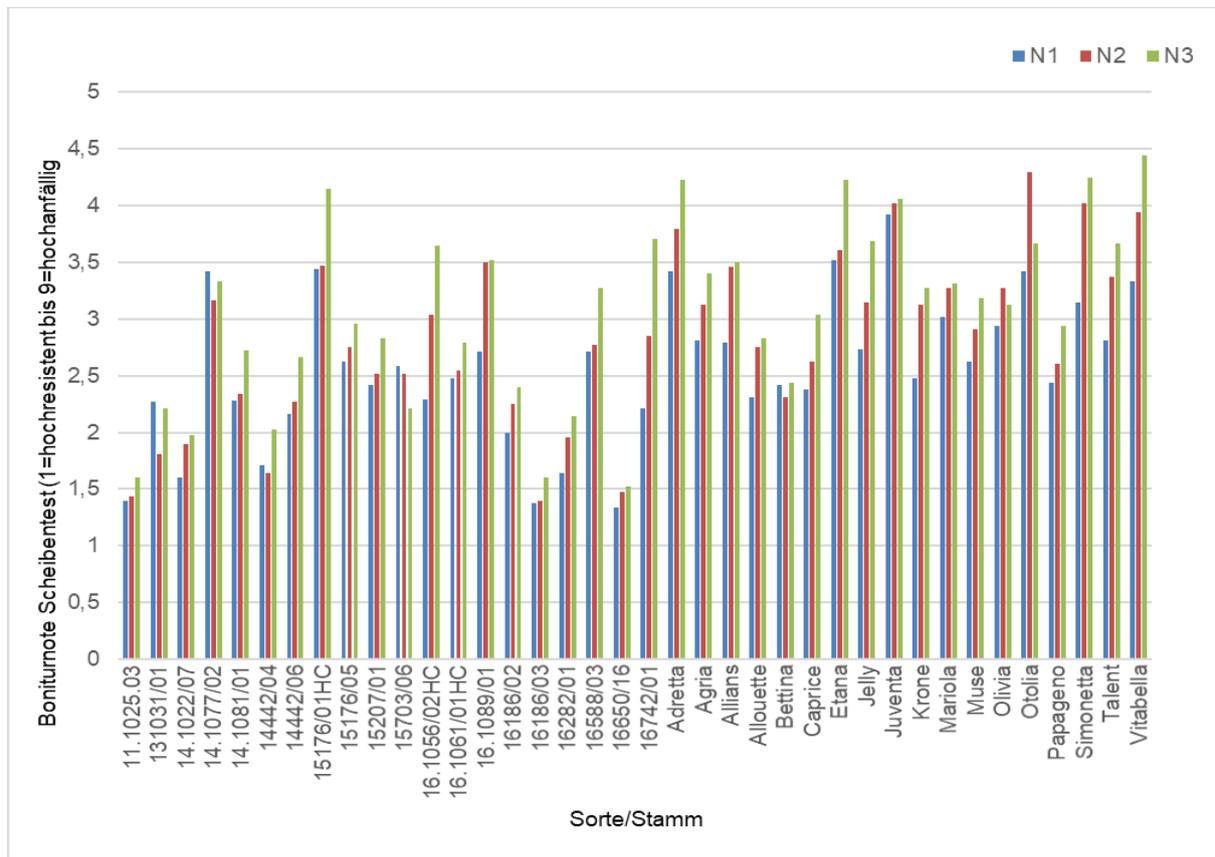


Abbildung 32: Mittlere Boniturnoten des Scheibentests der 38 Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha) in 2021

Des Weiteren wurden auch 2021 Parzellenertrag, Stärkegehalt, Speisewert und Keimung des Materials bestimmt, um den Einfluss der Düngestufen auf die agronomischen Eigenschaften zu untersuchen. Dabei zeigte sich, dass eine hohe Düngestufe in beiden Jahren zu signifikant höheren Erträgen führte (Abbildung 32). Diese Ergebnisse zeigen auch, dass die resistenten Klone das Angebot an Stickstoff genauso gut in Ertrag umsetzen konnten wie die anfälligen Sorten. Der Stärkegehalt war 2020 bei höherer N-Düngung signifikant niedriger, 2021 war nur eine statistisch nicht abzusichernde Tendenz festzustellen. Der Speisewert war 2020 in der hohen N-Düngestufe signifikant geringer als in der niedrigen Stufe, für 2021 konnte dieser Effekt allerdings nicht nachgewiesen werden. Die geernteten Kartoffeln wiesen 2020 mit zunehmender Düngung eine abnehmende Keimruhe auf, 2021 wurde dieser Effekt nicht beobachtet.

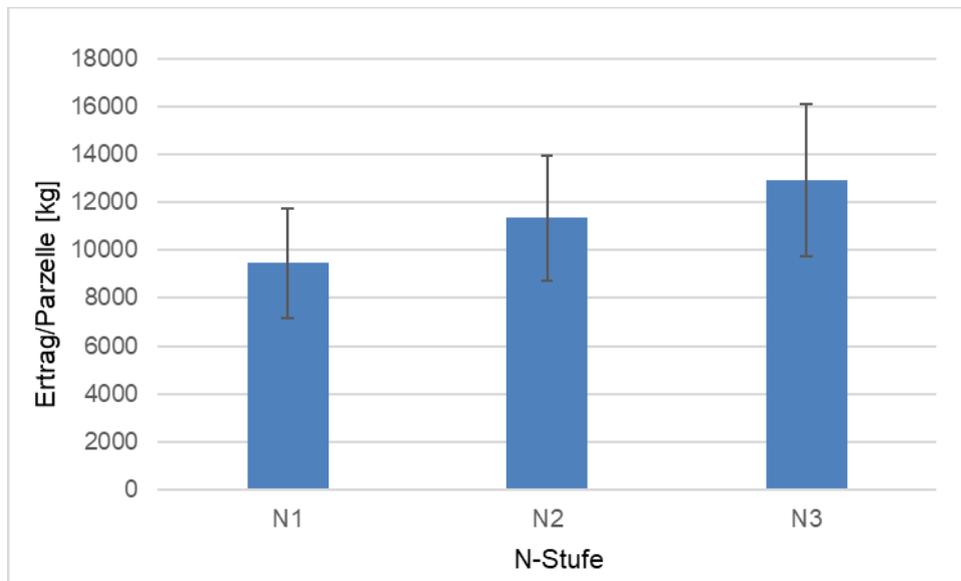


Abbildung 33: Gemittelte Parzellenerträge aller Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1=50 kg N/ha, N2=100 kg N/ha und N3=200 kg N/ha) für das Jahr 2021

Die mehrjährige statistische Auswertung erfolgte durch eine Varianzanalyse (ANOVA) mit dem Programm R Version 3.6.3. Der feste Effekt war der Genotyp und der N-Gehalt und zufällige Effekte waren das Jahr und die Wiederholungen. Die Unterschiede zwischen den Düngemittelmengen wurden dann mit dem Tukey-Test nach Überprüfung der Normalverteilung der Restmengen (Shapiro-Wilk-Test) ermittelt. Die Mittelwerte wurden bei $p < 0,05$ als statistisch signifikant angesehen.

Die Reaktion auf die verschiedenen Stufen des N-Düngers wurde durch die deutlich unterschiedlichen Erträge der drei Stufen bestätigt (N1 1,003 kg pro Pflanze, N2 1,210 kg pro Pflanze-1, N3 1,320 kg pro Pflanze, *Abbildung 33*). Die ANOVA ergab für alle Merkmale, dass die N-Rate, das Jahr, der Genotyp und deren Wechselwirkungen (Dünger x Genotyp, Dünger x Jahr und Genotyp x Jahr) den Befall beeinflussten (*Tabelle 13*). Daher wurden Jahre und Genotypen getrennt analysiert. Die Ergebnisse der verschiedenen Tests sind nachstehend zusammengefasst. Die Abbildungen zeigen beispielhaft vier der Sorten und zwei Klone.

Tabelle 13: P-Werte der ANOVA für alle Merkmale

Merkm ^{al}	Genotyp (G)	N-Stufe (N)	Jahr (J)	G x N	G x J	N x J
rADUPC	2.2e-16	0.001727	2.2e-16	4.045e-10	2.2e-16	0.062053
Δ rAUDPC	2.2e-16	9.672e-07	2.2e-16	1.240e-09	2.2e-16	0.002041
Blatttest	2.2e-16	0.0095458	2.2e-16	0.0033142	2.2e-16	0.1500146
Scheibentest	2.2e-16	1.231e-12	2.2e-16	0.1284666	2.726e-11	0.0002023

Insgesamt reagierten in beiden Jahren die Sorten deutlich anfälliger für *P. infestans* als die Prebreeding-Stämme, wobei 'Otolia' im Sortenvergleich den geringsten Befall aufwies (Abbildung 34). Die Sorte 'Adretta' zeigte die höchste Anfälligkeit in den Versuchen und war die Einzige, die einen signifikanten Anstieg der Infektionsraten aufwies, sobald die N-Düngungsrate erhöht wurde. Allerdings war die Infektionsrate zwischen den N-Stufen bei 'Adretta' nur im Jahr 2020 signifikant, als das Befallsniveau im gesamten Versuch aufgrund saisonaler Unterschiede höher war. Das gegenteilige Verhalten wurde bei der Sorte 'Krone' beobachtet, die bei höherer N-Düngestufe eine Tendenz zu geringeren (obwohl bei $p < 0,05$ nicht signifikanten) Infektionen aufwies.

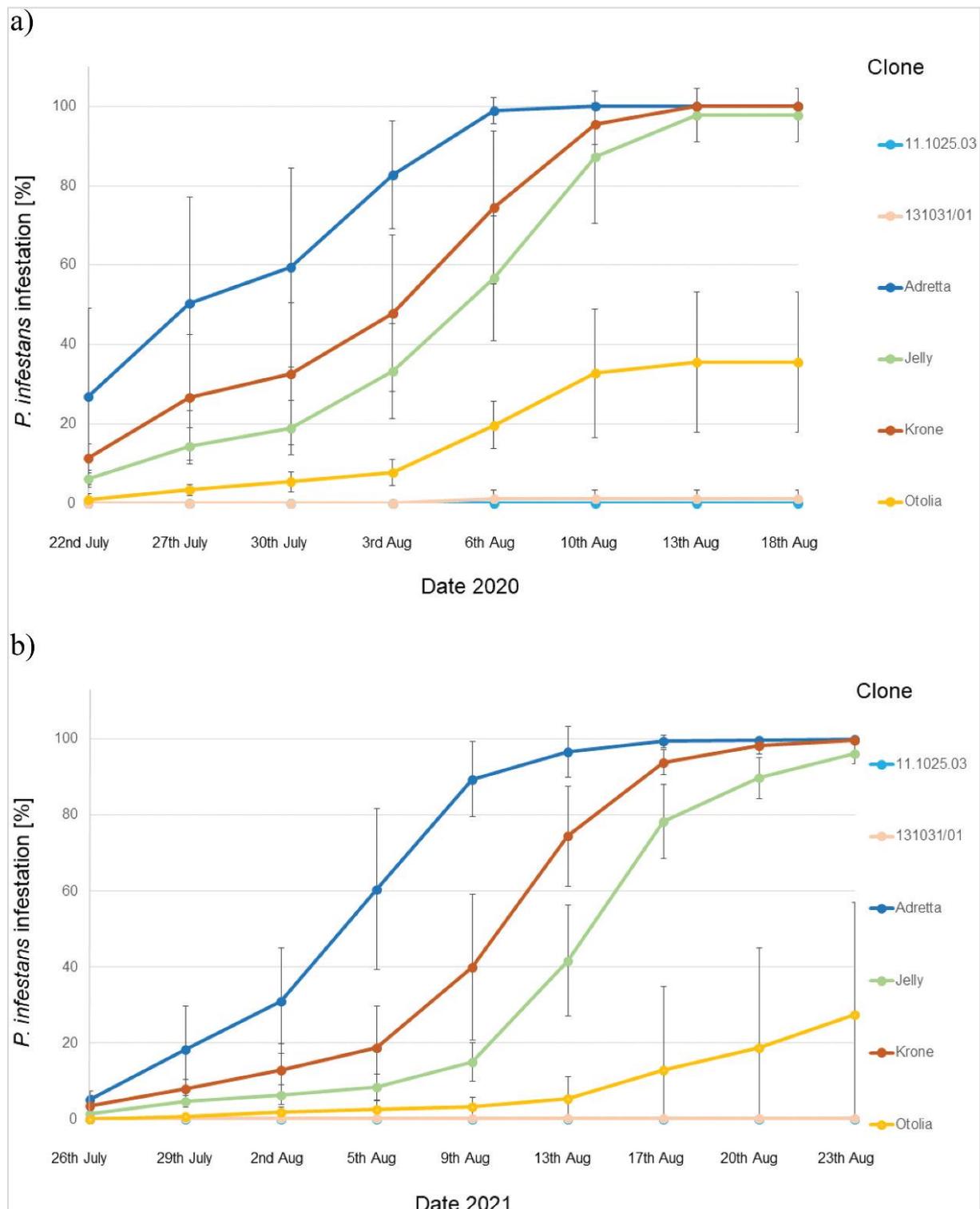


Abbildung 34: Durchschnittliche Entwicklung des *P. infestans*-Befalls aller Stickstoffapplikationsraten von vier Kartoffelsorten und zwei Prebreeding-Zuchtstämmen im Jahr 2020 (a) und 2021 (b)

Im Jahr 2020 wurden bei 18 der 20 Prebreeding-Klone keine signifikanten Auswirkungen des Stickstoff Düngerniveaus auf den Befall (Δ rAUDPC-Werte) festgestellt und nur bei zwei der Klone war der Befall bei den höheren Stickstoffapplikationsraten signifikant erhöht. Von den Sorten zeigte sich bei 'Krone' eine deutlich geringere Inzidenz mit den höheren N-Ausbringungsmengen (Δ rAUDPC). Die rAUDPC-Werte waren bei höheren N-Aufwandmengen

für 'Adretta' deutlich höher und bei 'Krone' tendenziell niedriger (Abbildung 35a). Die rAUDPC-Werte aller Prebreeding-Klone blieben von der Stickstoffrate unbeeinflusst (Abbildung 35b). Im Jahr 2021 hatten ein Klon und 'Adretta' deutlich höhere Δ rAUDPC-Werte bei höheren N-Aufwandmengen.

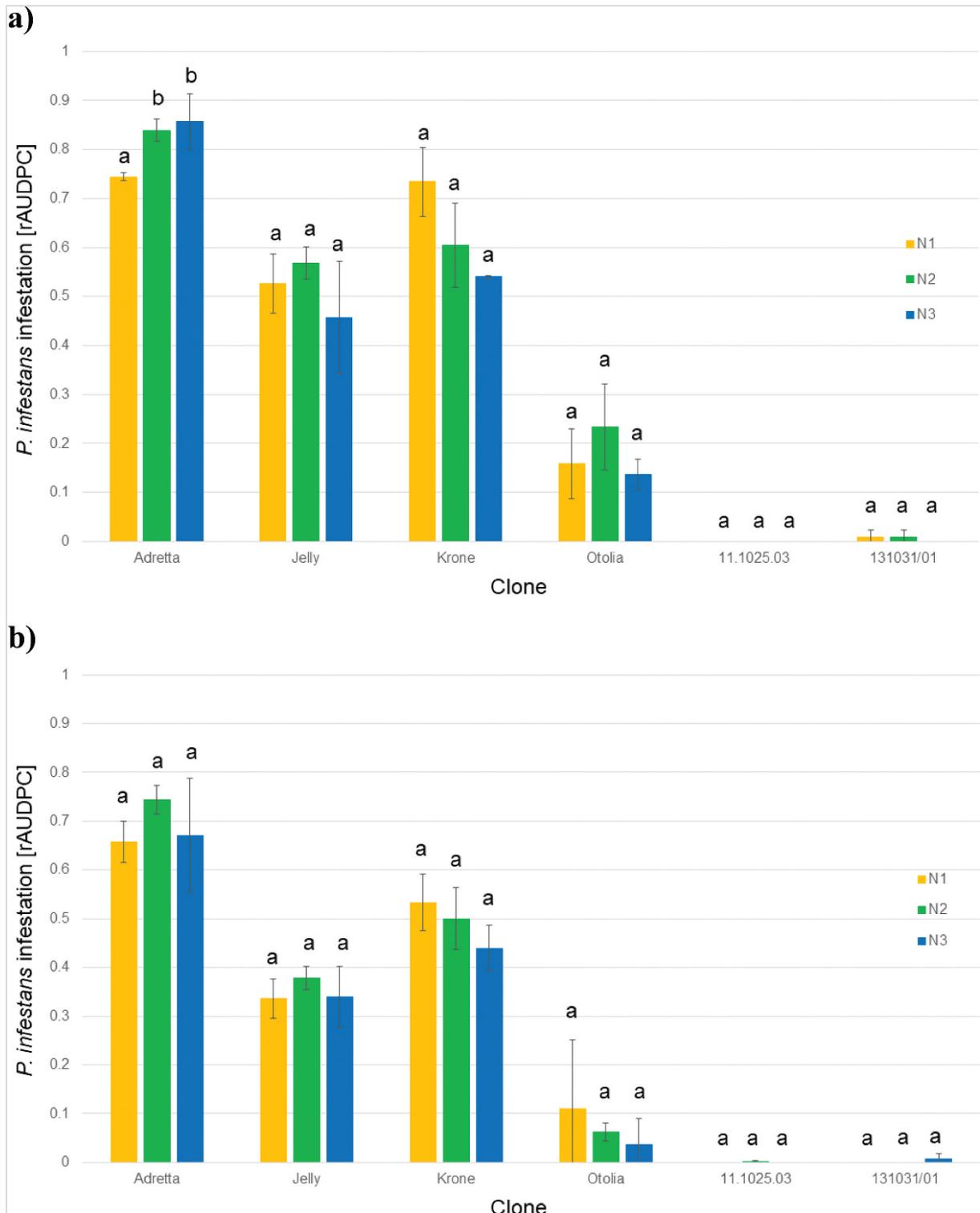


Abbildung 35: Krautfäule Befall (rAUDPC) von vier Kartoffelsorten und zwei Prebreeding-Stämmen im Jahr 2020 (a) und 2021 (b)

Im Blatttest des Jahres 2020 war 'Adretta' bei der höchsten N-Konzentration deutlich stärker befallen. Das Gegenteil war bei einem der Zuchtstämme und der Sorte 'Krone' der zu beobachten. Im Jahr 2021 zeigte 'Otolia' einen deutlich geringeren Befall bei höheren N-Raten. Die übrigen Prebreeding-Zuchtstämme und Sorten zeigten keine signifikanten Unterschiede zwischen den N-Stufen.

Im Knollenscheibentest 2020 konnten keine signifikanten Unterschiede aufgrund des N-Düngeniveaus auf den Befall der Knollenscheiben festgestellt werden (*Abbildung 36a*). Im Jahr 2021 wurde der Befall der Sorte 'Krone' sowie von zwei Stämmen signifikant durch die N-Stufe beeinflusst (*Abbildung 36b*), wobei der Befall bei höheren Stickstoffmengen anstieg.

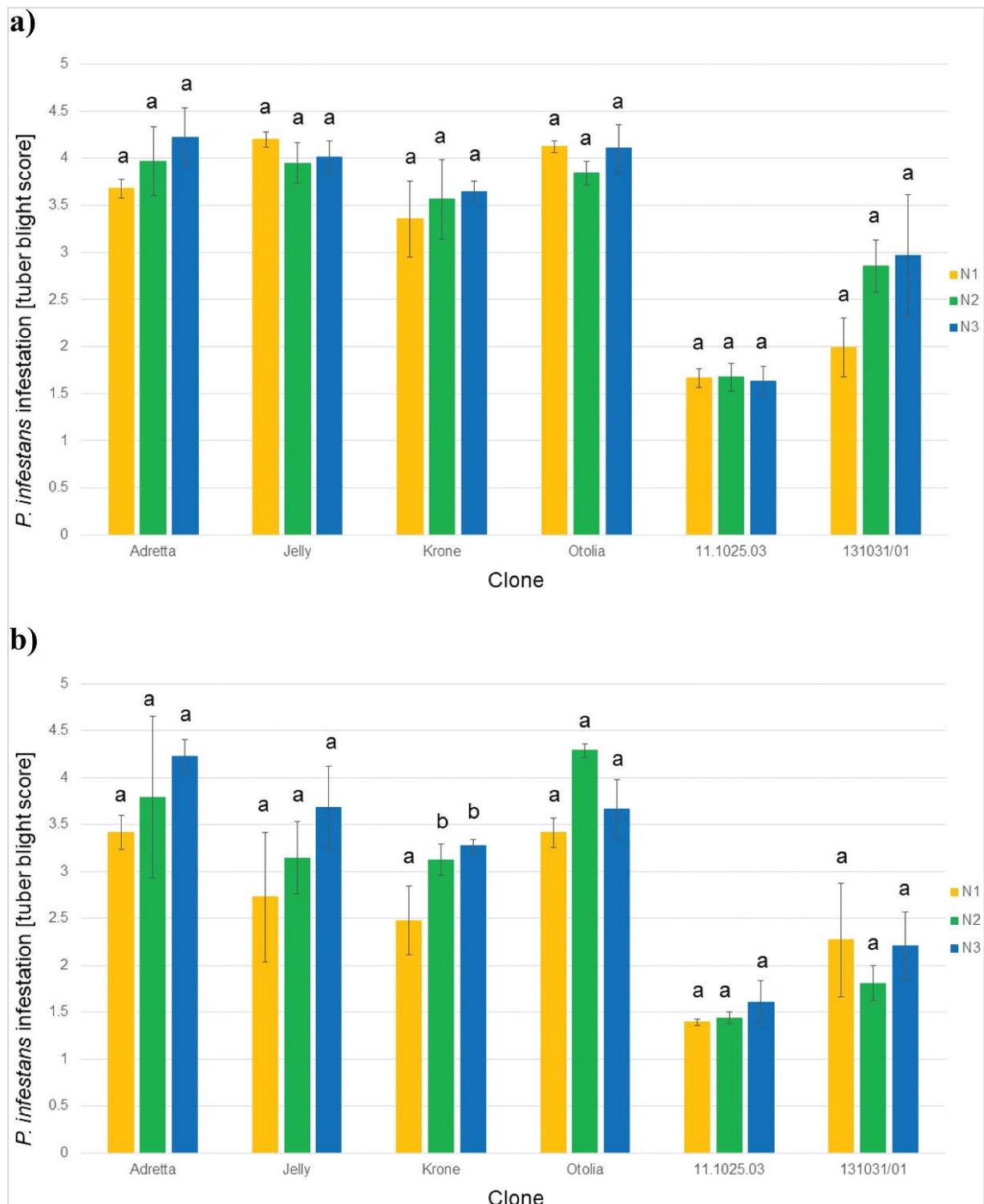


Abbildung 36: Knollenfäulebefall im Scheibentest von vier Kartoffelsorten und zwei Prebreeding-Stämmen im Jahr 2020 (a) und 2021 (b).

In den vorliegenden 2-jährigen Ergebnissen wirkten sich komplexe Wechselwirkungen zwischen Genotyp und N-Düngungsstufe auf die Befallsstärke der Kraut- und Knollenfäule aus. Innerhalb der Sorten zeigte lediglich die anfällige Kontrollsorte 'Adretta', in einem der Versuchsjahre, eine deutlich höhere Anfälligkeit bei höherer N-Düngung. Die resistenten Prebreeding-Stämme wurden kaum oder gar nicht, unabhängig von der Stickstoffversorgung

durch die Kraut- und Knollenfäule befallen. Im Jahr 2020 bzw. 2021 waren 11 bzw. 19 der 20 getesteten Klone zur Reifezeit nur auf maximal 10 % der Blattoberfläche mit Kraut- und Knollenfäule infiziert. Im Gegensatz dazu zeigten die Sorten in jeder Stickstoffstufe einen Befall. Die Zu- bzw. Abnahme des Befalls mit Änderung des N-Düngeniveaus hing sowohl von der jeweiligen Sorte als auch in erheblichem Maße vom Versuchsjahr ab.

Der N-Steigerungsversuch aus 2020 und 2021, sowie eine erste genomweite Assoziationsstudie wurden mittlerweile ausgewertet und die Ergebnisse sind zur Publikation eingereicht (Blossei *et al.* 2022).

4.1.2 Stickstoffsteigerungsversuch 2022

Der N-Steigerungsversuch konnte im Jahr 2022 aufgrund mangelnder Pflanzgutqualität, verursacht durch extreme Trockenheit während der Vegetation 2021, nicht angebaut werden.

Eine Wiederholung des N-Versuchs ist für 2023 mit 30 Zuchtstämmen und 6 Sorten am Standort Groß Lüsewitz vorgesehen. Die Zuchtklone für den Versuch stammen aus Kreuzungen der LfL und des JKI aus dem Versuchsjahr 2018, welche innerhalb des Projektes vermehrt wurden und eine erste Leistungsprüfung bezüglich des Ertrages (*Abbildung 37*) und *P.i.*-Resistenz (*Abbildung 38*) durchlaufen haben.

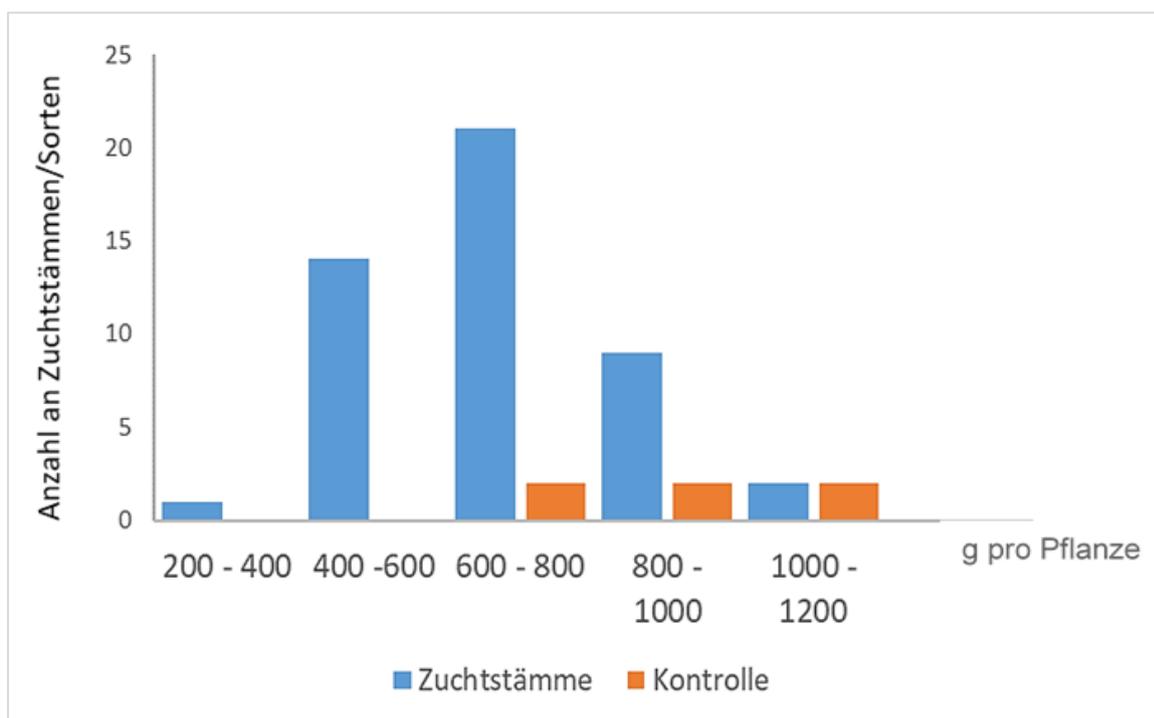


Abbildung 37: Erträge von Zuchtstämmen und Kontrollen der Leistungsprüfung im Jahr 2022

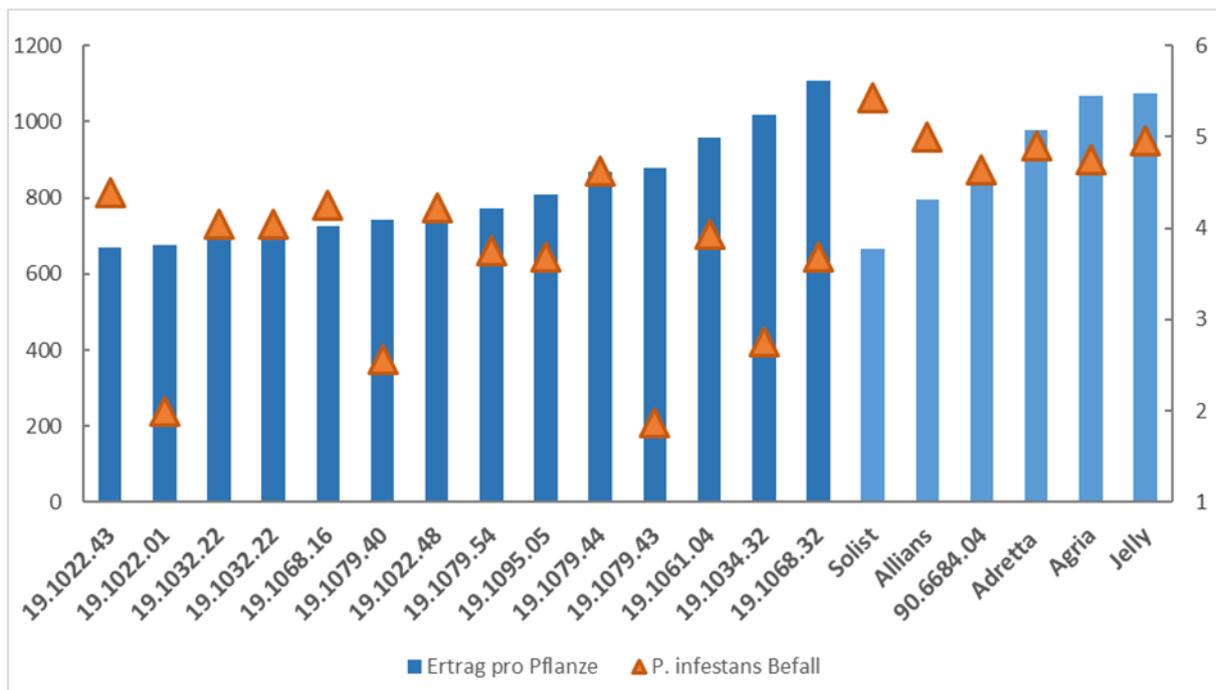


Abbildung 38 Ergebnisse der Leistungsprüfung 2022 mit Erträgen (in g/Pflanze) und Befall mit P.i. auf der Knollenscheiben (Mittelwerte der Verbräunung)

4.1.3 Stickstoffsteigerungsversuch 2023

Auf Grund der limitierten Pflanzgutmenge wurde der Versuch im Projektjahr 2023 in Groß Lüsewitz mit acht Pflanzstellen pro Parzelle und mit zwei Wiederholungen durchgeführt (Abbildung 39). Für die Düngung wurde wiederum der organische Dünger 'Diaglutin® N pellet' der Firma BIOFA verwendet, der auch im Ökolandbau eingesetzt wird.



Abbildung 39: N-Versuch in Groß Lüsewitz Anfang August 2023

Ab Mitte Juni wurden am JKI-Standort Groß Lüsewitz die Parzellen mit einem vor Ort gesammelten, hoch virulenten *P.i.*- Gemisch inokuliert und der Befall zweimal wöchentlich bis zur Abreife als prozentual befallene Krautfläche erfasst (*Abbildung 40*). Anschließend erfolgte die Berechnung der rAUDPC-Werte und der reifekorrigierten Δ rAUDPC-Werte (Truberg *et al.* 2009).

Im Labor wurden von den Prüfgliedern sowohl ein Blatt- als auch ein Scheibentest zur Untersuchung der Anfälligkeit gegen *P.i.* durchgeführt.

Der Einfluss der Düngestufen auf das *P.i.*-Befallsniveau der Prüfglieder wurde varianzanalytisch untersucht. Im Falle einer Normalverteilung der Daten wurde eine ANOVA, bzw. nested-ANOVA bei zweifaktorieller Abhängigkeit (Jahr und N-Stufe) durchgeführt, mit anschließendem Post-Hoc-Test. Sofern keine Normalverteilung der Daten vorlag, wurde der Friedman Test angewendet mit anschließendem Post-Hoc-Test. Um zu testen welche Mittelwerte sich signifikant unterscheiden wurde ein paarweiser Gruppenvergleich durch den Tukey Post-Hoc-Test mit $\alpha = 0,05$ durchgeführt, falls die Varianz homogenen war. Bei nicht homogener Varianz wurde ein Dunnett-Post-Hoc-Test mit $\alpha = 0,05$ durchgeführt. Diese statistischen Auswertungen und grafischen Darstellungen wurden mit Excel 2016 erstellt.



Abbildung 40: Krautfäulebefall im Feldversuch Mitte August 2023

Im Jahr 2023 wurden 36 Prüfglieder, davon 29 Prebreeding-Stämme, welche aus Kreuzungen des Jahres 2017 (Stämme mit Nummer 19.) hervorgegangen sind, sowie die Sorten 'Adretta', 'Agria', 'Allouette', 'Emanuelle', 'Jelly', 'Krone' und 'Otolia' angebaut.

Die durchschnittlichen Knollenerträge aller Stämme und Sorten einer N-Stufe unterschieden sich signifikant voneinander (Friedman-Test: $\text{Chi}^2 = 66,5$ mit p-Wert $< 0,001$; Post-Hoc Tukey-

Test). Der durchschnittliche Knollenertrag pro Pflanze betrug 0,5 kg bei 50 kgN/ha, 1,0 kg bei 100 kgN/ha und 1,3 kg bei 200 kgN/ha.

Die Erntemenge der Fraktionen (kleinfallend < 35 mm, mittlere Fraktion < 55 mm und große Fraktion > 55 mm) waren signifikant unterschiedlich (Friedman-Test: $\chi^2 = 58,4$, $p > 0,001$, Dunnett-Post-Hoc, $\alpha = 0,05$). Im Jahr 2023 wurden nur wenige kleinfallende Kartoffeln geerntet, im Durchschnitt des gesamten N-Versuchs waren es 14,6 g pro Pflanze, was gerade einmal 1,5 % des durchschnittlichen Gesamtertrags pro Pflanze entspricht (Abbildung 41).

Der Stärkegehalt sank tendenziell, aber nicht signifikant mit steigender N-Stufe ($k = -0,21$). Zwei neuere Stämme zeigten einen durchschnittlichen Stärkegehalt von 20 % im Vergleich zu 'Adretta' mit 16,8 %. Hingegen hatten 7 Stämme einen durchschnittlichen Stärkegehalt unter 13 %, wie auch die Sorten 'Krone' und 'Emanuelle'.

Weder im Blatttest noch im Scheibentest zeigten sich Zusammenhänge zwischen der *P.i.*-Infektion der Prüfglieder und der Stickstoffgabe ($k = -0,17$ und $k = 0,2$). Die Ergebnisse beider Tests korrelierten mit $k = 0,6$. Betrachtet man nur die *P.i.* anfälligen Stämme und Sorten mit gemittelten Boniturnoten über 4,5 (Abbildung 42), konnte ein signifikant höherer Knollenfäulebefall in der hohen Stickstoffstufe (Friedman Test $Q = 12,2$; $p < 0,01$; Post Hoc Tukey-Test) ermittelt werden. Als Referenz kann hier 'Otolia' genannt werden, die mit einem Durchschnittswert von 4,2 noch als *P.i.* tolerant eingestuft werden kann.

Die toleranteren Stämme und Sorten zeigten in allen N-Stufen ein gleiches Ertragsniveau wie nicht *P.i.* anfällige Stämme und Sorten (Abbildung 43), wobei der Δ raUDPC nicht mit dem Ertrag korrelierte ($k = 0,19$).

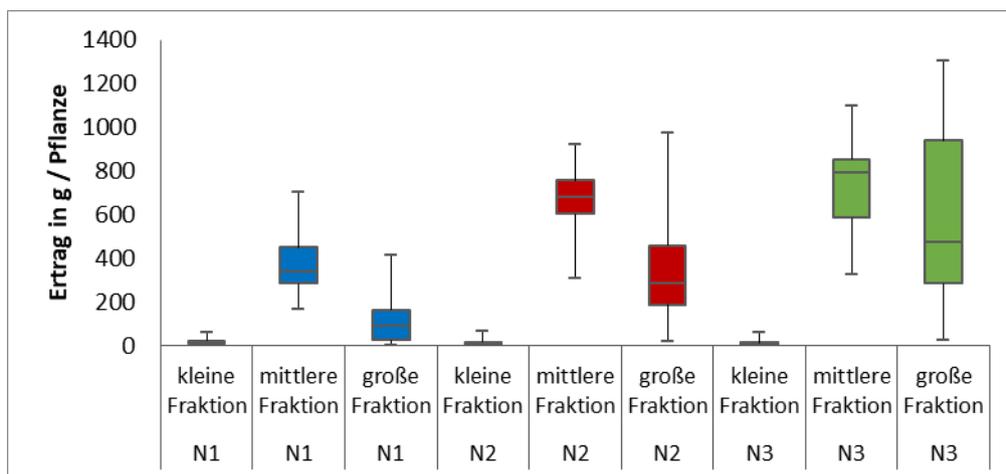


Abbildung 41: Fraktionierung der Knollenerträge ($n = 36$) in den verschiedenen Düngestufen (N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha) für das Jahr 2023

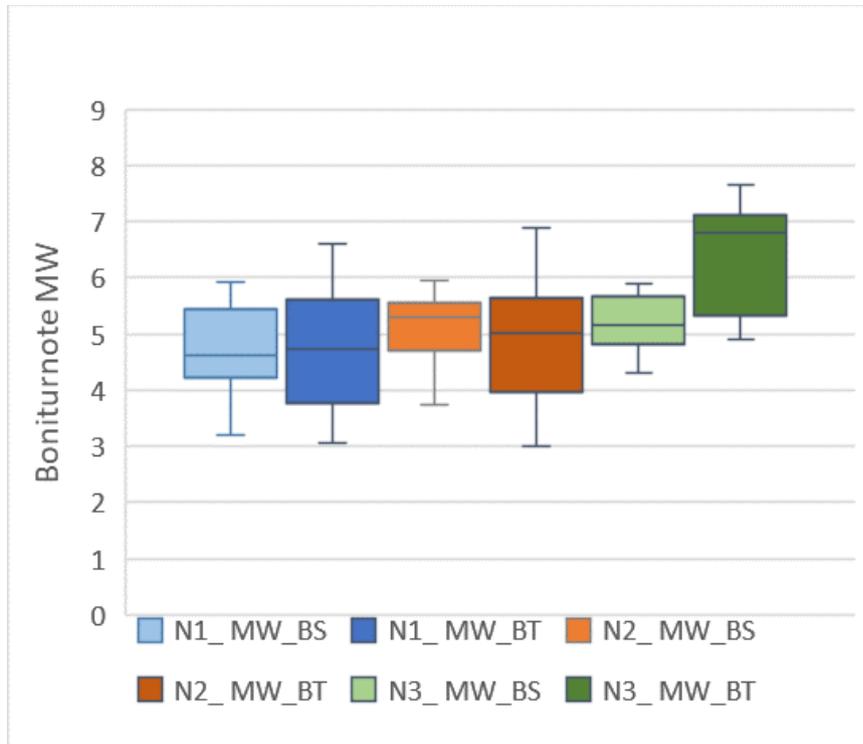


Abbildung 42: Mittelwerte (MW) der Boniturnoten des Scheibentests (BS) und des Blatttests (BT) in den verschiedenen Düngestufen (N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha) für das Jahr 2023

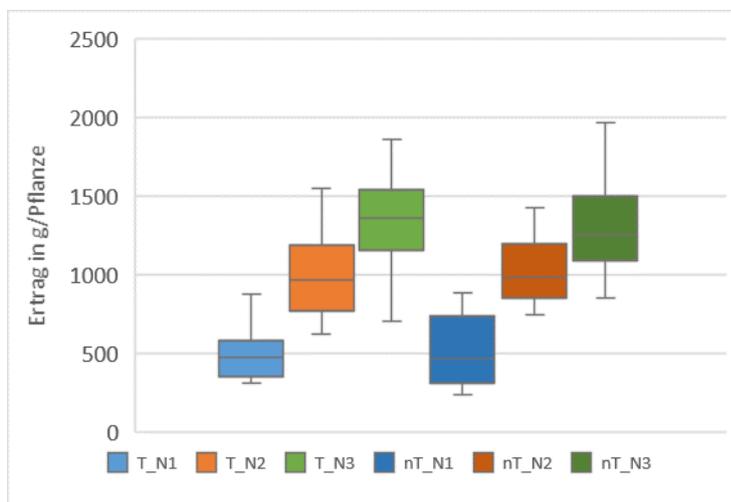


Abbildung 43: Erträge der toleranten (T) und nicht toleranten (nT) Stämme und Sorten in den verschiedenen Düngestufen (N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha) in 2023

Die Auswertung der Befallsbonitur im Feld bestätigte eine weitgehende Toleranz der älteren Zuchtstämme, sowie der Sorten 'Otolia' und 'Allouette'. Unter den neueren 2019er Prebreeding-Stämmen zeigten ca. die Hälfte eine gute *P.i.* Toleranz (Abbildung 44). Der Einfluss der N-Gabe auf den Δ rAUDPC war signifikant (Friedman-Test mit kritischer Wert $k =$

5,99, $df = 2$, $n = 36$, $\chi^2 = 40,7$ bei $p = 0,05$), wobei die gemittelten $\Delta rAUDPC$ Werte in der ersten N-Stufe signifikant geringer waren als in N2 und N3 (Post Hoc Tukey-Test).

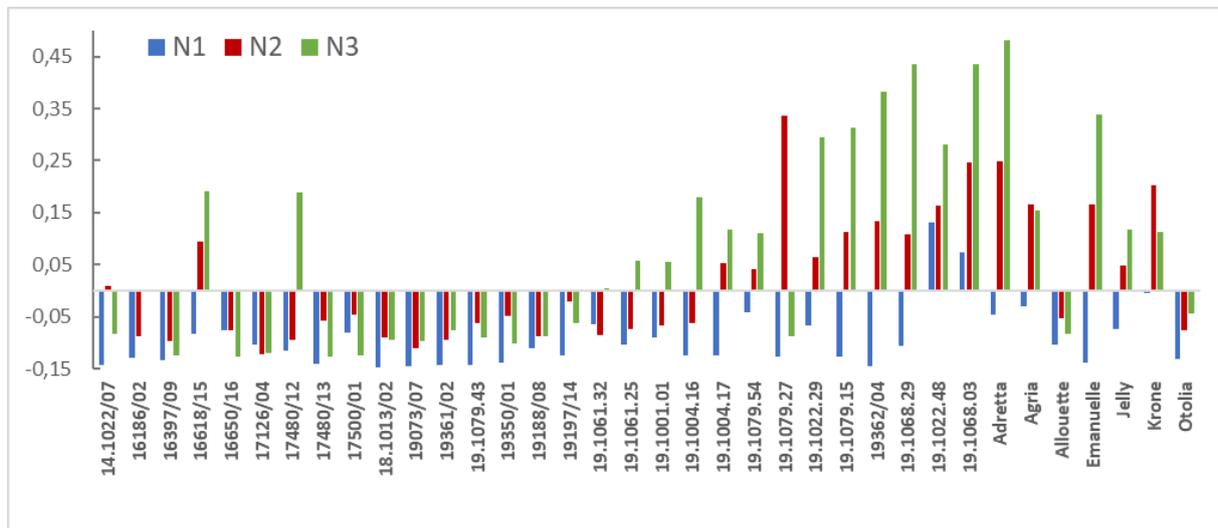


Abbildung 44: Mittlere $\Delta rAUDPC$ -Werte der 36 Prüfglieder des Stickstoffversuchs, aufgeteilt in die drei Düngestufen (N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha) in 2023.

Die Auswertung der Speisewerte des Stickstoffversuchs 2023 ergaben, dass sich das Kochverhalten der ersten N-Stufe signifikant von den Stufen zwei und drei unterschieden (ANOVA, $p < 0,001$, Tukey-Test). Abgesehen hiervon gab es keinen nennenswerten Einfluss der Stickstoffdüngung auf die Speisewerte und die Knolleneigenschaften.

4.2 Prüfung ausgewählter Sorten und Zuchtklone auf den Befall mit *P.i.* unter verschiedenen Düngestufen (Stickstoff) über drei Versuchsjahre am Standort Groß Lüsewitz

Der Stickstoffversuch wurde in den Versuchsjahren 2020, 2021 und 2023 durchgeführt, wobei 7 der Prüfglieder über die drei Jahre beibehalten wurden (drei Stämme und vier Sorten). Im Jahr 2020 wurden 24 und 2021 wurden 37 Prüfglieder mit 10 Pflanzen pro Parzelle in 3 Wiederholungen angebaut. Aufgrund des mangelnden Pflanzguts wurden 2023 nur 2 Wiederholungen mit je 8 Pflanzstellen angebaut um 36 Prüfglieder zu testen.

Innerhalb der Blöcke wurden die Prüfglieder randomisiert (Abbildung 45). Der Versuch wurde bei Bedarf einmal pro Woche bewässert. Am Standort Groß Lüsewitz kommt es oft zu einer ausgeprägten Frühjahrstrockenheit. Der durchschnittliche Gesamtniederschlag während der Vegetationsperiode (März-Okt.) betrug 445 mm (Abbildung 46).

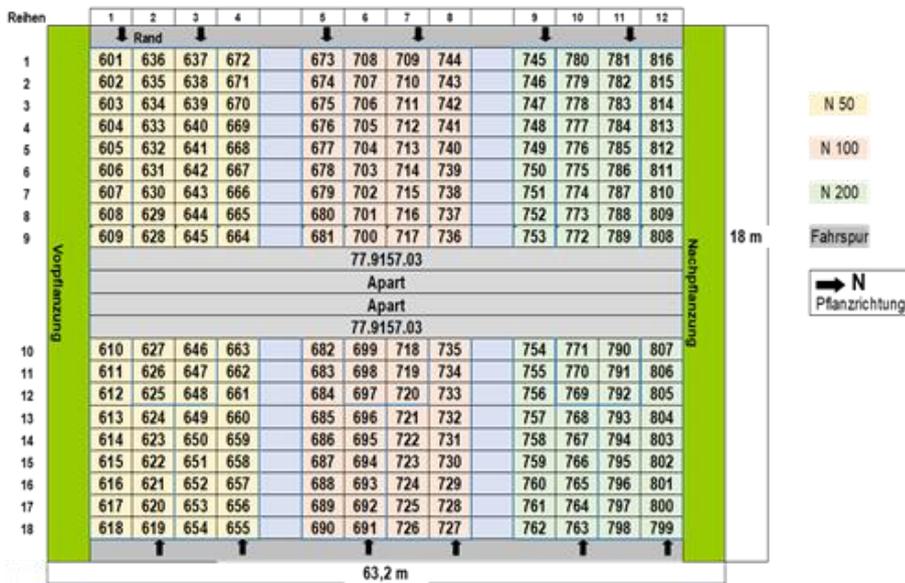


Abbildung 45: Versuchsplan mit 3 Düngestufen

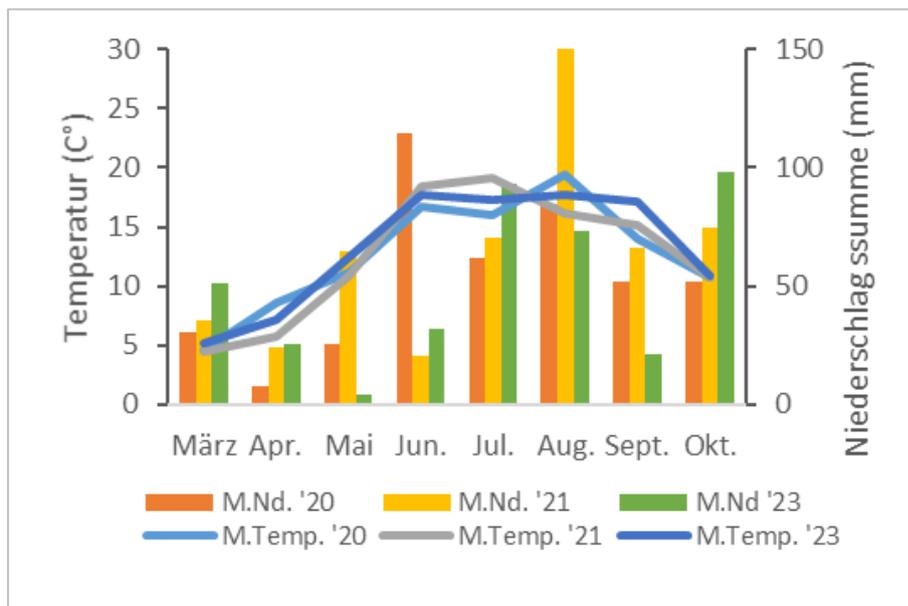


Abbildung 46: Wetterdaten der Versuchsjahre 2020, 2021, und 2023 mit monatlicher Durchschnittstemperatur (M. Temp.) und monatlicher Niederschlagssumme (M. Nd.) am Standort Groß Lüsewitz

Die mittleren Ertragsergebnisse der drei Versuchsjahre zeigen den erwarteten signifikanten positiven Stickstoffeffekt (ANOVA, $p < 0,001$). Der mittlere Ertrag war neben der Stickstoffdüngung auch abhängig vom Jahr (nested-ANOVA, $p < 0,001$). Dagegen unterschieden sich die gemittelten Erträge der Stämme nicht von denen der vier Kontrollsorten. Große Varianz zeigten die Erträge in der ersten N-Stufe (Abbildung 47a). Hier waren erhebliche Jahresunterschiede, besonders durch die Witterungsbedingungen und einen ungenügenden Reihenschluss zu verzeichnen.

Die Auswertung der Anfälligkeit für *P.i.*-Infektionen zeigte keinen signifikanten Unterschied zwischen den Stickstoffdüngestufen, weder beim Blatt- und Scheibentest noch bei den $\Delta rAUDPC$ Werten aus dem Feldtest. Wie zu erwarten war, ähnelten sich die zwei *P.i.*-Untersuchungen der oberirdischen Pflanzenteile: Die Ergebnisse des Blatttests korrelieren mit der $\Delta rAUDPC$ Erhebungen ($k = 0,65$). Allerdings war der Zusammenhang zwischen Knolleninfektion und Krautfäulebefall im Feld nur schwach ($k = 0,44$), während die beiden Laboruntersuchungen von Blatt und Knolle wiederum korrelierten ($k = 0,62$). Die *P.i.* Infektionen des Freilandversuches können sich von den Laborwerten, welche unter kontrollierten Bedingungen erhoben wurden, unterscheiden, da *P.i.* Infektion maßgeblich von mehreren abiotischen Faktoren wie Windstärke und -richtung als Verbreitungsvektoren beeinflusst werden.

Der Vergleich der 7 Prüfglieder zeigte, dass die Düngemenge an Stickstoff keinen Einfluss auf den Befall mit *P.i.* hatte. Dieses Ergebnis kann aber nicht verallgemeinert werden und zum Beispiel auf anfälligere Stämme übertragen werden, wie die Ergebnisse der diversen Stämme, die innerhalb der drei Jahre getestet wurden, zeigen. Die Berechnungen der $\Delta rAUDPC$ Werte bestätigten die Befallsunterschiede der drei anfälligen Stämme im Vergleich zur toleranten Sorte 'Otolia' und den drei Zuchtstämmen (*Abbildung 47b*).

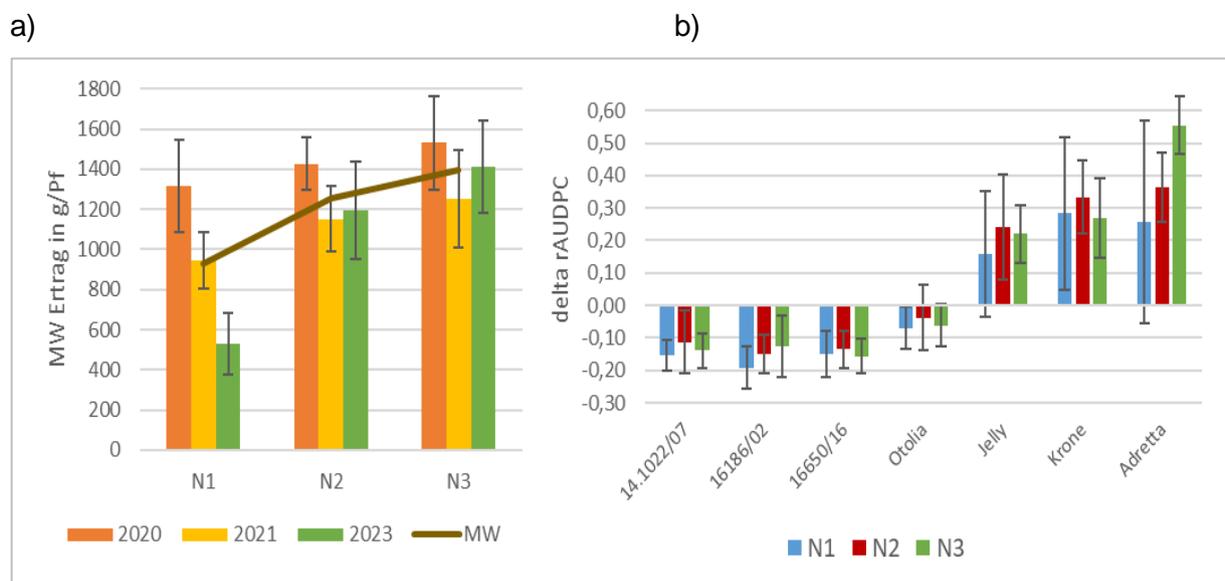


Abbildung 47: a) Gemittelter Knollenertrag und Standardabweichung des dreijährigen Stickstoffversuchs mit den Düngestufen N1 = 50 kgN/ha, N2 = 100 kgN/ha und N3 = 200 kgN/ha; b) Jahresmittel und Standardabweichung des Krautfäulebefalls im Stickstoffversuch von 2020, 2021 und 2023

Der Stärkegehalt der 7 Prüfglieder im 3-jährigen Vergleich wurde nicht von der N-Stufe beeinflusst (ANOVA).

Die Speisewertprüfung der drei Versuchsjahre ergab ebenfalls keine signifikanten Unterschiede zwischen den N-Stufen, aber zwischen den Prüfgliedern (Friedman Test, $p < 0,001$). Die Speisewerte lagen zwischen 888 (gering) und 1221 (sehr hoch) Punkten, wobei die vier Sorten im Durchschnitt 1083 und die Stämme 1021 Punkte erreichten.

Die Speisewerte sind jahresabhängig, und waren 2020 am höchsten und im Jahr 2023 am geringsten mit einem durchschnittlichen Unterschied von 73 Punkten.

Die durchschnittlichen Speisewerte korrelieren nicht mit dem Knollenertrag. Allerdings gab es Tendenzen, dass die Zuchtstämme bei zunehmendem Ertrag zu einer schlechteren Speisequalität neigten, während der Zusammenhang bei den Sorten umgekehrt war, mit Ausnahme der Kochverfärbung (*Tabelle 14*).

Tabelle 14: Korrelation der Speisewertprüfung (SPW) mit Jahr und Ertrag der Versuchsjahre 2020, 2021 und 2023.

korrelierende Faktoren	alle Prüfglieder	nur Stämme	nur Sorten
Jahr-SPW	-0,32	-0,25	-0,39
Ertrag-SPW	0,03	-0,42	0,33
Ertrag-Aussehen	0,03	-0,35	0,38
Ertrag-Kochverfärbung	0,09	0,41	-0,11

4.3 Erweiterung der genetischen Diversität der Kulturkartoffel mit dem Schwerpunkt auf quantitativer *Phytophthora*-Resistenz (AP 2)

In den Projektjahren 2020 bis 2023 wurden insgesamt 3.148 Einzelpflanzen aus 187 Populationen erzeugt und an die beteiligten Ökobetriebe zur Selektion unter deren Anbaubedingungen abgegeben (*Tabelle 15*). Diese als positiv bewerteten Zuchtstämme wurden auf den Ökobetrieben unter den jeweiligen Anbaubedingungen von den Betriebsleitern in einem partizipativen Züchtungsansatz selektiert und weiter vermehrt.

Am JKI wurden zusätzlich 2.683 Einzelpflanzen aus 93 Populationen angebaut und selektiert. Die Selektionsrate am JKI betrug ca. 15 %.

Ein weiteres Ziel am JKI war die Entwicklung von stickstoff-effizientem und dabei *P.i.*-resistentem Zuchtmaterial. Dazu wurden 2020 vier Sämlingspopulationen mit jeweils ca. 200 Individuen, basierend auf Kreuzungen aus dem Jahr 2019 zwischen einem resistenten Klon und einer zugelassenen Sorte, im Gewächshaus angezogen. 2021 wurden diese Populationen

als Einzelpflanzen im Feld angebaut und Blatttests durchgeführt. Aus den erzeugten Zuchtstämmen der vier Sämlingspopulationen aus dem Jahre 2020, wurden, basierend auf den Daten aus 2020 zwei Populationen ausgewählt und vermehrt, so dass sie im Jahr 2022 in einer ersten Leistungsprüfung als A-Stämme weitergeführt und in Bezug auf Phänotyp, Ertragsleistung, Qualität und *P. infestans* Resistenz untersucht und selektiert werden konnten. Insgesamt wurden aus den beiden Populationen 281 A-Stämme selektiert und angebaut. Sofern ausreichend Pflanzgut vorhanden war, wurden die A-Stämme in 2022 zusätzlich einer ersten Feldprüfung auf Befall durch *P.i.* unterzogen.

In einem Blatttest wurden die Zuchtstämmen auf ihre Krautfäuleanfälligkeit getestet. Im Labor wurde vom selben Material ein Knollenscheibentest (Siehe Kap. 3.3.2.2) zur Untersuchung der Anfälligkeit gegen Knollenfäule durchgeführt.

Tabelle 15: Einzelpflanzen (Knöllchen) Anbau auf Ökobetrieben bzw. am JKI in den Jahren 2020 bis 2023 zur Selektion

Anbaujahr	Populationen Betriebe	Einzelpflanzen Betriebe	Populationen JKI	Einzelpflanzen JKI
2020	60	571	17	501
2021	26	263	16	1.100
2022	55	1.099	34	474
2023	46	1.215	26	608
Gesamt	187	3.148	93	2.683

Parallel dazu wurden am JKI im Jahr 2021 in den Einzelpflanzen Blattproben zur DNA Extraktion entnommen, die anschließend für ein „Genotyping by Sequencing (GBS) zur Verfügung standen. Für das GBS wurden Blattproben, bestehend aus 2 bis 3 Blättern gewonnen und die Blattproben wurden bis zur DNA-Extraktion bei –80 °C gelagert.

Leider lagen von den beiden Populationen erst zum Projektende nutzbare genotypische Daten vor, so dass das geplante Genotyping by Sequencing (GBS) erst im Nachfolgeprojekt abgeschlossen werden kann.

4.4 Molekularbiologische Untersuchungen

4.4.1 Identifikation genetischer Marker für Krautfäuleresistenz (AP 4) (Blossei et al. 2021)

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

Für diese Studie wurden insgesamt 52 Zuchtstämme mit hoher Resistenz gegen *P. infestans* verwendet. Zusätzlich wurden acht gängige Sorten einbezogen, von denen fünf als anfällig beschrieben wurden. Insgesamt lieferten 36 der 52 getesteten Klone PCR-Amplikons für ein, zwei, drei oder vier Resistenzgene für sieben der acht getesteten Resistenzgene. Diese Amplikons zeigten die erwartete Größe und erwiesen sich somit als genspezifisch (Abbildung 48).

PCR-Produkte von Markern für *R1* wurden in sechs Klonen nachgewiesen, acht Klone waren positiv für *Rpi-blb3/R2/Rpi-abpt*, 13 für *R3a* und 27 für *R3b*. Alle acht Sorten zeigten Marker für die Resistenzgene *R3a* und *R3b*, bei der Sorte 'Alanis' wurden auch Marker für die Resistenzgene *R1* und *Rpi-blb2* beobachtet.

Die Resistenzgene *R1* bis *R11* der Wildart *S. demissum* wurden aufgrund ihrer frühen Entdeckung häufig in der Kartoffelzüchtung eingesetzt (Vleeshouwers et al. 2011). Die Hypothese, dass sie aus diesem Grund weiterhin in vielen Sorten vorkommen, wird durch die vorliegende Studie bestätigt. Insbesondere *R3*-Gene wurden in vielen Klonen und in allen Sorten nachgewiesen, obwohl die Sortenzüchtung, nachdem die Resistenz durch den *P. infestans* überwunden worden war, schon seit längerem nicht mehr auf diese Resistenzgene selektieren. Beispielsweise wurde *R1* in den Sorten 'Laura' und 'Linzer Delikatess' nachgewiesen (Trognitz & Trognitz 2007), Racosy-Tican et al. (2020) entdeckten *R3a* und *R3b* in 'Quarta', 'Baltica' und 'Sapro Mira' außerdem *R3b* in 'Romanze'.

Rpi-blb1/Rpi-sto1 wurde in vier Klonen nachgewiesen. Laut Van der Vossen et al. (2003) stellen *Rpi-blb1/Rpi-sto1* eine Breitbandresistenz bereit und leisten damit einen wichtigen Beitrag zur Verbreiterung der Resistenzquellen des Genpools.

Da *Rpi-phu1* aus *S. phureja* in keinem der Klone nachweisbar war, ist es möglicherweise nicht in den Genpool gelangt oder durch Selektion verloren gegangen. Das QTL_ *phu-stn*, das sich auf einem anderen Chromosom als *Rpi-phu1* befindet, wurde in fünf JKI-Kartoffelklonen nachgewiesen. *Rpi-blb2* wurde nur in einem JKI-Klon bestimmt, was nicht verwunderlich ist, da Kreuzungen zwischen *S. tuberosum* und *S. bulbocastanum* schwierig zu erreichen sind.

In den älteren Klone von 2001 bis 2003 wurden Marker für bis zu zwei Gene pro Klon nachgewiesen. Die Klone von 2004 und 2005 enthielten Marker für bis zu vier Gene pro Klon. Die jüngsten Klone dieser Studie zeigten Marker für bis zu drei Resistenzgene (*Abbildung 48*).

In der vorliegenden Studie wurden Prebreeding-Klone identifiziert, die nur eines oder keines der analysierten Resistenzgene trugen, aber dennoch ein hohes Resistenzniveau aufwiesen. Die Kraut- und Knollenfäuleresistenz des untersuchten Genpools scheint somit nicht nur auf einzelnen Hauptresistenzgenen zu beruhen, sondern auch auf quantitativen Effekten. Es gibt viele Studien, die sich auf die quantitative Resistenz gegen *P. infestans* konzentrieren. Einige davon wurden in eine Metaanalyse von Danan *et al.* (2011) einbezogen, die herausfanden, dass sich QTL für die *P. infestans*-Resistenz auf allen 12 Chromosomen befanden. Solche Effekte müssen für den JKI-Kartoffel-Genpool noch im Detail geklärt werden.

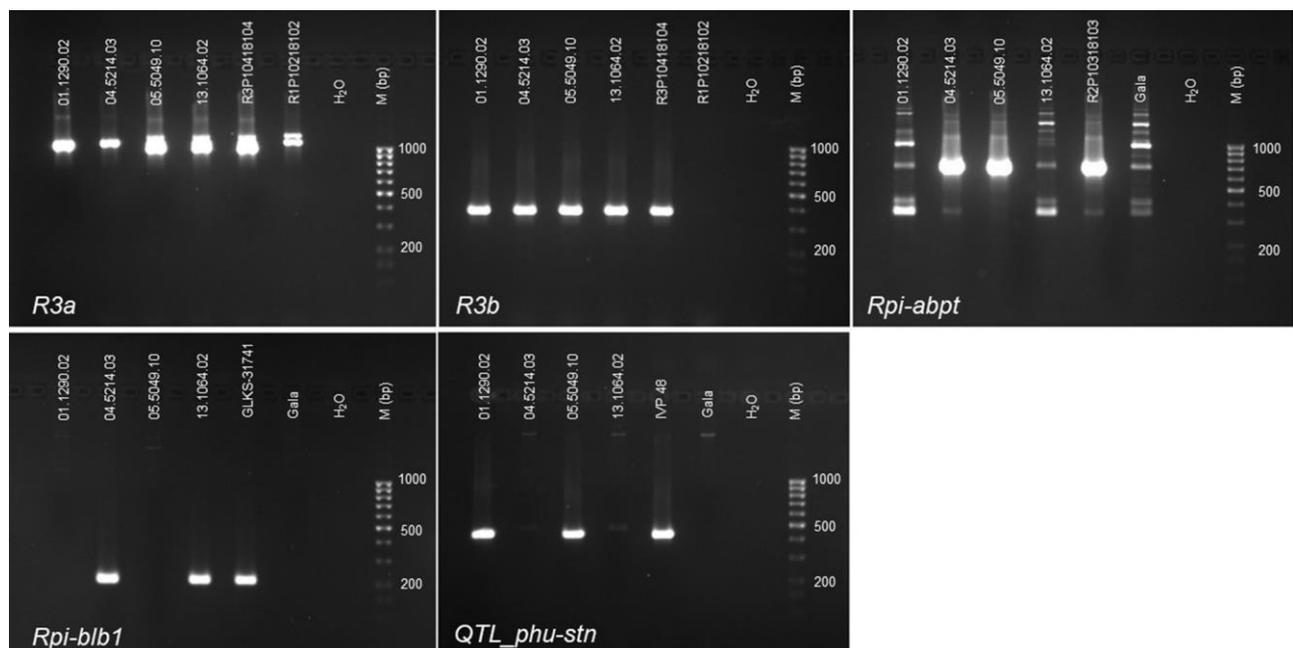


Abbildung 48: Nachweis von R3a, R3b, Rpi-abpt, Rpi-blb1 und QTL_phu-stn in den Klone '01.1290.02', '04.5214.03', '05.5049.10' und '13.1064.02' mittels genspezifischer Marker. Jede letzte Bahn (M) ist eine 100-bp-Leiter (AppliChem; Darmstadt, Deutschland). R3a und R3b: Positivkontrolle 'R3P10418104', Negativkontrolle 'R1P10218102'; Rpi-abpt: positiv Kontrolle 'R2P10318103', Negativkontrolle 'Gala'; Rpi-blb1: Positivkontrolle 'GLKS-31741', Negativkontrolle 'Gala'; QTL_phu-stn: Positivkontrolle 'IVP 48', Negativkontrolle 'Gala'.

4.4.2 Durchführung einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS) (AP 4) (Blossei *et al.*, eingereicht 2024)

Die phänotypischen Daten zeigen, dass die Sorten mit Mittelwerten von 5,6 im Blatttest, 0,717 für die rAUDPC-Werte, 0,482 für die Δ rAUDPC-Werte und 5,0 für den Knollenscheibentest deutlich anfälliger auf die Kraut- und Knollenfäule reagierten als die Prebreeding-Klone mit

Mittelwerten von 2,0 für den Blatttest, 0,107 für die rAUDPC-Werte, -0,079 für die Δ rAUDPC-Werte und 2,7 für den Knollenscheibentest.

Von den 161 untersuchten Klonen zeigten 133 eine hohe Kraut- und Knollenfäuleresistenz mit Δ rAUDPC-Werten < 0 . Die restlichen 28 Klone erwiesen sich mit Δ rAUDPC-Werten > 0 als anfällig. Von den 39 Sorten waren nur 'Sarpo Mira', 'Bionica' und 'Toluca'. ' aufgrund ihrer Δ rAUDPC-Werte < 0 als resistent eingestuft. Von allen drei Sorten ist bekannt, dass sie Resistenzgene tragen. In 'Sarpo Mira' wurden die Resistenzgene *R3a*, *R3b*, *R4*, *Rpi-Smira1* und *Rpi-Smira2/R8* gefunden (Rietman *et al.* 2012; Tomczyńska *et al.* 2014; Vossen *et al.* 2016). Die Sorte 'Bionica' trägt die Resistenzgene *R2*, *R3a*, *R3b* und *Rpi-blb2*. In 'Toluca' wurden die Gene *R3a* und *Rpi-blb2* identifiziert (Haverkort *et al.* 2009; Haesaert *et al.* 2015).

Die Heritabilität im weiteren Sinne für die Krautfäuleresistenz betrug 0,76 für die rAUDPC-Werte, 0,73 für die Δ rAUDPC-Werte und 0,68 für die Testergebnisse für im Blatttest. Die Heritabilität für Knollenfäule-Resistenz betrug 0,67.

Insgesamt gab es eine sehr hohe Korrelation zwischen den Ergebnissen des Feldtests und dem Blatttest (Tabelle 16). Die Korrelation zwischen dem Knollenscheibentest und den Krautfäuletests war geringer, aber immer noch signifikant. Die Vererbung der Knollenfäule-Resistenz ist möglicherweise unabhängig von der Krautfäule-Resistenz (Douches *et al.* 2002; Mayton *et al.* 2010; Platt & Tai 1998), allerdings stützen die niedrigeren Korrelationskoeffizienten der vorliegenden Studie nicht unbedingt die Annahme einer Unabhängigkeit der Vererbung innerhalb der betrachteten Population.

Tabelle 16: Pearson-Korrelationskoeffizienten zwischen der relativen Fläche unter der Befallsverlaufskurve (rAUDPC), dem reifungskorrigierten Befall (Δ rAUDPC), den Blatttests und den Knollenscheibentests.

	rAUDPC	Δ rAUDPC	Blatttest	Scheibentest
rAUDPC	1	0.98	0.85	0.70
Δ rAUDPC		1	0.86	0.67
Blatttest			1	0.68
Scheibentest				1

Die Clusteranalyse ergab sechs Hauptgruppen. Zwei der Gruppen umfassten nur drei bzw. sechs Genotypen. Alle Gruppen enthielten Sorten, während sich die meisten Sorten in der in Abbildung 25 grün gefärbten Gruppe gruppierten. Nur eine Sorte wurde der größten blau gefärbten Gruppe zugeordnet. Mit Ausnahme der kleinsten Gruppe mit nur zwei Sorten und

Abbildung 50a). Für $\Delta rAUDPC$ wurde ein signifikanter Marker auf Chromosom 9 und 14 Marker auf Chromosom 11, die zwischen 9,3 und 19,8 % der phänotypischen Varianz erklärten gefunden (

Abbildung 50b). Die gleichen Marker auf Chromosom 9 sowie 15 Marker auf Chromosom 11 waren signifikant mit $rAUDPC$ assoziiert und erklärten zwischen 8,8 und 20,8 % der phänotypischen Varianz (

Abbildung 50c). Unter allen Marker-Merkmal-Assoziationen erwiesen sich ein Marker auf Chromosom 9 und neun Marker auf Chromosom 11 in allen drei Tests als signifikant. Im Knollenscheibentest konnten keine signifikanten Marker-Merkmal-Assoziationen festgestellt werden (

Abbildung 50d).

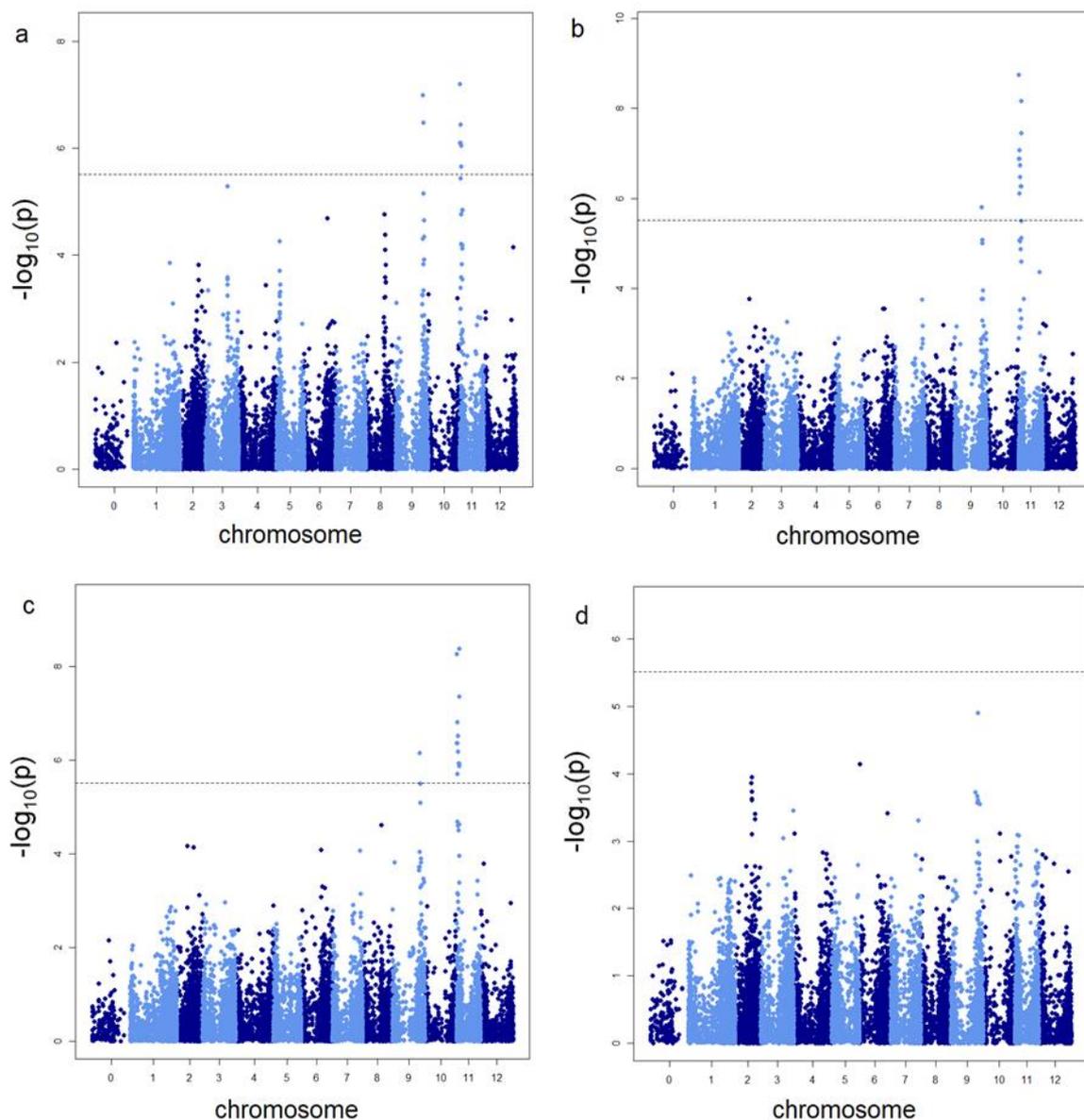


Abbildung 50: Manhattan-Diagramme für den Blatttest (a), Δ rAUDPC (b), rAUDPC (c) und Knollenscheibentest (d).

Die Ergebnisse zeigten, dass 78 Genotypen (38 Sorten und 40 Klone) kein alternatives Allel auf den Loci mit den höchsten $-\log_{10}(p)$ -Werten für den Blatttest und Δ rAUDPC auf Chromosom 9 und 11 trugen. Von diesen 40 Klonen zeigten 26 rAUDPC-Werte > 0 . Auf dem Marker-Locus bei 51.556.194 bp auf Chromosom 9 trugen 68 Prebreeding-Klone mindestens ein alternatives Allel, das vermutlich mit einer Resistenz gegen Kraut- und Knollenfäule assoziiert ist. Auf dem Locus bei 159.849 bp auf Chromosom 11 trugen 54 Klone und die Sorte 'Sarpo Mira' mindestens ein alternatives Allel. Nur ein Klon (17.1025.02) trug alternative Allele auf beiden Chromosomen. Insgesamt erwiesen sich die Genotypen, die mindestens ein alternatives Allel trugen, als deutlich resistenter als diejenigen ohne alternative Allele (Abbildung 51).

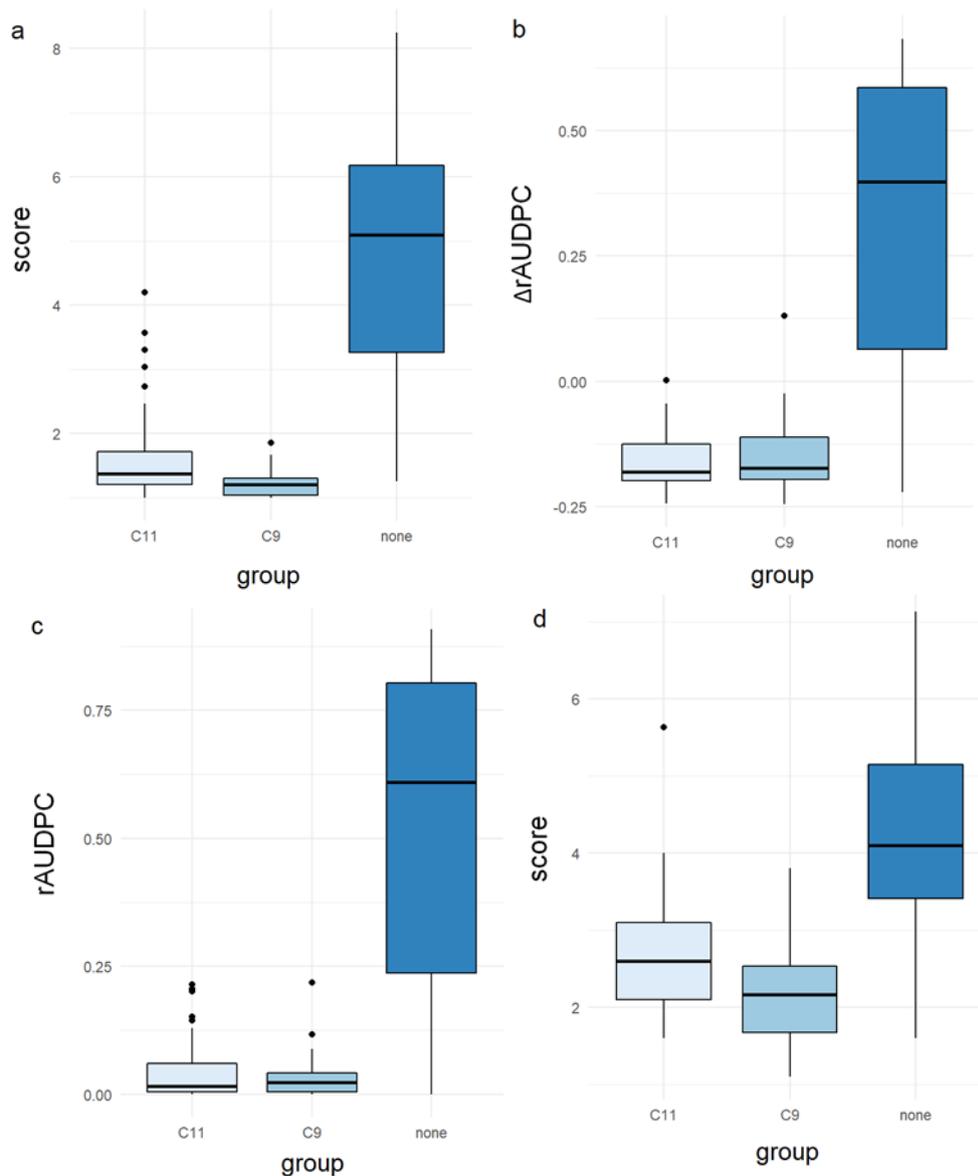


Abbildung 51: Boxplots für die Bonituren der Blattteste (a), der $\Delta rAUDPC$ -Werte (b), der $rAUDPC$ -Werte (c) und der Ergebnisse des Knollenscheibentests (d), aufgeteilt in die Gruppen, die mindestens ein alternatives Allel tragen Chromosomen 11 (C11) und 9 (C9) oder kein alternatives Allel tragen (none).

Laut *S. tuberosum*-Referenzsequenz 3.0 (plants.ensemble.org) sind in den Markerregionen auf Chromosom 9 keine Resistenzgene bekannt, die signifikant mit der Kraut- und Knollenfäuleresistenz assoziiert sind. Das nächstgelegene Resistenzgen ist ein Leucin-rich Repeat mit Nukleotidbindungsstelle (NBS-LRR) bei 56,9 MB (PGSC0003DMG400017146). Das mit 51,6 MB dem SNP am nächsten liegenden Genes auf Chromosom 9 ist eine Oxidoreduktase (PGSC0003DMG400016854), die 16 kb vom SNP entfernt ist. Der zweite signifikante SNP mit 52,5 MB befindet sich innerhalb eines Gens der Oligonukleotidtransporterfamilie (PGSC0003DMG400011396). Gemäß der *S. tuberosum*-Referenzsequenz 3.0 liegen fünf NBS-LRR-Gene im Bereich signifikanter Marker-Merkmal-Assoziationen auf Chromosom 11 (PGSC0003DMG400013308, PGSC0003DMG401015682,

PGSC0003DMG400046545, PGSC0003DMG400044423, PGSC0003DMG400027325). Der Abstand zwischen den Genen und dem nächstgelegenen signifikanten SNP liegt zwischen 75 und 642 kb. Das Kopplungsungleichgewicht (LD) zwischen allen Markern, die signifikant mit der Kraut- und Knollenfäuleresistenz auf Chromosom 11 assoziiert sind, war beträchtlich hoch (Abbildung 52). Die Region, die fünf NBS-LLR-Gene und die 15 SNPs trägt, erstreckt sich über eine Entfernung von 4,58 MB und beherbergt mehr als 400 zusätzliche SNPs. Vos *et al.* (2017) fanden große Haploblöcke mit reduziertem LD-Zerfall über mehrere MB für introgressierte Regionen. Wahrscheinlich ist der Marker-Merkmal-Assoziations-Hotspot auf Chromosom 11 eine solche Region, die aus Wildkartoffeln introgressiert wurde, um eine Resistenz gegen Kraut- und Knollenfäule zu erreichen.

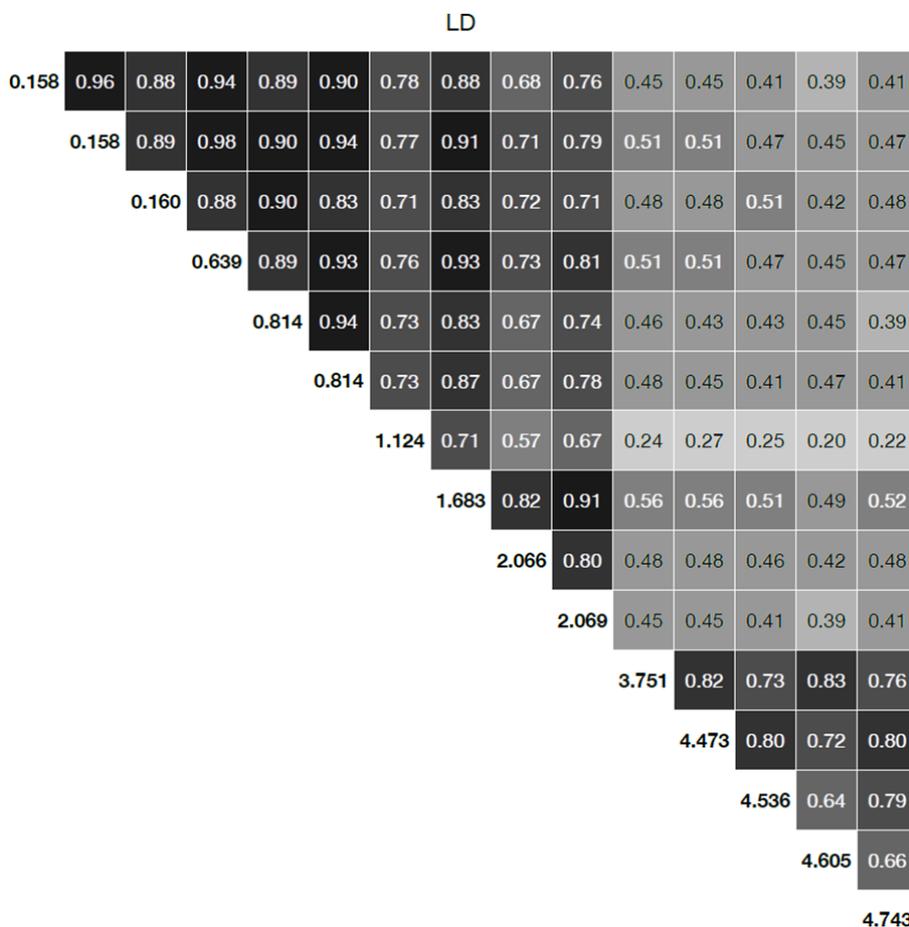


Abbildung 52: Kopplungsungleichgewicht (LD, r^2) der 15 signifikanten Marker-Merkmal-Assoziationen auf Chromosom 11.

In früheren Studien wurden bereits mehrere R-Gene und QTL gegen *P. infestans* aus Wildarten auf den Chromosomen 9 und 11 nachgewiesen (Tabelle und Tabelle 18). Die in dieser Arbeit gefundene Marker-Merkmal-Assoziation auf Chromosom 9 befindet sich am Ende von Chromosom 9 ebenso die R-Gene *Rpi-moc1*, *Rpi-vnt1*, *R8/Rpi-Smira2*, *R9a* und *Ph-3*. Möglicherweise stehen die Gene *R8* und *R9a* von *S. demissum* mit dem Resistenzlocus auf

Chromosom 9 der vorliegenden Studie in Zusammenhang, da in den 1950er Jahren am JKI viele Kreuzungen mit *S. demissum* durchgeführt wurden.

Es ist bekannt, dass sich die meisten R-Gene aus *S. demissum* am Ende von Chromosom 11 befinden (Bakker *et al.* 2011), sodass sie höchstwahrscheinlich nicht mit der in der vorliegenden Studie festgestellten Marker-Merkmal-Assoziation zusammenhängen. Neben *S. demissum* wurde auch *S. phureja* mit JKI-Material gekreuzt, sodass die Marker-Merkmal-Assoziation auf Chromosom 11 möglicherweise von *S. phureja* stammt. Das R-Gen *Rpi-Smira1* aus 'Sarpo Mira', welches auch für viele Kreuzungen am JKI verwendet wurde, befindet sich ebenfalls auf Chromosom 11. Allerdings liegt *Rpi-Smira1* in der Nähe des Gens *R3a* aus *S. demissum* (Rietman *et al.* 2012), das nicht in der Nähe der signifikanten Marker der vorliegenden Studie liegt. Dennoch wurde das alternative Allel auf Chromosom 11 auch in 'Sarpo Mira' nachgewiesen.

Tabelle 17: R-Gene und QTL gegen Kraut- und Knollenfäule auf Chromosom 9.

R Gen/QTL	Species	Referenz
R9a, R8/Rpi-Smira2	<i>S. demissum</i> , <i>S. tuberosum</i> cv. 'Sarpö Mira'	Jo et al. 2011 and 2015; Rietman et al. 2012
Rpi-edn2	<i>S. edinense</i>	Verzaux, 2010
Rpi-moc1, Rpi-mcq1	<i>S. mochiquense</i>	Smilde et al. 2005; Jones et al. 2009
Rpi-nrs1	<i>S. neorossii</i>	Jones et a. 2009
Rpi-oka1, Rpi-oka2, Rpi-oka3	<i>S. okadae</i>	Jones et a. 2009
Rpi-phu1	<i>S. phureja</i>	Sliwka et al. 2006
Rpi-vnt1.1, Rpi-vnt1.2, Rpi-vnt1.3	<i>S. venturii</i>	Foster et al. 2009
Rpi-ver1	<i>S. verrucosum</i>	Chen et al. 2018
Ph-3	<i>S. pimpinellifolium</i>	Zhang et al. 2014
QTL	<i>S. chacoense</i>	Chakrabarti et al. 2014
QTL	<i>S. microdontum</i>	Lin et al. 2020
QTL	<i>S. vernei</i>	Sørensen et al. 2006
QTL	unknown	Lindqvist-Kreuzer et al. 2014

Tabelle 18: R-Gene und QTL gegen Kraut- und Knollenfäule auf Chromosom 11.

R Gen/QTL	Species	Referenz
Rpi-avl1	<i>S. avilesii</i>	Verzaux et al. 2011
Rpi-cap1	<i>S. capsicibaccatum</i>	Jacobs et al. 2010
Rpi-qum1	<i>S. circaefolium</i> spp. quimense	Verzaux, 2010
R3a, R3b, R5, R6, R7, R9, R10, R11	<i>S. demissum</i>	El-Kharbotly et al. 1994; Huang, 2005
Rpi-edn3	<i>S. edinense</i>	Verzaux, 2010
Rpi-pur1	<i>S. piruae</i>	Rietman, 2011
Rpi-sto2	<i>S. stoloniferum</i>	Champouret, 2010
Rpi-Smira1	<i>S. tuberosum</i> cv. Sarpö mira	Rietman et al. 2012
Rpi-vnt2	<i>S. venturii</i>	Rietman 2011
QTL	<i>S. berthaultii</i>	Ewing et al. 2000
QTL	<i>S. pampasense</i>	Meade et al. 2020
QTL	<i>S. paucissectum</i>	Villamon et al. 2005
QTL	<i>S. phureja</i>	Ghislain et al. 2001
QTL	<i>S. stenotomum</i>	Costanzo et al. 2005

Die hier an 200 Genotypen durchgeführte genomweite Assoziationsstudie ergab zwei signifikante Marker-Merkmal-Assoziationen auf Chromosom 9, die mehr als 20 % der phänotypischen Varianz erklären, und insgesamt 15 signifikante Marker auf Chromosom 11, die jeweils mehr als 8 % der phänotypischen Varianz für die Resistenz gegen Krautfäule erklären. Im Bereich der 15 Marker auf Chromosom 11 befinden sich mehrere NBS-LRR-Gene. Die bekannten R-Gene *R8* und *R9a* auf Chromosom 9 liegen auf demselben Arm wie die beiden signifikanten Marker, jedoch mit etwa 8 Mb (Jo *et al.* 2011 und 2015; Jiang *et al.* 2018) noch zu weit entfernt, um mit den Marker-Merkmal-Assoziationen in Zusammenhang zu stehen. Lindqvist-Kreuzer *et al.* (2014) fanden eine Marker-Merkmal-Assoziation, die nur 0,28 MB von der auf Chromosom 9 in der vorliegenden Studie entfernt ist. Für die Zukunft wäre es wichtig, NBS-LLR-Kandidatengene in resistenten und anfälligen Genotypen zu sequenzieren und Genexpressionsmuster von Kartoffelblättern, die mit *P. infestans* befallen, sind zu ermitteln.

4.5 Etablierung und Nutzung moderner Drohnentechnik

Eine drohnengestützte Erfassung des *P.i.*-Befalls könnte zu erheblichen Effizienzgewinnen führen, da hierdurch zeitraubende „händische“ Bonituren zumindest reduziert werden könnten. Zur Prüfung dieser Hypothese wurden 2020 und 2021 mit einer Drohne (Cis Multicopter Oktopus mit Kamera Sony Alpha 6000) verschiedene Versuche befliegen (*Abbildung 53*). Die Aufnahmen sollten zur Erzeugung von Orthofotos für die Entwicklung weiterer Auswertungsalgorithmen genutzt werden.

Allerdings zeigte sich, dass die Versuche unter ökologischen Anbaubedingungen in den für die Befliegungen wichtigen Monaten Juli und August, stark verunkrauteten. Diese Spätverunkrautung war mechanisch nicht zu beseitigen ohne die Pflanzenbestände in Mitleidenschaft zu ziehen. Die Versuche sollten beerntet werden und fehlende Pflanzen oder zerstörtes Kartoffelkraut hätte die Versuchsergebnisse verfälscht. Die durchgeführten Befliegungen brachten unter diesen Bedingungen keine ausreichenden Differenzierungen zwischen den Kartoffelstauden bzw. Versuchspartellen und den Unkräutern, so dass Bildbearbeitung und Auswertung nicht möglich waren.



Abbildung 53: N-Versuch in Groß Lüsewitz Anfang Juli 2023 ohne Spätverunkrautung und ohne Befall mit P. infestans

4.6 Resistenztests an den Pflanzen des Hydroponikversuches am IPK

Die Prüfglieder des Hydroponikversuchs des IPK wurden in einem Blatttest analog zu Kapitel 3.2.2 auch auf ihre *P.i.*-Resistenz hin untersucht.

Insgesamt wurden 53 von den Groß Lüsewitzer Sortimenten (GLKS) zur Verfügung gestellte Genotypen (40 Ökostämme, 13 Standards) auf ihre Krautfäulereaktion im Blatttest geprüft. Das getestete Blattmaterial stammte aus 3 verschiedenen Stickstoffstufen (100 %, 25 % und 12,5 %) der maximalen Aufwandmenge (200 kgN/ha). Der Versuch musste wiederholt werden,

da beim ersten Prüftermin der überwiegende Teil der Prüfglieder keinen Befall aufwies. Erfasst wurden die Sporulation des Mycels sowie die Größe der entstandenen Nekrose nach 6 Tagen. Die Ergebnisse sind im Projektteil des IPK zusammenfassend dargestellt.

4.7 Prüfung und Bewertung des vorhandenen und neu entwickelten Prebreeding-Materials

Alle verbliebenen Klone des Vorgängerprojekts (FKZ: 2810OE121) sowie die vier Sämlingspopulationen wurden anhand von Blatt- und Scheiben- bzw. Knöllchentests untersucht. Zudem wurde aus 500 Einzelpflanzen eine Auswahl von 74 Klonen selektiert und mittels Scheibentest untersucht. Diese Klone wurden 2021 als A-Stämme angebaut und damit auch auf ihre Feldresistenz untersucht. Nach den Feldbonituren wurden 58 Stämme selektiert, 2022 vermehrt und 2023 in einer Leistungsprüfung weiter geprüft (vgl. Kap. 3.4.1.2, *Abbildung 54*). Die besten Klone werden in einem Nachfolgeprojekt angebaut bzw. wurden zum Projektende den Ökokartoffelzüchtern angeboten.



Abbildung 54: Leistungsprüfung der selektierten Prebreeding-Stämme unter natürlichen Befallsbedingungen mit *P. infestans* im Jahr 2023 in Groß Lüsewitz

5 Diskussion der Ergebnisse

In den Jahren 2020 – 2023 konnten deutsche und ausländische Kartoffelsorten sowie Zuchtstämme der LfL und des JKI am Standort Groß Lüsewitz in Bezug auf ihre Reaktion gegenüber *P.i.* im Feld, 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. Dieses Ausgangsmaterial ist durch Rückkreuzungsschritte sukzessive in seinen agronomischen Eigenschaften wieder an die Kulturkartoffel herangeführt worden (Darsow, 2008). Das 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.

5.1 Stickstoffsteigerungsversuch in den Jahren 2020, 2021 und 2023

In den vorliegenden Ergebnissen wirkten sich komplexe Wechselwirkungen zwischen Genotyp und N-Düngungsstufe auf die Befallsstärke der Kraut- und Knollenfäule aus. Die Zu- bzw. Abnahme des Befalls mit Änderung des N-Düngeniveaus hing sowohl von der jeweiligen Sorte als auch in erheblichem Maße vom Versuchsjahr ab. Generell war der Einfluss der Stickstoffapplikationsmenge nicht ausschlaggebend. Die Befallsstärke mit *P. infestans* und die teilweise signifikanten Ergebnisse wurden wahrscheinlich durch zusätzliche Faktoren beeinflusst, die im Versuchsdesign nicht berücksichtigt wurden. Eine weitere Steigerung der Stickstoffaufwandmenge hätte möglicherweise zu signifikanten Ergebnissen geführt, aber eine höhere N-Düngungsrate über 200 kgN/ha würde über den empfohlenen Mengen im ökologischen Landbau liegen und hätten keine agronomische Relevanz. Da nur vier Sorten sowie eine größere Gruppe von Prebreeding-Stämmen getestet wurden, waren die Ergebnisse weniger repräsentativ für derzeit im ökologischen Landbau angebaute Sorten, die im Allgemeinen anfälliger für *P.i.* sind.

Darüber hinaus ist anzumerken, dass die hier vorgestellten Ergebnisse zwar die Wirkung eines für den ökologischen Landbau zugelassenen Stickstoffdüngers darstellen, es bleibt jedoch festzuhalten, dass im Ökolandbau der Stickstoffgehalt im Boden, aufgrund der Verwendung verschiedener Formen der Nährstoffbereitstellung in Verbindung mit unterschiedlichen Mineralisierungsraten stark variiert. Es bleibt weiterhin anzumerken, dass diese Versuche nicht gemäß den hohen Standards des ökologischen Landbaus durchgeführt werden konnten.

Insgesamt kann festgestellt werden, dass die N-Düngungsrate nur einen geringen Einfluss auf den Befall mit der Kraut- und Knollenfäule hatte und dass es von größerer Bedeutung ist, resistente oder zumindest mäßig resistente Sorten anzubauen wie beispielsweise 'Otolia'. Dies ist im ökologischen Landbau aufgrund der begrenzten Möglichkeiten der Krankheitskontrolle besonders wichtig. Deshalb sollen die hier untersuchten Prebreeding-Stämme künftig in Zuchtprogramme einbezogen werden.

Die toleranteren Stämme und Sorten zeigten in allen N-Stufen ein gleiches Ertragsniveau wie nicht *P.i.* anfällige Stämme und Sorten, wobei der Δr AUDPC nicht mit dem Ertrag korrelierte.

Auch der 3-jährige Vergleich der Prüfglieder zeigte, dass die Düngemenge an Stickstoff keinen Einfluss auf den Befall mit *P.i.* hatte. Dieses Ergebnis kann aber nicht verallgemeinert werden und zum Beispiel auf anfälligeren Stämme übertragen werden, wie die Ergebnisse der diversen Stämme die innerhalb der drei Jahre getestet wurden zeigen.

Der Stärkegehalt der Prüfglieder im 3-jährigen Vergleich wurde nicht von der N-Stufe beeinflusst. Die Speisewertprüfung der drei Versuchsjahre ergab ebenfalls keine Unterschiede zwischen den N-Stufen, aber zwischen den Prüfgliedern. Die Speisewerte lagen zwischen 888 (gering) und 1221 (sehr hoch) Punkten, wobei die Sorten im Durchschnitt 1083 und die Stämme 1021 Punkte erreichten. Die Speisewerte sind jahresabhängig, und waren 2020 am höchsten und im Jahr 2023 am niedrigsten. Die durchschnittlichen Speisewerte korrelierten nicht mit dem Knollenertrag. Allerdings gab es Tendenzen, dass die Zuchtstämme bei zunehmendem Ertrag zu einer schlechteren Speisequalität neigten, während der Zusammenhang bei den Sorten umgekehrt war, eine Ausnahme bildete die Kochverfärbung.

5.2 Identifikation genetischer Marker für Krautfäuleresistenz (AP 4) (Blossei et al. 2021)

Die Resistenzgene *R1* bis *R11* der Wildart *S. demissum* wurden aufgrund ihrer frühen Entdeckung häufig in der Kartoffelzüchtung eingesetzt (Vleeshouwers et al. 2011). Die Hypothese, dass sie aus diesem Grund weiterhin in vielen Sorten vorkommen, wird durch die vorliegende Studie bestätigt. Insbesondere *R3*-Gene wurden in vielen Klonen und in allen Sorten nachgewiesen, obwohl die Sortenzüchtung, nachdem die Resistenz durch *P. infestans* überwunden worden war, schon seit längerem nicht mehr auf diese Resistenzgene selektieren. Beispielsweise wurde *R1* in den Sorten 'Laura' und 'Linzer Delikatess' nachgewiesen (Trognitz & Trognitz 2007), Racosy-Tican et al. (2020) entdeckten *R3a* und *R3b* in 'Quarta', 'Baltica' und 'Sapro Mira', außerdem *R3b* in 'Romanze'.

Laut Van der Vossen et al. (2003) stellen *Rpi-blb1/Rpi-sto1* eine Breitbandresistenz bereit und leisten damit einen wichtigen Beitrag zur Verbreiterung der Resistenzquellen des Genpools. Da *Rpi-phu1* aus *S. phureja* in keinem der Klone nachweisbar war, ist es möglicherweise nicht in den Genpool gelangt oder durch Selektion verloren gegangen. *Rpi-blb2* wurde nur in einem JKI-Klon bestimmt, was nicht verwunderlich ist, da Kreuzungen zwischen *S. tuberosum* und *S. bulbocastanum* schwierig zu erreichen sind.

In den älteren Klonen von 2001 bis 2003 wurden Marker für bis zu zwei Gene pro Klon nachgewiesen. Die Klone von 2004 und 2005 enthielten Marker für bis zu vier Gene pro Klon. Die jüngsten Klone dieser Studie zeigten Marker für bis zu drei Resistenzgene.

Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass der JKI-Kartoffel-Genpool einige Resistenzgene enthält, die in der Vergangenheit von Wildarten eingebracht wurden und über Generationen

hinweg erhalten blieben. Diese Gene dürften neben QTL mit geringerer Wirkung maßgeblich an den hohen Resistenzeigenschaften eines großen Teils des Genpools beteiligt sein. Bereits gebrochene Resistenzen, die von *S. demissum* vererbt wurden, können dennoch zur Erhöhung des Resistenzniveaus beitragen (Stewart *et al.* 2003). Darüber hinaus wurde mehrfach gezeigt, dass die Stapelung von Resistenzgenen zu dauerhaften Resistenzeigenschaften von Kulturpflanzen führen kann (Zhu *et al.* 2012; Haverkort *et al.* 2016; Ghislain *et al.* 2019; Stefańczyk *et al.* 2020). Während Rogozina *et al.* (2021) feststellen konnten, dass das Resistenzniveau mit der Anzahl der Resistenzgene korreliert. In der vorliegenden Studie wurden Prebreeding-Klone identifiziert, die nur eines oder keines der analysierten Resistenzgene trugen, aber dennoch ein hohes Resistenzniveau aufwiesen. Die Kraut- und Knollenfäuleresistenz des untersuchten Genpools scheint somit nicht nur auf einzelnen Hauptresistenzgenen zu beruhen, sondern auch auf quantitativen Effekten. Es gibt viele Studien, die sich auf die quantitative Resistenz gegen *P. infestans* konzentrieren. Einige davon wurden in eine Metaanalyse von Danan *et al.* (2011) einbezogen, die herausfanden, dass sich QTL für die *P. infestans*-Resistenz auf allen 12 Chromosomen befanden. Solche Effekte müssen für den JKI-Kartoffel-Genpool noch im Detail geklärt werden.

5.3 Durchführung einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS) (AP 4) (entnommen aus Blosser *et al.*, eingereicht 2024)

Die phänotypischen Daten zeigen, dass die Sorten im Blatttest, für die rAUDPC-Werte, für die Δ rAUDPC-Werte und für den Knollenscheibentest deutlich anfälliger auf die Kraut- und Knollenfäule reagierten als die Prebreeding-Klone.

Insgesamt gab es eine sehr hohe Korrelation zwischen den Ergebnissen des Feldtests und dem Blatttest. Die Korrelation zwischen dem Knollenscheibentest und den Krautfäuletests war geringer, aber immer noch signifikant. Die Vererbung der Knollenfäule-Resistenz ist also möglicherweise unabhängig von der Krautfäule-Resistenz (Douches *et al.* 2002; Mayton *et al.* 2010; Platt & Tai 1998), allerdings stützen die niedrigeren Korrelationskoeffizienten der vorliegenden Studie nicht unbedingt die Annahme einer Unabhängigkeit Vererbung innerhalb der betrachteten Population.

Die Genomweite Assoziationsstudie (GWAS) ergab für den Blatttest zwei signifikante Marker-Merkmal-Assoziationen auf Chromosom 9 und neun Marker, die signifikant mit der Kraut- und Knollenfäuleresistenz auf Chromosom 11 assoziiert sind. Für Δ rAUDPC wurde ein signifikanter Marker auf Chromosom 9 und 14 Marker auf Chromosom 11 gefunden. Die gleichen Marker auf Chromosom 9 sowie 15 Marker auf Chromosom 11 waren signifikant mit rAUDPC assoziiert. Unter allen Marker-Merkmal-Assoziationen erwiesen sich ein Marker auf Chromosom 9 und neun Marker auf Chromosom 11 in allen drei Tests als signifikant. Im

Knollenscheibentest konnten keine signifikanten Marker-Merkmal-Assoziationen festgestellt werden.

In früheren Studien wurden bereits mehrere R-Gene und QTL gegen *P. infestans* aus Wildarten auf den Chromosomen 9 und 11 nachgewiesen (Tabelle 11 und 12). Die in dieser Arbeit gefundene Marker-Merkmal-Assoziation auf Chromosom 9 befindet sich am Ende von Chromosom 9 ebenso die R-Gene *Rpi-moc1*, *Rpi-vnt1*, *R8/Rpi-Smira2*, *R9a* und *Ph-3*. Möglicherweise stehen die Gene *R8* und *R9a* von *S. demissum* mit dem Resistenzlocus auf Chromosom 9 der vorliegenden Studie in Zusammenhang, da in den 1950er Jahren am JKI viele Kreuzungen mit *S. demissum* durchgeführt wurden.

Es ist bekannt, dass sich die meisten R-Gene aus *S. demissum* am Ende von Chromosom 11 befinden (Bakker *et al.* 2011), sodass sie höchstwahrscheinlich nicht mit der in der vorliegenden Studie festgestellten Marker-Merkmal-Assoziation zusammenhängen. Neben *S. demissum* wurde auch *S. phureja* mit JKI-Material gekreuzt, sodass die Marker-Merkmal-Assoziation auf Chromosom 11 möglicherweise von *S. phureja* stammt. Das R-Gen *Rpi-Smira1* aus 'Sarpö Mira', das auch für viele Kreuzungen am JKI verwendet wurde, befindet sich ebenfalls auf Chromosom 11. Allerdings liegt *Rpi-Smira1* in der Nähe des Gens *R3a* aus *S. demissum* (Rietman *et al.* 2012), das nicht in der Nähe der signifikanten Marker der vorliegenden Studie liegt. Dennoch wurde das alternative Allel auf Chromosom 11 auch in 'Sarpö Mira' nachgewiesen.

Die hier an 200 Genotypen durchgeführte genomweite Assoziationsstudie ergab zwei signifikante Marker-Merkmal-Assoziationen auf Chromosom 9 und insgesamt 15 signifikante Marker auf Chromosom 11, die die Resistenz gegen Krautfäule erklären. Im Bereich der 15 Marker auf Chromosom 11 befinden sich mehrere NBS-LRR-Gene. Die bekannten R-Gene *R8* und *R9a* auf Chromosom 9 liegen auf demselben Arm wie die beiden signifikanten Marker, jedoch noch zu weit entfernt, um mit den Marker-Merkmal-Assoziationen in Zusammenhang zu stehen. Lindqvist-Kreuzer *et al.* (2014) fanden eine Marker-Merkmal-Assoziation, die nur 0,28 MB von der auf Chromosom 9 in der vorliegenden Studie entfernt ist. Für die Zukunft wäre es wichtig, NBS-LLR-Kandidatengene in resistenten und anfälligen Genotypen zu sequenzieren und Genexpressionsmuster von Kartoffelblättern, die mit *P. infestans* befallen, sind zu ermitteln.

5.4 Prüfung und Bewertung des vorhandenen und neu entwickelten Prebreeding-Materials

Im Rahmen des Projektes „EffiKar“ wurde umfangreiches Prebreeding-Material über sexuelle Kreuzungen erzeugt. Teile der Nachkommenschaften (Populationen) wurden als Einzelpflanzen in einem partizipativen Züchtungsansatz an Ökobetriebe abgegeben und unter

den dort herrschenden Bedingungen selektiert und vermehrt. Parallel wurden Prebreeding-Stämme am JKI selektiert und vermehrt. Dieses Material stellt eine gut adaptierte Ausgangsbasis mit einerseits sehr guten Resistenzeigenschaften und zumindest mittleren bis guten Ertrags- und Qualitätsparametern dar. Es bietet eine hervorragende Ausgangsbasis für die Züchtung von neuen Sorten insbesondere für den Ökolandbau.

6 Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse.

Nach Abschluss des Projektes ist an den Instituten LfL und JKI 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 weiter zu entwickeln. Eine Weiterführung des Zuchtprogramms ist anzustreben, da dies die Entwicklung von Kartoffelklonen für den ökologischen Landbau in den kommenden Jahren weiter vorantreiben wird.

Im Projektverlauf wurde festgestellt, dass die N-Düngungsraten nur einen geringen Einfluss auf den Befall mit der Kraut- und Knollenfäule hatten und dass es von größerer Bedeutung ist, resistente oder zumindest teilresistente Sorten anzubauen. Dies ist im ökologischen Landbau aufgrund der begrenzten Möglichkeiten der Krankheitskontrolle besonders wichtig.

An die Bedingungen des ökologischen Landbaus angepasstes Sortenmaterial ist von immenser Bedeutung für die landwirtschaftliche Praxis. In den vergangenen vier Jahren ist zukunftsfähiges Zuchtmaterial entstanden, welches in den kommenden Jahren in der praktischen Kartoffelzüchtung weiter genutzt werden kann, so dass den Ökolandwirten eine Auswahl an *Phytophthora*-resistenten, an ökologische Bedingungen angepasstes Ausgangsmaterial zur Verfügung steht.

Pflanzenzüchtung ist im Allgemeinen und die Resistenzzüchtung im Besonderen, eine langfristig zu planende Aufgabe, dennoch konnte bereits eine Sortenanmeldung durch das beteiligte Zuchtunternehmen ForKa realisiert und bis zur Sortenzulassung vorgebracht werden. Mittlerweile steht die Zulassung einer weiteren Sorte an.

Auf wissenschaftlicher Seite konnte ein Teil der Prebreeding-Stämme des JKI mit Hilfe von PCR-Markern näher charakterisiert werden. Mit diesen Erkenntnissen lässt sich mit Hilfe markergestützter Selektion auch im Bereich der Ökokartoffelzüchtung langwieriges Prüfen von jungem Zuchtmaterial reduzieren und der Zuchtgang kann beschleunigt werden. Dennoch kann auf umfangreiche Resistenztests in Feld und Labor auch in Zukunft nicht verzichtet werden. Insbesondere die Selektion auf quantitative, und damit stabile *Phytophthora*

Resistenz, die anzustreben ist, stellt eine markergestützte Selektion vor immense Herausforderungen.

Die Genomweite Assoziationsstudie trägt weiterhin zum besseren Verständnis der genetischen Zusammenhänge der *P. infestans* Resistenz bei. Die hier durchgeführte genomweite Assoziationsstudie ergab zwei signifikante Marker-Merkmal-Assoziationen auf Chromosom 9 und insgesamt 15 signifikante Marker auf Chromosom 11, die die Resistenz gegen Krautfäule erklären. Dies erweitert mit den vorhandenen Angaben aus der Literatur die Wissensbasis zur Lokalisierung von Resistenzgenen im Kartoffelgenom.

7 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen

Tabelle 19: Gegenüberstellung der wichtigsten ursprünglich geplanten Ziele zu den tatsächlich erreichten Zielen

Ziele/Arbeitspakete (AP)	Tatsächlicher Bearbeitungsstand
<p>AP 1</p> <p>Prüfung ausgewählter Sorten und Zuchtklone auf den Befall mit <i>Phytophthora infestans</i> (<i>P.i.</i>) unter verschiedenen N-Düngestufen</p>	<p>Die dreijährigen Ergebnisse aus 2020, 2021 und 2023 liegen vor. Der N-Versuch ist abgeschlossen und ausgewertet.</p>
<p>AP 2</p> <p>Entwicklung von Sämlingspopulationen für die Zielmerkmale N-Effizienz und <i>P.i.</i>-Resistenz</p>	<p>In den Projektjahren 2020 bis 2023 wurden insgesamt 3.148 Einzelpflanzen aus 187 Populationen erzeugt und an die beteiligten Ökobetriebe zur Selektion unter deren Anbaubedingungen abgegeben. Diese Zuchtstämme wurden auf den Ökobetrieben unter den jeweiligen Anbaubedingungen von den Betriebsleitern in einem partizipativen Züchtungsansatz selektiert und weiter vermehrt.</p> <p>Am JKI wurden zusätzlich 2.683 Einzelpflanzen aus 93 Populationen angebaut und selektiert.</p> <p>Ein weiteres Ziel war die Entwicklung von stickstoff-effizientem und dabei <i>P.i.</i>-resistentem Zuchtmaterial. Dazu wurden</p>

	<p>Sämlingspopulationen, angezogen. Diese Populationen wurden im Folgejahr im Feld angebaut und selektiert. Zwei der vier Sämlingspopulationen wurden ausgewählt und vermehrt, so dass sie im Jahr 2022 in einer ersten Leistungsprüfung als A-Stämme weitergeführt. Sofern ausreichend Pflanzgut vorhanden war, wurden die A-Stämme in 2022 zusätzlich einer ersten Feldprüfung auf Befehl durch <i>P.i.</i> unterzogen.</p> <p>Für beide Populationen wurde eine Sequenzanalyse begonnen. Aufgrund des verspäteten Dateneingangs konnte die Sequenzanalyse noch nicht abgeschlossen werden. Dies ist im Nachfolgeprojekt vorgesehen.</p>
<p>AP 3</p> <p>Etablierung und Nutzung moderner Drohnentechnik</p>	<p>Es zeigte sich, dass die Versuche unter ökologischen Anbaubedingungen in den für die Befliegungen wichtigen Monaten Juli und August, stark verunkrauteten. Diese Spätverunkrautung war mechanisch nicht zu beseitigen, ohne die Pflanzenbestände in Mitleidenschaft zu ziehen. Die Versuche sollten beerntet werden und fehlende Pflanzen oder zerstörtes Kartoffelkraut hätte die Versuchsergebnisse verfälscht. Die durchgeführten Befliegungen brachten unter diesen Bedingungen keine ausreichenden Differenzierungen zwischen den Kartoffelstauden bzw. Versuchspartzen und den Unkräutern, so dass Bildbearbeitung und Auswertung nicht möglich waren.</p>
<p>AP 4</p> <p>Resistenztests an den Pflanzen des Hydroponikversuches am IPK</p>	<p>Erste Vortests wurden durchgeführt. Der Großteil der Tests erfolgte 2023. Die Prüfglieder des Hydroponikversuchs des IPK wurden in einem Blatttest analog auf ihre <i>P.i.</i>-Resistenz hin untersucht</p>
<p>AP 5</p> <p>Molekulare Untersuchung der Klone aus dem Feldanbau</p>	<p>Mittels 'Genotyping By Sequencing' (GBS) wurde eine Population aus AP 2 mit 196 Individuen genotypisiert. Die</p>

	<p>zweite Population mit 190 Genotypen wurde 2023 genotypisiert.</p> <p>Für Untersuchungen mit Hilfe beschriebener PCR-Marker wurden Zuchtstämme mit hoher Resistenz gegen <i>P. infestans</i> verwendet, zusätzlich wurden Sorten einbezogen, von denen mehrere als anfällig beschrieben wurden. Insgesamt lieferten die getesteten Klone PCR-Amplikons für ein, zwei, drei oder vier Resistenzgene für sieben der acht getesteten Resistenzgene.</p> <p>Die an 200 Genotypen durchgeführte genomweite Assoziationsstudie ergab zwei signifikante Marker-Merkmal-Assoziationen auf Chromosom 9 und insgesamt 15 signifikante Marker auf Chromosom 11, die jeweils Teile der phänotypischen Varianz für die Resistenz gegen Krautfäule erklären. Die bekannten R-Gene R8 und R9a auf Chromosom 9 liegen auf demselben Arm wie die beiden signifikanten Marker, jedoch noch zu weit entfernt, um mit den Marker-Merkmal-Assoziationen in Zusammenhang zu stehen.</p>
<p>AP 6</p> <p>Prüfung und Bewertung des vorhandenen und neu entwickelten Pre-Breeding-Materials</p>	<p>Umfangreiches Prebreeding-Material wurde über sexuelle Kreuzungen erzeugt. Teile der Nachkommenschaften (Populationen) wurden als Einzelpflanzen in einem partizipativen Züchtungsansatz an Ökobetriebe abgegeben und unter den dort herrschenden Bedingungen selektiert und vermehrt. Parallel wurden Prebreeding-Stämme am JKI selektiert und vermehrt. Dieses Material stellt eine gut adaptierte Ausgangsbasis mit sehr guten Resistenzeigenschaften und mittleren bis guten Ertrags- und Qualitätsparametern dar. Es bietet eine hervorragende Ausgangsbasis für die Züchtung von neuen Sorten insbesondere für den Ökolandbau.</p>

7.1 Hinweise auf weiterführende Fragestellungen

Die Etablierung eines Kartoffelzuchtprogramms für den ökologischen Anbau in einem partizipativen Ansatz war bereits zentrales Element im Vorgängerprojekt und ist im hier vorliegenden Projekt weiterhin von hoher Relevanz. Die züchterische Anpassung von Kartoffeln an erhöhten biotischen und abiotischen Stress ist eine Aufgabe von wachsender Bedeutung. Dazu gehört ebenfalls die Frage nach der N-Nutzungseffizienz und dem Einfluss der N-Düngung auf Resistenz und Qualitätsparameter im Zuchtmaterial. Hierdurch wurden die Anforderungen an die Institute, Züchtung und Selektion zu betreiben, wesentlich erweitert. Ebenso muss die Entwicklung von Kartoffelzuchtstämmen auf die Bedürfnisse der Ökobetriebe zugeschnitten werden.

Im Laufe des Projekts wurde deutlich, dass in Folgeprojekten weitere Möglichkeiten geschaffen werden müssen, die zu einer Reduzierung des Selektionsaufwandes beitragen. Hier steht die Frage nach dem verstärkten Einsatz und der Anpassung von molekularen Markertechniken sowie von digitalen Werkzeugen in der Züchtung, an oberster Stelle. Geprüft werden kann, inwieweit zum Beispiel die langwierigen Bonituren der großen Anzahl an Sämlingen durch den Einsatz von preiswerten PCR-Markertechniken und von Drohnen bei verbesserter Produktionstechnik 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?

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, zumindest oligogene 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 dürften. Einige wurden bereits auf ihren Einsatz in der Marker-gestützten Selektion hin untersucht. Eine weiterführende funktionelle Untersuchung der Mechanismen einer horizontalen Resistenz ist von wissenschaftlicher Bedeutung. Inwieweit Ergebnisse solcher Studien direkt in der Züchtung umgesetzt werden können, muss jedoch evaluiert werden.

8 Zusammenfassung JKI

Der ökologische Landbau hat zum Teil erheblich abweichende Ansprüche an Kartoffelsorten als der konventionelle Anbau. Dies beruht auf alternativen Pflanzenschutzmaßnahmen mit mechanischer Unkrautbekämpfung sowie auf einer in der Regel geringeren Stickstoffversorgung der Pflanzen oder auf anderen Nährstoffflüssen des Bodens. Darum benötigt der ökologische Landbau spezielle Sorten, die neben den vom Verbraucher gewünschten Qualitätsmerkmalen auch eine hohe Widerstandsfähigkeit gegenüber biotischen und abiotischen Stressfaktoren besitzen, durch schnelle Jugendentwicklung das Unkrautwachstum unterdrücken und eine hohe Nährstoffeffizienz aufweisen.

Um neues Zuchtmaterial zu schaffen, welches die im Biolandbau gewünschten Eigenschaften vereint, etablierte das bereits seit 2012 im „Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft“ geförderte Vorgängerprojekt „Entwicklung von Phytophthora-resistentem Zuchtmaterial für den ökologischen Landbau“ ein Zuchtprogramm speziell für den ökologischen Kartoffelanbau. Das hier vorliegende Projekt „Selektion und Züchtung nährstoffeffizienter *Phytophthora*-resistenter Kartoffelzuchtstämme für einen nachhaltigen ökologischen Landbau“ baute auf diesen Erkenntnissen auf. Wobei die Zuchtziele in Bezug auf Nährstoffeffizienz und Stressresistenz erweitert wurden.

Für die Züchtung auf geringe Anfälligkeit gegenüber der Kraut- und Knollenfäule, die durch den Oomyceten *Phytophthora infestans* hervorgerufen wird, wurden teiladaptierte, resistente und qualitativ verbesserte Kartoffelklone aus dem Prebreeding-Programm des Julius Kühn-Institutes zurückgegriffen. Die untersuchten Zuchtstämme und Vergleichssorten wurden parallel in einem N-Steigerungsversuch hinsichtlich ihrer Krankheitsreaktion sowie weiterer agronomischer und qualitativer Eigenschaften wie Ertragsleistung, Wuchsform, Stärkegehalt, Speise- und Veredelungseignung und Abreifeverhalten untersucht. Das Verbundprojekt zielte auf die Entwicklung von Selektionsmethoden während der züchterischen Anpassung von

Kartoffeln an erhöhten biotischen und abiotischen Stress. Als Basis für spätere Sorten sollten dabei Zuchtstämme entwickelt werden, die bei reduziertem Nährstoffangebot und verringertem Pflanzenschutzmitteleinsatz Ertrags- und Qualitätssicherheit im ökologischen Landbau der Zukunft gewährleisten. Im Projektrahmen sollten Aufschlüsse über die Aufnahme- und Nutzungseffizienz der Kartoffel bezüglich des Stickstoffs und des Phosphors als zwei essenzielle Nährstoffe gewonnen werden.

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. Das ausgegründete Züchtungsunternehmen „ForKa“ führte die Bewertung der Klone und die Selektion der Knollen in enger Zusammenarbeit mit den wissenschaftlichen Mitarbeitern der Institute durch.

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 den entwickelten Prebreeding-Stämmen Marker Tests mit bekannten PCR-Markern sowie eine Genomweite Assoziationsstudien mit SNP-Markern durchgeführt und ausgewertet.

Im Projekt wurden am IPK erstmalig die N- und P-Effizienz von Genbank-Akzessionen sowie deren Krautfäuleresistenz charakterisiert. Somit ermöglicht das Projekt eine nachhaltigere und intensivere Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen in Bezug auf deren Nährstoffeffizienz. Dadurch ist es Züchtern wie auch Forschungseinrichtungen zukünftig möglich, zielgerichteter auf genetische Ressourcen der Kartoffel zuzugreifen und diese in die eigenen Zuchtprogramme und Forschungsprojekte einzubringen.

9 Literaturverzeichnis

Bakker, E., Borm, T., Prins, P., van der Vossen, E., Uenk, G., Arens, M., Boer, de J., Eck, van H., Muskens, M., Vossen, J., Linden, van der G., Ham, van R., Klein-Lankhorst, R., Visser, R., Smant, G., Bakker, J., & Goverse, A. (2011). A genome-wide genetic map of NB-LRR disease

resistance loci in potato. *Theoretical and Applied Genetics*, 123(3), 493-508. <https://doi.org/10.1007/s00122-011-1602-z>

BALLVORA, A., ERCOLANO, M.R., 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* 30, 361–371.

BLACK, W., MASTERBROEK, C. MILLS, C.R., PETERSON, C.L. (1953). A proposal for an international nomenclature of races of *Phytophthora infestans* and of genes controlling immunity in *Solanum demissum* derivatives. *Euphytica* 2 (3), 173–179, DOI: 10.1007/BF00053724.

BLOSSEI, J., UPTMOOR, R., THIEME, R., NACHTIGALL, M., & HAMMANN, T. (2021). Insights into the genetic basis of the pre-breeding potato clones developed at the Julius Kühn Institute for high and durable late blight resistance. *Plant Genetic Resources*, 19(5), 461-464. <https://doi.org/10.1017/S1479262121000447>

CHAKRABARTI, S. K., SINGH, B. P., THAKUR, G., TIWARI, J. K., KAUSHIK, S. K., SHARMA, S., & BHARDWAJ, V. (2014). QTL analysis of late blight resistance in a diploid potato family of *Solanum spegazzinii* x *S. chacoense*. *Potato Research*, 57(1), 1–11. <https://doi.org/10.1007/s11540-014-9249-1>

CHAMPOURET, N. (2010). Functional genomics of *Phytophthora infestans* effectors and *Solanum* resistance genes. Doctoral dissertation. Wageningen University.

Chen, X., Lewandowska, D., Armstrong, M. R., Baker, K., Lim, T. Y., Bayer, M., Harrower, B., McLean, K., Jupe, F., Witek, K., Lees, A. K., Jones, J. D., Bryan, G. L., & Hein, I. (2018). Identification and rapid mapping of a gene conferring broad-spectrum late blight resistance in the diploid potato species *Solanum verrucosum* through DNA capture technologies. *Theoretical and Applied Genetics*, 131(6), 1287–1297. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3078-6>

COLON, L. (1994). Resistance to *Phytophthora infestans* in *Solanum tuberosum* and wild *Solanum* species. Dissertation Agricultural University Wageningen, 1-159.

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 Science* 46, 589–594.

COSTANZO, S., SIMKO, I., CHRIST, B. J., & HAYNES, K. G. (2005). QTL analysis of late blight resistance in a diploid potato family of *Solanum phureja* x *S. Stenotomum*. *Theoretical and Applied Genetics*, 111(3), 609–617. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-2053-1>

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), 1–16, DOI: 10.1186/1471-2229-11-16.

DARSOW, U. (2008). Vorlaufzüchtung der Kartoffel auf quantitative Phytophthora-Resistenz im ILK Groß Lüsewitz in der Ressortforschung des BMELV. Stand der Forschung und Züchtung. *Mitteilungen aus dem Julius Kühn-Institut* 415, 1-128.

DOUCHES, D. S., KIRK, W. W., BERTRAM, M. A., COOMBS, J. J., & NIEMIRA, B. A. (2002). Foliar and tuber assessment of late blight (*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary) reaction in cultivated potato (*Solanum tuberosum* L.). *Potato Research*, 45(2), 215-224. <https://doi.org/10.1007/BF02736116>

El-Kharbotly, A., Leonards-Schippers, C., Huigen, D. J., Jacobsen, E., Pereira, A., Stiekema, W. J., Salamini, F., & Gebhardt, C. (1994). Segregation analysis and RFLP mapping of the R1 and R3 alleles conferring race-specific resistance to *Phytophthora infestans* in progeny of dihaploid potato parents. *MGG Molecular & General Genetics*, 242(6), 749–754. <https://doi.org/10.1007/BF00283432>

EWING, E. E., ŠIMKO, I., SMART, C. D., BONIERBALE, M. W., MIZUBUTI, E. S. G., MAY, G. D., & FRY, W. E. (2000). Genetic mapping from field tests of qualitative and quantitative resistance to *Phytophthora infestans* in a population derived from *Solanum tuberosum* and *Solanum berthaultii*. *Molecular Breeding*, 6(1), 25–36. <https://doi.org/10.1023/A:1009648408198>

FOSTER, S. J., PARK, T.-H., PEL, M., BRIGNETI, G., ŚLIWKA, J., JAGGER, L., VAN DER VOSSEN, E., & JONES, J. D. G. (2009). Rpi-vnt1.1, a tm-22 homolog from *Solanum venturii*, confers resistance to potato late blight. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 22(5), 589–600. <https://doi.org/10.1094/MPMI-22-5-0589>

FRY, W.E. (1978). Quantification of general resistance of potato cultivars and fungicide effects for integrated control of potato late blight. *Phytopathology* 68 (11), 1650-1655.

Ghislain, M., Byarugaba, A. A., Magembe, E., Njoroge, A., Rivera, C., Román, M. L., Tovar, J. C., Gamboa S., Forbes G. A., Kreuzer, J. F., Barekye, A., & Kiggundu, A. (2019). Stacking three late blight resistance genes from wild species directly into African highland potato varieties confers complete field resistance to local blight races. *Plant Biotechnology Journal*, 17(6), 1119-1129. <https://doi.org/10.1111/pbi.13042>

Ghislain, M., Trognitz, B., Del Herrera, M. R., Solis, J., Casallo, G., Vásquez, C., Hurtado, O., Castillo, R., Portal, R., & Orrillo, M. (2001). Genetic loci associated with field resistance to late blight in offspring of *Solanum phureja* and *S. tuberosum* grown under short-day conditions.

Theoretical and Applied Genetics, 103(2), 433–442. <https://doi.org/10.1007/s00122-001-0545-1>

Haesaert, G., Vossen, J. H., Custers, R., De Loose, M., Haverkort, A., Heremans, B., Hutton, B., Kessel, G., Landschoot, S., Droogenbroeck, B. van, Visser, R. G. F., & Gheysen, G. (2015). Transformation of the potato variety Desiree with single or multiple resistance genes increases resistance to late blight under field conditions. *Crop protection*, 77, 163-175. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2015.07.018>

HAVERKORT, A. J., STRUIK, P. C., VISSER, R. G. F., & JACOBSEN, E. J. P. R. (2009). Applied biotechnology to combat late blight in potato caused by *Phytophthora infestans*. *Potato Research*, 52(3), 249-264. <https://doi.org/10.1007/s11540-009-9136-3>

HAVERKORT, A.J., BOONEKAMP, P.M, HUTTEN, R., JACOBSEN, E., LOTZ, L.A.P., KESSEL, G.J.T., VOSSEN, J.H. & VISSER, R.G.F. (2016). Durable late blight resistance in potato through dynamic varieties obtained by cisgenesis: scientific and societal advances in the DuRPh project. *Potato Research* 59, 35–66.

HUANG, S. (2005). Discovery and characterization of the major late blight resistance complex in potato. Doctoral dissertation. Wageningen University.

Huang, S., van der Vossen, E.A.G., Kuang, H., Vleeshouwers, V.G.A.A., Zhang, N., Borm, T.J.A., van Eck, H.J., Baker, B., Jacobsen, E. & Visser, R.G.F. (2005). Comparative genomics enabled the isolation of the R3a late blight resistance gene in potato. *The Plant Journal* 42, 251–261.

JACOBS, M. M. J., VOSMAN, B., VLEESHOUWERS, V. G. A. A., VISSER, R. G. F., HENKEN, B., & VAN DEN BERG, R. G. (2010). A novel approach to locate *Phytophthora infestans* resistance genes on the potato genetic map. *Theoretical and Applied Genetics*, 120(4), 785–796. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1199-7>

Jiang, R., Li, J., Tian, Z., Du, J., Armstrong, M., Baker, K., Lim, J. T.-Y., Vossen, J. H., He, Portal, L., Zhou, J., Bonierbale, M., Hein, I., Lindqvist-Kreuzer, H., & Xie, C. (2018). Potato late blight field resistance from QTL dPI09c is conferred by the NB-LRR gene R8. *Journal of experimental botany*, 69(7), 1545-1555. <https://doi.org/10.1093/jxb/ery021>

JO, K.-R., ARENS, M., KIM, T.-J., JONGSMA, M. A., VISSER, R. G. F., JACOBSEN, E., & VOSSEN, J. H. (2011). Mapping of the *S. demissum* late blight resistance gene R8 to a new locus on chromosome IX. *Theoretical and Applied Genetics*, 123(8), 1331–1340. <https://doi.org/10.1007/s00122-011-1670-0>

JO, K.-R., VISSER, R. G., JACOBSEN, E., & VOSSEN, J. H. (2015). Characterisation of the late blight resistance in potato differential MaR9 reveals a qualitative resistance gene, R9a, residing in a cluster of Tm-22 homologs on chromosome IX. *Theoretical and Applied Genetics*, 128(5), 931–941. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2480-6>

JONES, J., FOSTER, S., CHU, Z., PARK, T.-H., VAN DER VOSSEN, E., PEL, M., & VISSER, R. (2009). Late blight resistance genes and methods. International application published under the patent cooperation treaty (PCT).

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. (2012) Broad spectrum late blight resistance in potato differential set plants MaR8 and MaR9 is conferred by multiple stacked R genes. *Theoretical and Applied Genetics* 124, 923–935.

KNAPP, S. J., & BRIDGES, W. C. (1987). Confidence interval estimators for heritability for several mating and experiment designs. *Theoretical and Applied Genetics*, 73(5), 759-763. <https://doi.org/10.1007/BF00260787>

LIN, X., ARMSTRONG, M., BAKER, K., WOUTERS, D., VISSER, R. G. F., WOLTERS, P. J., HEIN, I., & VLEESHOUWERS, V. G. A. A. (2020). RLP/K enrichment sequencing; a novel method to identify receptor-like protein (RLP) and receptor-like kinase (RLK) genes. *New Phytologist*, 227(4), 1264–1276. <https://doi.org/10.1111/nph.16608>

LINDQVIST-KREUZE, H., GASTELO, M., PEREZ, W., FORBES, G. A., DE KOEYER, D., & BONIERBALE, M. (2014). Phenotypic stability and genome-wide association study of late blight resistance in potato genotypes adapted to the tropical highlands. *Phytopathology*, 104(6), 624-633. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-10-13-0270-R>

Lokossou, A.A., Rietman, H., Wang, M., Krenek, P., van der Schoot, H., Henken, B., Hoekstra, R., Vleeshouwers, V.G.A.A., van der Vossen, E.A.G., Visser, R.G.F., Jacobsen, E. & Vosman, B. (2010). Diversity, distribution, and evolution of *Solanum bulbocastanum* late blight resistance genes. *Molecular Plant-Microbe Interactions Journal* 23, 1206–1216.

MAYTON, H., GRIFFITHS, H., SIMKO, I., CHENG, S., LORENZEN, J., DE JONG, W., & FRY, W. E. (2010). Foliar and tuber late blight resistance in a *Solanum tuberosum* breeding population. *Plant breeding*, 129(2), 197-201. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2009.01671.x>

MEADE, F., HUTTEN, R., WAGENER, S., PRIGGE, V., DALTON, E., KIRK, H. G., GRIFFIN, D., & MILBOURNE, D. (2020). Detection of novel QTLs for late blight resistance derived from the wild potato species *Solanum microdontum* and *Solanum pampasense*. *Genes*, 11(7), 1–18. <https://doi.org/10.3390/genes11070732>

OEPP/EPPO (2021) PP 1/002(5) *Phytophthora infestans* on potato. Bulletin OEPP/EPPO Bulletin 51, 79–82.

PEARSON, K. (1948). *Early Statistical Papers*. Cambridge, England, University Press.

PLATT, H. W., & TAI, G. (1998). Relationship between resistance to late blight in potato foliage and tubers of cultivars and breeding selections with different resistance levels. *American Journal of Potato Research*, 75(4), 173-178. <https://doi.org/10.1007/BF02853569>

RAKOSY-TICAN, E., THIEME, R., KÖNIG, J., NACHTIGALL, M., HAMMANN, T., DENES, T.E., KRUPPA, K., & MOLNÁR-LÁNG, M. (2020). Introgression of two broadspectrum late blight resistance genes, Rpi-Blb1 and Rpi-Blb3, from *Solanum bulbocastanum* Dun plus race-specific R genes into potato prebreeding lines. *Frontiers in Plant Science* 11, 699.

RIETMAN, H. (2011). *Putting the Phytophthora infestans Genome Sequence at Work; Identification of many new R and Avr Genes in Solanum* (PhD thesis), Wageningen University, Wageningen, The Netherlands.

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. (2012). Qualitative and quantitative late blight resistance in the potato cultivar Sarpo Mira is determined by the perception of five distinct RXLR effectors. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 25(7), 910–919. <https://doi.org/10.1094/MPMI-01-12-0010-R>

ROGOZINA, E.V., BEKETOVA, M.P., MURATOVA, O.A., KUZNETSOVA, M.A. & KHAVKIN, E.E. (2021). Stacking resistance genes in multiparental interspecific potato hybrids to anticipate late blight outbreaks. *Agronomy* 11, 1–31.

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. *The Plant Genome*, 9(2), 1-10. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2015.08.0073>

SAITOU, N., NEI, M. (1987). The neighbour-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406-425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>

SCHLIEP, K., PARADIS, E., DE OLIVEIRA MARTINS, L., POTTS, A., WHITE, T. W., STACHNISS, C., & KENDALL, M. (2019). Package 'phangorn'. Available at <https://cran.r-project.org/web/packages/phangorn/phangorn.pdf> , accessed 02/20 2023.

ŚLIWKA, J., JAKUCZUN, H., LEBECKA, R., MARCZEWSKI, W., GEBHARDT, C. & ZIMNOCH-GUZOWSKA, E. (2006). The novel, major locus Rpi-phu1 for late blight resistance maps to potato

chromosome IX and is not correlated with long vegetation period. *Theoretical and Applied Genetics* 113, 685–695.

SMILDE, W. D., BRIGNETI, G., JAGGER, L., PERKINS, S., & JONES, J. D. G. (2005). *Solanum mochiquense* chromosome IX carries a novel late blight resistance gene Rpi-moc1. *Theoretical and Applied Genetics*, 110(2), 252–258. <https://doi.org/10.1007/s00122-004-1820-8>

SØRENSEN, K. K., MADSEN, M. H., KIRK, H. G., MADSEN, D. K., & TORP, A. M. (2006). Linkage and quantitative trait locus mapping of foliage late blight resistance in the wild species *Solanum vernei*. *Plant Breeding*, 125(3), 268–276. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2006.01219.x>

STEFAŃCZYK, E., PLICH, J., JANISZEWSKA, M., SMYDA-DAJMUND, P., SOBKOWIAK, S. & ŚLIWKA, J. (2020). Marker-assisted pyramiding of potato late blight resistance genes Rpi-rzc1 and Rpi-phu1 on di- and tetraploid levels. *Molecular Breeding* 40, 1–12.

STEWART, H.E., BRADSHAW, J.E. & PANDE, B. (2003). The effect of the presence of R-genes for resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) of potato (*Solanum tuberosum*) on the underlying level of field resistance. *Plant Pathology* 52, 193–198.

TOMCZYŃSKA, I., STEFAŃCZYK, E., CHMIELARZ, M., KARASIEWICZ, B., KAMIŃSKI, P., JONES, J. D., LEES, A. K., & ŚLIWKA, J. (2014). A locus conferring effective late blight resistance in potato cultivar Sárpo Mira maps to chromosome XI. *Theoretical and applied genetics*, 127(3), 647–657. <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2248-9>

TROGNITZ, B.R. & TROGNITZ, F.C. (2007). Occurrence of the R1 allele conferring resistance to late blight in potato R-gene differentials and commercial cultivars. *Plant Pathology* 56, 150 – 155. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2006.01489.x>

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*). *Journal für Kulturpflanzen – Journal of Cultivated Plants* 61 (3), 77–81.

UTZ, H.F. (2011). PLABSTAT, Computerprogramm zur statistischen Analyse von pflanzenzüchterischen Experimenten, Version 3A 14. Juni 2011. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim.

van der Vossen, E., Sikkema, A., Hekkert, B. T. L., Gros, J., Stevens, P., Muskens, M., Wouters, D., Pereira, A., Stiekema, W., & Allefs, S. (2003). An ancient R gene from the wild potato species *Solanum bulbocastanum* confers broad-spectrum resistance to *Phytophthora infestans* in cultivated potato and tomato. *Plant Journal*, 36(6), 867–882. <https://doi.org/10.1046/j.1365-313X.2003.01934.x>

VERZAUX, E. C. (2010). Resistance and susceptibility to late blight in *Solanum*: Gene mapping, cloning and stacking. Doctoral dissertation. Wageningen University.

Verzaux, E., Budding, D., de Vetten, N., Niks, R. E., Vleeshouwers, V. G. A. A., van der Vossen, E. A. G., Jacobsen, E., & Visser, R. G. F. (2011). High resolution mapping of a novel late blight resistance gene Rpi-avl1, from the wild Bolivian species *Solanum avilesii*. *American Journal of Potato Research*, 88(6), 511–519. <https://doi.org/10.1007/s12230-011-9218-z>

VILLAMON, F. G., SPOONER, D. M., ORRILLO, M., MIHOVILOVICH, E., PÉREZ, W., & BONIERBALE, M. (2005). Late blight resistance linkages in a novel cross of the wild potato species *Solanum paucissectum* (series *Piurana*). *Theoretical and Applied Genetics*, 111(6), 1201–1214. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-0053-9>

Vleeshouwers, V. G., Raffaele, S., Vossen, J. H., Champouret, N., Oliva, R., Segretin, M. E., Rietman H., Cano, L. M., Lokossou, A., Kessel, G., Pel, M. A., & Kamoun, S. (2011). Understanding and exploiting late blight resistance in the age of effectors. *Annual Review of Phytopathology*, 49, 507-531. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-072910-095326n>

VOSSEN, J. H., VAN ARKEL, G., BERGERVOET, M., JO, K. R., JACOBSEN, E., & VISSER, R. G. (2016). The *Solanum demissum* R8 late blight resistance gene is an Sw-5 homologue that has been deployed worldwide in late blight resistant varieties. *Theoretical and Applied Genetics*, 129(9), 1785-1796. <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2740-0>

WANG, M., ALLEFS, S., VAN DEN BERG, R.G., VLEESHOUWERS, V.G.A.A., VAN DER VOSSEN, E.A.G. & VOSMAN, B. (2008). Allele mining in *Solanum*: conserved homologues of Rpi-blb1 are identified in *Solanum stoloniferum*. *Theoretical and Applied Genetics* 116, 933–943.

WICKRAMASINGHE, W.M.D.K., QU, X.S., COSTANZO, S., HAYNES, K.G. & CHRIST, B.J. (2009). Development of PCR-based markers linked to quantitative resistance to late blight in a diploid hybrid potato population of *Solanum phureja* × *S. stenotomum*. *American Journal of Potato Research* 86, 188–195.

ZHANG, C., LIU, L., WANG, X., *et al.* (2014). The Ph-3 gene from *Solanum pimpinellifolium* encodes CC-NBS-LRR protein conferring resistance to *Phytophthora infestans*. *Theoretical and Applied Genetics* 127(6), 1353–1364. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2303-1>

ZHU, S., LI, Y., VOSSEN, J.H., VISSER, R.G.F. & JACOBSEN, E. (2012). Functional stacking of three resistance genes against *Phytophthora infestans* in potato. *Transgenic Research* 21, 89–99.

THE POTATO GENOME SEQUENCING CONSORTIUM (2011). Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature* 475, 189–195. <https://doi.org/10.1038/nature10158>

10 Übersicht über alle im Berichtszeitraum vom Projektnehmer realisierten Veröffentlichungen zum Projekt (Printmedien, Newsletter usw.), bisherige und geplante Aktivitäten zur Verbreitung der Ergebnisse

10.1 Veröffentlichungen

Blossei, J., Sprengel, M. & Hammann T. (2020). Pre-breeding bei der Kartoffel (*Solanum tuberosum*) zur Verbesserung der Resistenz gegen *Phytophthora infestans* Pre-breeding of potato (*Solanum tuberosum*) to improve resistance against *Phytophthora infestans*. Journal für Kulturpflanzen 72, 577–585. <https://doi.org/10.5073/JfK.2020.12.03>

Blossei, J., Uptmoor, R., Thieme, R., Nachtigall M. & Hammann T. (2021). Insights into the genetic basis of the pre-breeding potato clones developed at the Julius Kühn Institute for high and durable late blight resistance. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization 1–4. <https://doi.org/10.1017/S1479262121000447>

Blossei, J., Gäbelein, R., Hammann, T. & Uptmoor, R. (2022). Late blight resistance in wild potato species—Resources for future potato (*Solanum tuberosum*) breeding. Plant Breeding, 1–18. <https://doi.org/10.1111/pbr.13023>

Blossei, J., Gäbelein, R. Uptmoor, R. & Hammann, T. (2023). Superior resistance to *Phytophthora infestans* in new pre-breeding clones under different nitrogen fertilisation regimes used in organic agriculture. Biological Agriculture & Horticulture, 1-9. <https://doi.org/10.10.8001448765.2023.2265895>

Blossei J., Gäbelein R., Hammann T., Kirchgesser J., & Uptmoor R. (2024). Genome-wide association study of resistance to late blight based on Julius Kühn-Institute pre-breeding potato clones. Theoretical and Applied Genetics (eingereicht).

10.2 Poster

Blossei J., Hammann T. & Uptmoor R. (2021). Einfluss einer reduzierten organischen Stickstoffdüngung auf Qualitätseigenschaften der Kartoffel für den ökologischen Landbau 63. Tagung Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften e.V., Rostock

Blossei J. & Hammann T. (2021). Genome-wide association study of resistance to late blight based on JKI pre-breeding potato clones (*Solanum tuberosum*). Young Scientists Meeting - Conference, Quedlinburg

Blossei J. & Hammann T. (2022). Influence of Nitrogen Supply on the Susceptibility of Potato Germplasm to *Phytophthora infestans* in Organic Farming. 21st Triennial Conference European Association of Potato Research, Krakow Poland (Poster).

Hammann T. & Blossei J. (2024). Superior resistance to late blight in novel breeding clones – a helpful source for sustainable potato production (*Solanum tuberosum*). 22st Triennial Conference European Association of Potato Research, Oslo Norway.

10.3 Vorträge

Blossei J. & Hammann T. (2021). Das Projekt 'EffiKar' - Arbeiten zur Züchtung und Selektion nährstoffeffizienter und *Phytophthora* resistenter Kartoffeln - Teilprojekt des JKI, Schwerpunkt *Phytophthora* Resistenz. Wintertagung der GPZ-Arbeitsgemeinschaft Kartoffelzüchtung und Pflanzgutproduktion und der Georg-August-Universität Göttingen (Vortrag)

Hammann T. & Blossei J. (2022). Pre-Breeding for Late-Blight Resistance – A way for a environmentally save potato production by using Interspecific Crosses. 21st Triennial Conference European Association of Potato Research, Krakow Poland (Vortrag).

Teil IV: Teilbericht des IPK

3 Material und Methoden

40 im Wesentlichen aus dem „Ökokartoffel“-Projekt stammende Ökostämme (*Tabelle 20*), eine an Hand von SSR-Daten ausgewählte und 225 Genotypen umfassende IPK-Kartoffel-Kernsammlung (Tab. 2) sowie zweimal zehn Vergleichssorten (keine Auflistung, da z.T. aktuelles Zuchtmaterial) wurden im Projektrahmen phänotypisch hinsichtlich der N- und P-Effizienz und damit der Toleranz gegenüber abiotischen Stressfaktoren untersucht, um so ein weiteres Selektionskriterium zu schaffen. Zusätzlich erfolgte eine teilweise Erfassung der Resistenz gegenüber dem Kraut- und Knollenfäule-Erreger *Phytophthora infestans*.

Tabelle 20: Untersuchte Ökostämme

Code	Genotyp	Code	Genotyp
E_01	12.1022/04-2	E_28	LFL_ND17_16397/09-1
E_03	131031/01-1	E_30	LL_15703/06-2
E_04	131051/03-2	E_35	LL_15976/03-2
E_07	14.1022/07-2	E_36	GL_LL17_16.1061/01HC-2
E_09	14442/06-2	E_37	GL_LL17_16.1087/01-2
E_10	14547/04-1	E_38	GL_LL17_16.1089/01-2
E_12	LFL_FS17_16184/07-1	E_40	14.1081/01-2
E_14	LFL_LL17_15176/01-2	E_43	ND_15.1038/01-2
E_15	LFL_LL_17_15176/05-1	E_45	14.1026/01-1
E_16	LFL-LL17_15207/01-1	E_46	14.1077/02-1
E_17	LFL_LL17_16650/16-2	E_51	11.1025/01-2
E_18	LFL_LL17_16742/01-2	E_53	14509/03
E_19	LFL-ND17_16177/02-2	E_54	GL_LL17_16.1056/02HC
E_20	LFL_ND17_16184/05-1	E_55	GL_LL17_16.1032/03-1
E_21	LFL_ND17_16186/02-2	E_57	LfL_FS17_16588/03-1
E_22	LFL_ND17_16186/03-2	E_58	LfL_LL17_15954/01HE
E_23	LFL_ND17_16259/02-1	E_59	LfL_LL17_15956/01-1
E_24	LFL_ND17_16259/03Yes-2	E_63	LfL_ND17_16376/05
E_25	LFL_ND17_16282/01-2	E_64	LfL_Si17_16190/02
E_26	LFL_ND17_16282/07-2	E_65	LfL_Si17_16363/01

Tabelle 21: Im Rahmen von EffiKar analysierte GLKS-Akzessionen

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
10009	Paulsens Juli	DEU	1891	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10014	Sieglinde	DEU	1935	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10023	A 84	FRA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10042	Scala	DEU	1983	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10078	Pokra	SUN		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10082	Prominent	NLD	1968	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10094	Rot-Gelbe Rolle	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10098	Sarka (1939)	CZE	1939	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10101	Viking	USA	1963	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10138	Rieke	DEU	1962	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10150	Smena	SUN	1970	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10158	Redsen	USA	1983	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10262	Elvis	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10321	Seminole	USA	1969	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10356	Saphir	DEU	1960	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10389	Concurrent	NLD	1985	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10409	Naroch	BLR	1986	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10415	Sangar	SUN	1958	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10460	Tellus	NLD	1966	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10470	Kroto	NLD	1970	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
10471	Meerlander	NLD	1947	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10472	Monitor	NLD	1970	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10483	Kardula	DEU	1967	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10502	Inka	DEU	1959	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10533	Fabricia	DEU	1957	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10535	Herkula	DEU	1954	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10570	Multa	NLD	1964	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10585	Robusta (1941)	DEU	1941	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10592	Voran	DEU	1931	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10623	Humalda	NLD	1965	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10633	Prelanda	NLD	1969	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10634	Tanja (1967)	NLD	1967	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10649	Carina	NLD	1971	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10650	Civa	NLD	1961	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10659	Sommerkrone	DEU	1947	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10671	Amelio	NLD	1965	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10724	Marygold	USA	1949	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10731	Di Vernon	GBR	1922	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10736	Magneto (1958)	NLD	1958	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10789	Krepysh	UKR	1950	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10793	Punktukas	SUN	1954	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
10884	Cleopatra	NLD	1980	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10886	Smile	GBR		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10913	Karla	DEU	1989	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10917	Tewadi	DEU	1989	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10920	Lipsi	DEU	1984	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10947	Irys	POL	1974	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
10962	Nussige	AUT		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11011	Judith	BEL	1983	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11063	MPI 58.16/14	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11139	MPI 73.793/248 D	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11173	MPI 82.66/15	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11183	MPI 84.119/15	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11220	Astoria	DEU	1997	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11246	Amigo	NLD	1969	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11268	Artana	NLD	1990	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11301	Berolina	DEU	1977	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11317	Brda (1966)	POL	1966	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11359	Conny (1965)	AUT	1965	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11429	Essex	USA	1947	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11470	Gloria (1972)	DEU	1972	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11472	Gondüzö	HUN	1927	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
11512	Inga	SWE		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11537	Junior	NLD	1990	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11567	Kolva	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11586	Lajana	DEU	1982	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11651	Melo	DEU	1988	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11670	Munthe	DEU	1974	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11694	Octavia (1970)	DNK	1970	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11723	Paterson's Victoria	GBR	1863	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11726	Pentland Beauty	GBR	1955	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11744	Planet	DEU	1955	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11754	Powirowets	RUS	1975	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11793	Rikea	DEU	1984	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11812	Roxy	DEU	1981	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11835	Sasanka	POL	1978	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11865	Solara	DEU	1989	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11953	Victor	ESP	1954	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
11956	Vita	LVA	1973	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12043	Blue Belle	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12090	P 95/124	UZB		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12119	Reine Laure	FRA	1976	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12134	Klawina	NLD	1976	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
12140	Bravo	NLD	1900	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12208	Skirza	GBR	1986	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12212	Albina (1991)	SVK	1991	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12225	Melissa	FRA	1988	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12229	Juliette	FRA	1997	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12240	Läti kollane	LVA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12249	Bockhorn	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12268	Newfoundland Purple	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12292	Povin	UKR		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12307	Blue Kestrel	GBR		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12308	Highland Burgundy Red	GBR		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12313	Neustädter Kartoffel	DEU	<1977	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12317	Vitelotte	FRA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12361	Karakter	NLD	1995	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12362	Kardent	NLD	1995	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12364	Sempra	DEU	1997	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12378	Aziza	NLD	1991	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12389	Drayton	GBR	1976	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12411	MPI 65.459/7	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12416	MPI H87.2006/01	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12421	MPI H87.2006/30	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
12438	Penobscot	USA	1963	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12440	Prumex	NLD	1971	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12445	Rapido	NLD	1994	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12456	Satelliet	NLD	1978	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12466	Vebebe	NLD	1994	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12495	Calgary	NLD	1990	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12527	Berlikumer Geeltje	NLD	<1890	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12538	Beluga	DEU	2000	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12580	Jam	NLD	<1850	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12663	Freya	DEU	1998	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12671	Ricarda (1998)	DEU	1998	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12675	Shetland Black (Ellenb.)	GBR	1922	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12697	LBR-10	USA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12706	LBR-24	USA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12712	LBR-34	USA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12716	LBR-40	USA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12718	LBR-46	USA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12726	Herbie 26	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12736	Ravjar Islandskar	ISL		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12739	Bla Mandel	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12770	MPI H98D/05	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
12782	Juliane	DEU	1999	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
12783	Novara	DEU	1998	S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
16053	CIP MS-IC.2	USA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
16077	CIP P-55.7	PER?GBR		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
16203	Amapola	USA		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
16423	R2	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
16476	R1 R2	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
17001	6.016 014-91N	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
17003	6.002-91N	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
17006	6.177 005-92	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
17012	90.275/7	CZE		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
17013	A1/104	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
17505	H80.696/4 (P40)	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
17508	H82.2032/1 (P50)	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
17512	T710	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
18071	DEU R?/P071 GL-VI- 84.6225.21	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
18074	DEU R?/P074 GL-VI- 84.6225.53	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
18075	DEU R?/P075 GL-VI- 83.6098.27	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
18084	DEU R?/P084 GL-VI- 86.9486.797	DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
18087	DEU R?/P087 86.9475.29	GL-VI- DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
18089	DEU R?/P089 86.9481.109	GL-VI- DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
18095	DEU R?/P095 86.9489.277	GL-VI- DEU		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
18106	3053-18	GBR		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
18116	Phyt.testsort. R05/P116	NLD NLD		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
20001	Fina de Peru	ESP			TUBK
20007	Rote Hörner	CHL			TUBK
20011	Mayan Gold	GBR	2001	<i>S. phureja</i> subsp. <i>phureja</i> Juz. & Bukasov	TUBK
20015	Mayan Queen	GBR	2008	<i>S. phureja</i> subsp. <i>phureja</i> Juz. & Bukasov	TUBK
20387	Kufri Sharti	IND			TUBK
21066		CHL		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
21131		CHL		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
21219	CIP ASN-69-1	PER			TUBK
21424	Chapaquina_GLKS02	CHL		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
21496		UN*		<i>S. phureja</i> subsp. <i>phureja</i> Juz. & Bukasov	TUBK
22042	Papa Colorada	ESP			TUBK
22311	Papa Negra 2	ESP			TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
22333	UACH 0918	CHL			TUBK
22336	Camota (UACH 1134)	CHL			TUBK
22341	UACH 1498	CHL			TUBK
22344	UACH 0061	CHL			TUBK
22723	Yuguima	PER			TUBK
22724	Amarilla	CRI			TUBK
22730	Camusa	VEN			TUBK
22731	Runa Bola	ARG			TUBK
22740	Ica Purace	COL			TUBK
22935	Cajico_GLKS01	COL		S. tuberosum subsp. andigena Hawkes	TUBK
22964	Huagalina_GLKS01	PER		S. tuberosum subsp. andigena Hawkes	TUBK
24001		ARG		S. berthaultii Hawkes	TUBW
24516	KOSY-28_08	BOL		S. x <i>ajanhuiri</i> Juz. et Bukasov	TUBK
24518	KOSY-29_08	BOL		S. x <i>ajanhuiri</i> Juz. et Bukasov	TUBK
24535	KOSY-57_02	PER		S. tuberosum subsp. andigena Hawkes	TUBK
24993		UN*		S. tuberosum subsp. andigena Hawkes	TUBK
25532	Mallku	PER			TUBK
25536	Phopoya	PER			TUBK
26019	T.Condemayta	PER			TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
26032	Capiro	COL			TUBK
26120	CIP R-128.6	PER			TUBK
26171	Sipancachi	BOL		<i>S. tuberosum</i> subsp. <i>andigena</i> Hawkes	TUBK
26177	Puka Quitish	PER		<i>S. tuberosum</i> subsp. <i>andigena</i> Hawkes	TUBK
26184	CIP LT-7	PER			TUBK
26225	Zapallo	BOL		<i>S. stenotomum</i> subsp. <i>goniocalyx</i> (Juz. & Bukasov) Hawkes	TUBK
26227	Alka Pinu	BOL		<i>S. phureja</i> subsp. <i>phureja</i> Juz. & Bukasov	TUBK
26293	Llameina Blanca	PER		<i>S. stenotomum</i> subsp. <i>stenotomum</i> Juz. & Bukasov	TUBK
26305	Yana Sucre	PER		<i>S. stenotomum</i> subsp. <i>stenotomum</i> Juz. & Bukasov	TUBK
26325	Runa	BOL		<i>S. tuberosum</i> subsp. <i>andigena</i> Hawkes	TUBK
26363	Azul soncco	PER		<i>S. stenotomum</i> subsp. <i>stenotomum</i> Juz. & Bukasov	TUBK
26415	CIP 8201.19	RWA			TUBK
26433		PER		<i>S. tuberosum</i> subsp. <i>andigena</i> Hawkes	TUBK
26441	Chaucha Ratona	COL		<i>S. phureja</i> subsp. <i>phureja</i> Juz. & Bukasov	TUBK
26450	CIP 378667.4	PER			TUBK
26456	CIP TS-5	PER			TUBK

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
26474	Bograí Lal	BGD			TUBK
26481	CIP 284301.4	PER			TUBK
26517	BGRC 18.302-155	UN*			TUBK
26521	BGRC 18.570-265	UN*			TUBK
26537	Ona Inia	CHL			TUBK
26545	CIP 285307.21	PER			TUBK
26562	CIP 88.5	PER			TUBK
26565	CIP 385080.9	PER			TUBK
27002	Ba+crc41	UN*		S. somatic hybrid	TKxC
27008	GL14+blb8-16	UN*		S. somatic hybrid	TKxB
27014	PD53+chq 2	UN*		S. somatic hybrid	TUBK
27023	V3.30+blbCIP 4	UN*		S. somatic hybrid	TKxB
27044	B2 (B1)	UN*		S. tuberosum subsp. tuberosum L.	TUBK
27055	Ni90-10	NLD		S. sexual hybrid	TKxN
37004		VEN		S. subpanduratum Ochoa	CON
37009		GTM		<i>S. morelliforme</i> Bitter & Muench	MOR
37012		PER		<i>S. pascoense</i> Ochoa	PIU
37014		COL		<i>S. tuquerrense</i> Hawkes	PIU
38002	blb8	UN*		<i>S. bulbocastanum</i> Dunal subsp. <i>bulbocastanum</i>	BUL
38003	cap CIP	UN*		<i>S. capsicibaccatum</i> Cardenas	CIR

GLKS	(Sorten-)Name	Ursprungs- land	Zulassung Jahr	Art	Serie
38101	KOSY-05_04	COL		S. colombianum Dunal	CON
38108	KOSY-19_08	ARG		S. <i>maglia</i> Schltdl.	MGL
38115	KOSY-23_14	MEX		S. trifidum Correll	PIN
38123	KOSY-35_08	ARG		S. <i>spgazzinii</i> Bitter	TUBW
38126	KOSY-38_03	ARG		S. <i>spgazzinii</i> Bitter	TUBW
38128	KOSY-44_01	BOL		S. <i>sparsipilum</i> (Bitter) Juz. & Bukasov	TUBW
38131	KOSY-45_07	PER		S. <i>sparsipilum</i> (Bitter) Juz. & Bukasov	TUBW
38133	KOSY-79_03	ARG		S. <i>vernei</i> subsp. <i>vernei</i> Bitter & Wittm.	TUBW
38141	QP217B_GT1	ARG		S. chacoense Bitter	YNG

3.1 Vergleich von Kultursystemen zur Erfassung der Nährstoffeffizienz

Zur Erfassung der Nährstoffeffizienz wurden im Effikar-Projekt zunächst drei Kartoffel-Kultursysteme bezüglich der Gleichwertigkeit der darin erzielten Ergebnisse zur N-Effizienz miteinander verglichen. Hierfür wurden zehn Standardsorten in dreifacher Wiederholung im Hydroponik-Systemen im Gewächshaus (Liu et al. 2019), in 50ml-Glasgefäßen (Weckglas) im Klimaschrank (Schum & Jansen 2012) sowie in Gefäß-Versuchen mit Erde-Sandgemischen im Gewächshaus (Wacker et al. 2016) geprüft.

Die ausgewählten Standardsorten wurden *in vitro* vermehrt und auf Murashige & Skoog (1962) Medium (M&S) vorgezogen. Nach drei Wochen im Reagenzglas wurden sie in die drei Kultursysteme gepflanzt; dort wurden jeweils drei N-Düngestufen getestet.

Das hydroponische System wurde mit fünf Litern modifizierter Hoagland Lösung je Eimer befüllt. Vier In-Vitro-Pflänzchen wurden mit einer Schaumstoffmanschette in die vier Bohrungen eines Eimerdeckels so eingesetzt, dass sich ihre Wurzeln in der Nährlösung befanden. Die Standzeit in einer klimatisierten Gewächshaus-Kabine betrug angelehnt an Substratversuche im Projekt P-Stärke 28 Tage.

Die ersten Versuche im Weckglas-System erfolgten unter Benutzung von Hoagland-Lösung. Nach dem ersten Durchlauf der Vergleichsversuche erwies sich diese Nährlösung jedoch als wenig geeignet für derartige Versuche und wurde daher durch die im Vorprojekt PROKAR verwandte M&S-Nährlösung ersetzt; auch hier betrug die Standzeit vier Wochen.

Im Sandsubstrat erfolgte nach Auspflanzung in Viereck-Töpfe eine regelmäßige Bewässerung mit einer definierten Menge Nährlösung. Die Versuche wurden angelehnt an Vorversuche im Projekt P-Stärke durchgeführt und nach 28 Tagen Standzeit geerntet.

Bei allen drei Kultursystemen wurden nach vier Wochen Sprosse und Wurzeln je Einzelpflanze getrennt geerntet, frisch bzw. trocken gewogen, gemittelt und daraus das Wurzel-Spross-Verhältnis sowie der Stresstoleranz-Index (STI, Fernandez 1992) pro Genotyp ermittelt, welcher ein Maß für die Stressanfälligkeit bzw. -toleranz von Pflanzen darstellt. Schließlich wurden Sprosse und Wurzeln gemahlen und der N- bzw. P-Analytik zugeführt, um die Nährstoffaufnahme-Effizienz bestimmen zu können.

3.2 Beurteilung der N- und P-Effizienz

Für die EffiKar-Hauptversuche kam das Hydroponik-System zum Einsatz. Da hier allerdings schon nach 21 Tagen deutliche Unterschiede zwischen den Genotypen und den Düngegraden zu erkennen waren, wurde hier mit einer Standzeit von drei Wochen gearbeitet. Von den anfangs drei Düngegraden – 210 mg, 52,5 mg, 26,25 mg N pro Liter bei Stickstoff sowie 15 mg, 5 mg und 3 mg P pro Liter bei Phosphor – wurden wegen der besseren Differenzierung jeweils die höchste und die niedrigste Stufe verwendet. Pro Versuchsdurchgang wurden maximal 45 Genotypen in zweifacher Wiederholung sowie zehn Standardsorten phänotypisiert; insgesamt erfolgten fünf Durchgänge pro Nährstoff sowie ein jeweils abschließender Durchgang der jeweils besten bzw. schlechtesten Genotypen.

3.3 Untersuchungen *P.i.*-Anfälligkeit

Ausführungen zur Methodik der Testung auf Krautfäule-Reaktion finden sich unter 4.5 im Teilbericht des JKI.

3.4 Genotyping by Sequencing (GBS)

Zur Aufklärung der Wirkmechanismen der N- und P-Effizienz wurden begleitend zu den Phänotypisierungen Genotypisierungen des Pflanzenmaterials durchgeführt. Dies erfolgte mit Hilfe der GBS-Technologie (Elshire et al. 2011), die neben der Ermittlung der genetischen Diversität helfen konnte, neue Sequenzvarianten der an der N- und P-Aufnahme und –verwertung beteiligten Gene aufdecken.

Von allen am IPK phänotypisierten Genotypen wurden zunächst Blattproben genommen, gefriergetrocknet und deren DNA nach Doyle und Doyle (1990) extrahiert sowie auf eine einheitliche Konzentration von 20 ng/µl eingestellt.

Für die Bibliotheksvorbereitung wurden 200 ng genomische DNA verwendet und mit den beiden Restriktionsenzymen *Pst* I und *Msp* I geschnitten. Die Qualität der Daten aus der Illumina-Sequenzierung wurde mit FASTQC v.0.11.7 (Andrews, 2010) bewertet. Paired-End-Rohdaten von 200 Proben wurden mit der Casava-Pipeline 1.8 (Illumina) demultiplexiert, getrimmt und mit Cutadapt (Martin, 2011) innerhalb von Ipyrad Version 0.7.28 gefiltert (Eaton und Overcast, 2020) (<http://ipyrad.readthedocs.io/>), einer Toolbox für die Assemblierung und Analyse von Datensätzen auf der Grundlage der pyRAD-Pipeline (Eaton, 2014). Die Daten wurden durch Alignment der Sequenzen an das Kartoffel-Referenzgenom (SolTub_3.0). Die gefilterten Reads wurden innerhalb jeder Probe bei 90 %-Schwellenwerten geclustert. Cluster mit einer Mindesttiefe von weniger als fünf wurden aussortiert. Die Fehlerrate und die Heterozygotie wurden gemeinsam auf der Grundlage der Anzahl der Standortmuster in den geclusterten Reads für jede einzelne Probe geschätzt und die durchschnittlichen Parameterwerte wurden für das Consensus Base Calling verwendet. Die Konsensloci wurden dann bei 90 % Ähnlichkeit über die Proben hinweg geclustert und ausgerichtet. Der Datensatz wurde erneut nach Loci gefiltert, die Daten bei einer Mindestanzahl von 170 Proben pro Locus aufweisen müssen, damit dieser bei einer Höchstzahl von 20 % SNPs pro Locus im endgültigen Datensatz berücksichtigt wurde.

Um die genetische Zusammensetzung des Kartoffel-Sets zu untersuchen, wurden zwei verschiedene Ansätze angewandt, nämlich die Hauptkomponentenanalyse (PCA) und eine modellbasierte Bayes'sche Populationszuordnung mit dem R-Paket „LEA“ (Frichot und Francois, 2015). Die Populationszuordnung wurde für $K = 1$ bis 10 mit jeweils 10 Wiederholungen durchgeführt, wobei die Ploidie auf vier gesetzt wurde. Das optimale K wurde dann durch den niedrigsten Entropiewert bestimmt. Die mit LEA erhaltenen Q-Matrizen (für $K = 6$, $K = 10$), die die Häufigkeiten der Ahnenzuordnung enthalten, wurden mit dem R-Paket „tidyverse“ (Wickham et al., 2019) sortiert und mit ggplot2 (Wickham, 2016) dargestellt, wobei verschiedene Ahnencluster durch Farbcodierung unterschieden wurden. Das ggplot2-Paket wurde auch für das Plotten der PCA-Ergebnisse verwendet.

Im Anschluss waren genomweite Assoziationsstudien (GWAS) geplant, um Assoziationen zwischen genotypischen und phänotypischen Merkmalen ausfindig machen zu können.

4 Ausführliche Darstellung und Diskussion der Ergebnisse

4.1 Vergleich von Kultursystemen zur Erfassung der Nährstoffeffizienz

Der Vergleich von Substrat-, Weckglas- und Hydroponik-Versuchen als Kultivierungssystemen zur Phänotypisierung von N- und P-Effizienzen in Kartoffeln wurde Anfang 2021 anhand von zehn ausgewählten Vergleichssorten beendet.

Es zeigte sich, dass es im Weckglassystem keine Differenzierung bezüglich der bei den verschiedenen Nährstoffstufen erzeugten Biomasse gab (*Abbildung 55 rechts*). Insbesondere die Versuchsdurchführung im Klimaschrank erwies sich bei dem angestrebten Probenumfang und hinsichtlich des zu erreichenden Durchsatzes zusätzlich als zu ineffizient.

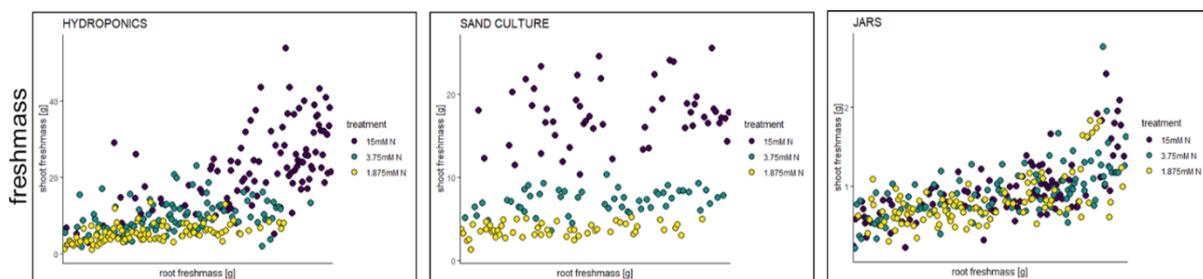


Abbildung 55: Erzeugte Spross- und Wurzelbiomasse bei der Erfassung der N-Effizienz in drei verschiedenen Kultursystemen (von links nach rechts Hydroponik-, Sand- und Weckglas-Kultur).

Aufgrund der besseren Differenzierung bezüglich Spross- und Wurzelbiomasse (*Abbildung 55 links vs. Mitte*) konnte sich das am IPK Gatersleben bereits für andere Kulturarten angewandte Hydroponik-System gegenüber den anderen beiden Systemen durchsetzen und überzeugte vor allem bezüglich seiner Effektivität. Hervorzuheben sind bei diesem System (Abb. 2) folgende Punkte: Der Aufbau des Systems ist unkompliziert und kann sehr schnell erfolgen. Die In-Vitro-Pflänzchen zeigen ein hervorragendes Anwuchsverhalten ohne weitere Akklimatisierung mittels Plastikhauben. Der gesamte Versuchsaufbau ist während der Standzeit sehr pflegeleicht und zeigt keine Anfälligkeit für Schadbefall, insbesondere Pilz- oder Bakterienbefall bzw. bodenbürtige Schaderreger. Im Vergleich zum In-Vitro-Weckglas-System bietet sich hier die Möglichkeit einer einfachen Erfassung von Chlorophyllgehalten sowie anderer Wachstumsparameter während der Versuchszeit.

Die Wurzelernte erwies sich im Gegensatz zum hydroponischen Sandsystem als sehr einfach und sauber, sodass sehr klare Wurzelscans durchgeführt werden konnten, wie in Abb. 3 zu sehen (das Scannen der Wurzeln wurde im Projekt jedoch nicht weiterverfolgt). Weiterhin sind die hohe Biomasseproduktion, die gute Wiederholbarkeit und der hohe Probendurchsatz auf kleinem Raum hervorzuheben.



Abbildung 56: Verschiedene Stadien eines Hydroponik-Versuchs zur Erfassung der P-Effizienz.



Abbildung 57: Wurzelscans einer Standardsorte bei niedriger (links) und hoher (rechts) P-Behandlungsstufe.

4.2 Ermittelte N- und P-Effizienzen

Nach Auswahl, Hochvermehrung sowie Testung auf Quarantäne-Schaderreger und Viren wurde im gesamten Projektverlauf die Nährstoff-Effizienz von 40 Ökostämmen, zweimal zehn Vergleichssorten (in vorherigen Studien als N- oder P-effizient oder -ineffizient identifiziert) sowie 225 GLKS-Genotypen erfasst.

Bei der Untersuchung der 40 Ökostämme und der Standards im Hydroponik-System zeigte sich bezüglich der Nährstoffnutzungseffizienzen eine große Variationsbreite (*Abbildung 58*); die Genotypen mit besonders hohem bzw. besonders niedrigem Stresstoleranz-Index bei der Stickstoff- bzw. Phosphornutzungseffizienz finden sich in *Tabelle 22* zu finden.

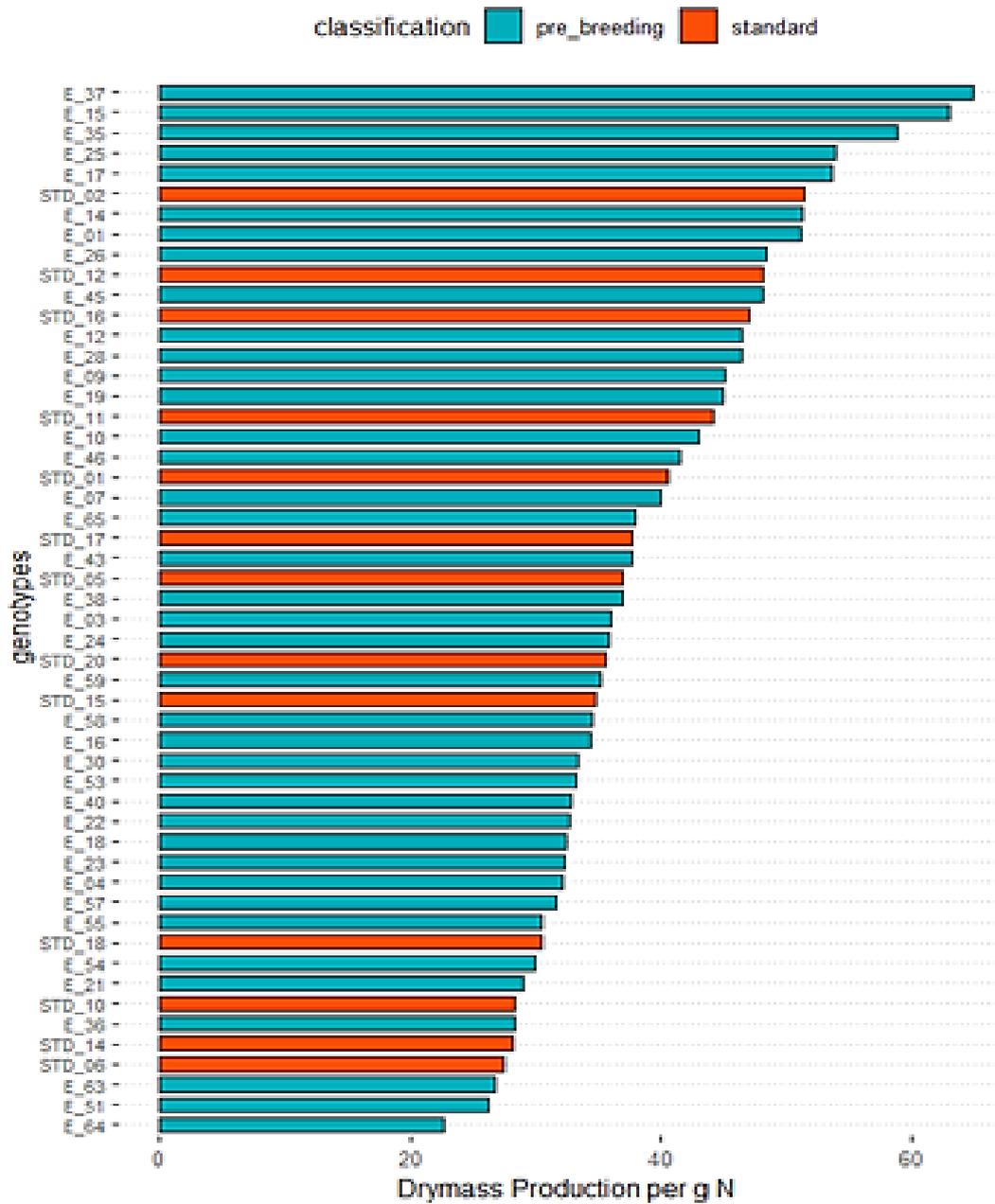


Abbildung 58: Stickstoffnutzungseffizienzen der Ökostämme und von Standardsorten.

Tabelle 22: Ermittelte Stresstoleranz-Indices der jeweils fünf besten bzw. schlechtesten Ökostämme; farbig hinterlegt zweimal in der Tabelle vorkommende Genotypen.

Ökotyp	STI	Ökotyp	STI
N+		P+	
E_21	1,087	E_17	1,417
E_23	0,999	E_54	1,349
E_01	0,901	E_57	1,208
E_37	0,897	E_03	1,208
E_26	0,885	E_12	1,180
E_51	0,462	E_24	0,363
E_63	0,323	E_55	0,360
E_19	0,320	E_30	0,321
E_55	0,282	E_23	0,317
E_18	0,106	E_20	0,200

Noch mehr Variation zeigte sich - wie auf Grund ihres diverseren genetischen Hintergrunds zu erwarten - bei der Untersuchung der 225 Akzessionen der GLKS-Kernsammlung. Daher soll im Folgenden ausführlicher auf die hier erzielten Ergebnisse eingegangen werden.

Die geografische Herkunft des GLKS-Materials ist in *Abbildung 59* dargestellt, dabei stammte der Großteil aus Mittel- und Westeuropa sowie aus Südamerika.

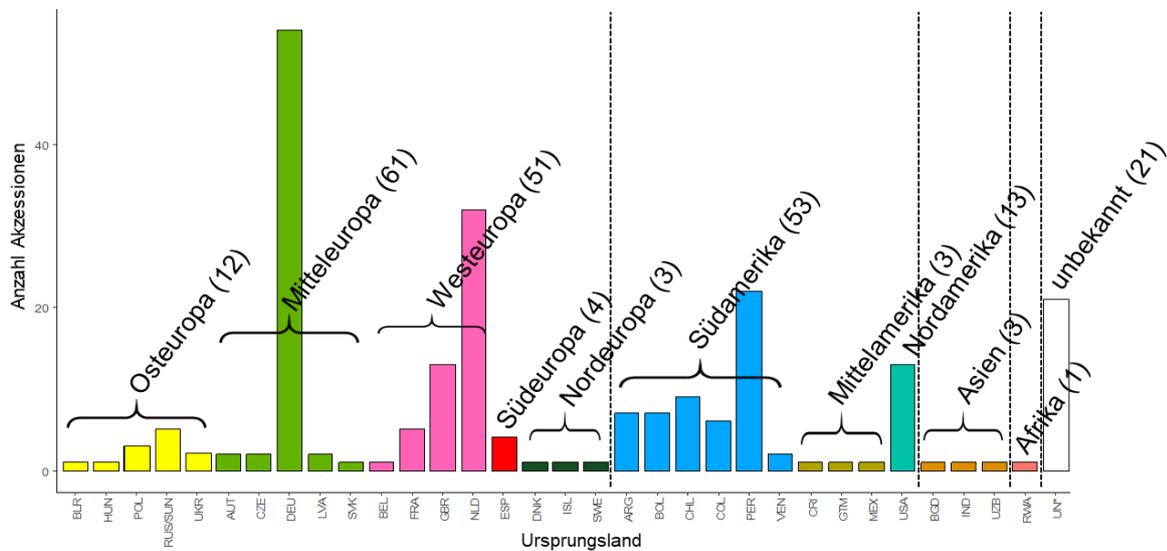


Abbildung 59: geografische Herkunft der 225 untersuchten Genbank-Akzessionen.

Bereits bezüglich der produzierten Spross-Frischmasse zeigte sich – je nach untersuchtem Kartoffel-Sortiment – eine unterschiedlich große Variation (Abbildung 60). Insbesondere bei N war das andine Kartoffel-Sortiment (AKS) sowohl bei hohen als auch bei niedrigen Nährstoffgaben am variabelsten, während Muster aus dem Wildkartoffel-Sortiment (WKS) bei beiden Nährstoffen am wenigsten produktiv waren; die Standards stellten einen reduzierten Auszug aus dem KKS dar.

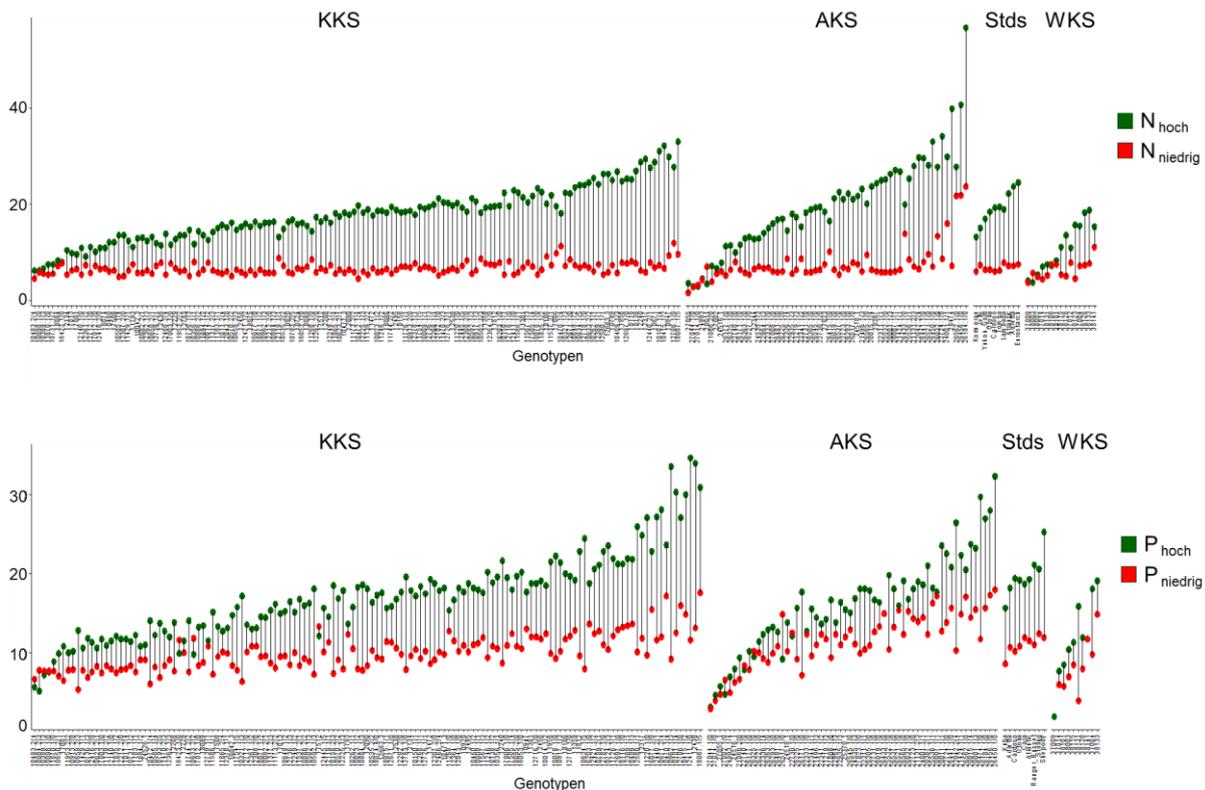


Abbildung 60: Frischgewicht der Sprosse der GLKS-Akzessionen bei hoher (grün) bzw. niedriger Nährstoffversorgung, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS) und Standard-Sorten; oben: N; unten: P.

Nach einer Trocknung sowohl des Spross- als auch des Wurzelmaterials zeigten sich bei den Sprossen dieselben Tendenzen wie bei der Spross-Frischmasse. Bezüglich des Wurzeltrockengewichts wurden bei beiden Nährstoffen die geringsten Werte für Akzessionen des KKS ermittelt, die Höchsten lagen wiederum im AKS. Die WKS-Genotypen sowie die Standards legen bei N im Mittelfeld, während es bei P das obere (Standards) bzw. das untere Mittelfeld (WKS) war. Dadurch fanden sich auch die geringsten Wurzel-Spross-Verhältnisse bei KKS-Mustern, während die Höchstwerte im KKS und AKS bestimmt wurden; WKS und Standards lagen erneut im Mittelfeld (*Abbildung 61*). Bezüglich der Biomassebildung unter niedrigen Nährstoffbedingungen

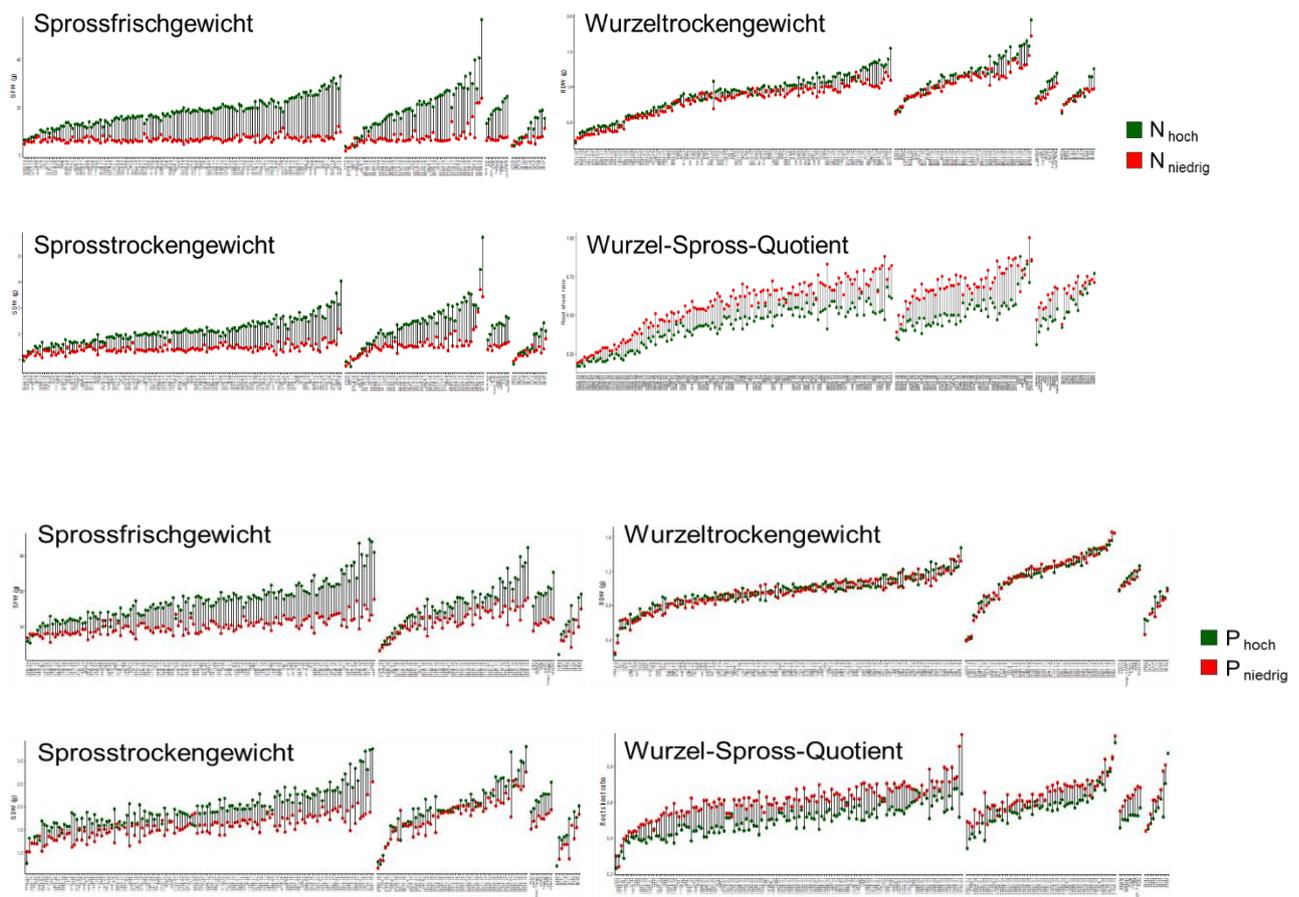


Abbildung 61: Frisch- (links oben) und Trockengewicht (links unten) der Sprosse, Trockengewicht der Wurzeln (rechts oben) sowie Wurzel-Spross-Verhältnis (rechts unten) der GLKS-Akzessionen bei hoher (grün) bzw. niedriger Nährstoffversorgung, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS; Anordnung siehe Abbildung 60 und Standard-Sorten; oben: N; unten: P.

Nach Abschluss der quantitativen Nährstoff-Analytik im Labor (IPK Gatersleben, AG Molekulare Pflanzenernährung) wurden auch die N- und P-Gehalte gegen die Genotypen geplottet (*Abbildung 62*). Vertreter des AKS (N) bzw. des KKS (P) zeigten die höchsten Nährstoff-Gehalte. Die Standards lagen vor allem bei niedriger Nährstoff-Versorgung auf homogen niedrigem Niveau, während hier AKS und dieses Mal auch WKS deutliche Ausschläge noch oben zeigten.

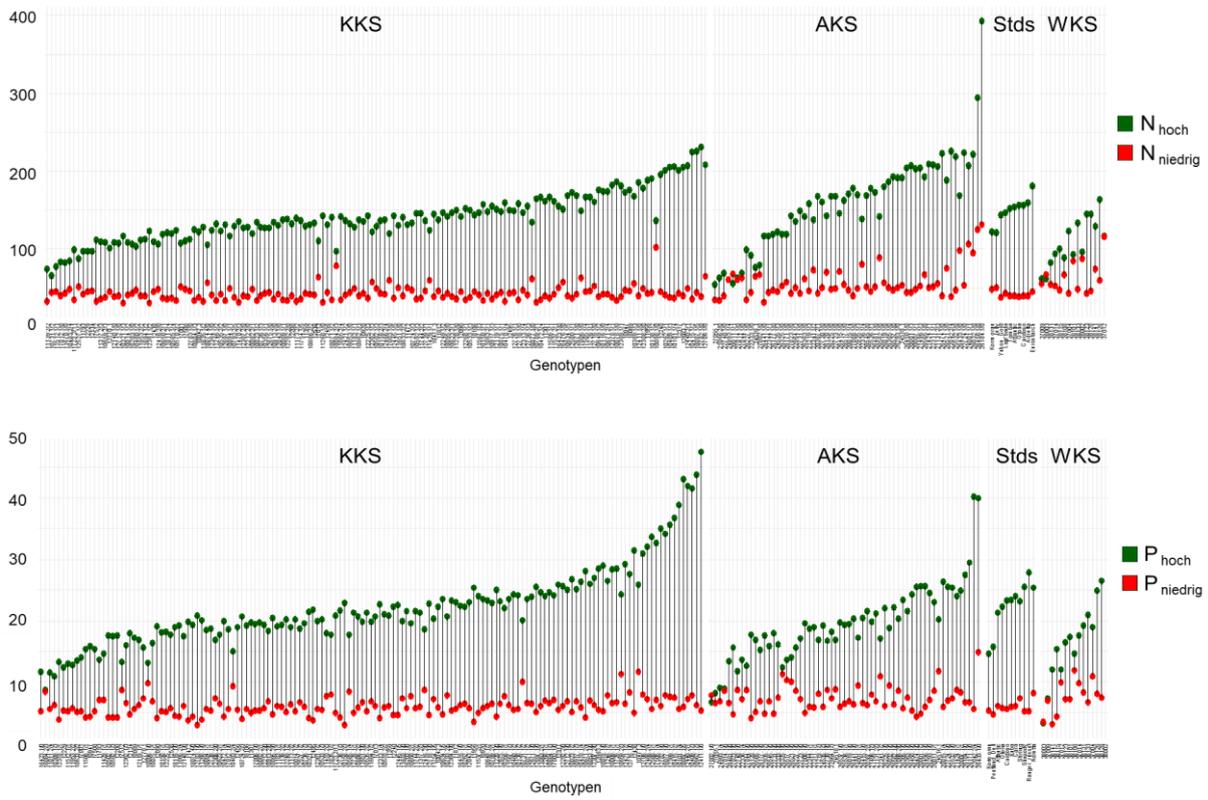


Abbildung 62: N- (oben) und P-Gehalte (unten) der GLKS-Akzessionen in mg/Pflanze bei hoher (grün) bzw. niedriger Nährstoffversorgung, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS) und Standard-Sorten.

Wurden die Nährstoff-Gehalte der Genotypen (angeordnet in identischer Reihenfolge auf Grund der Gesamtgehalte) in Form von Balkendiagrammen dargestellt (Abbildung 63), fällt bei den N-Phänotypisierungen auf, dass hier vor allem AKS-Genotypen die höchsten Gehalte aufwiesen; bei P waren es – abgesehen von drei AKS-Mustern - KKS-Vertreter.

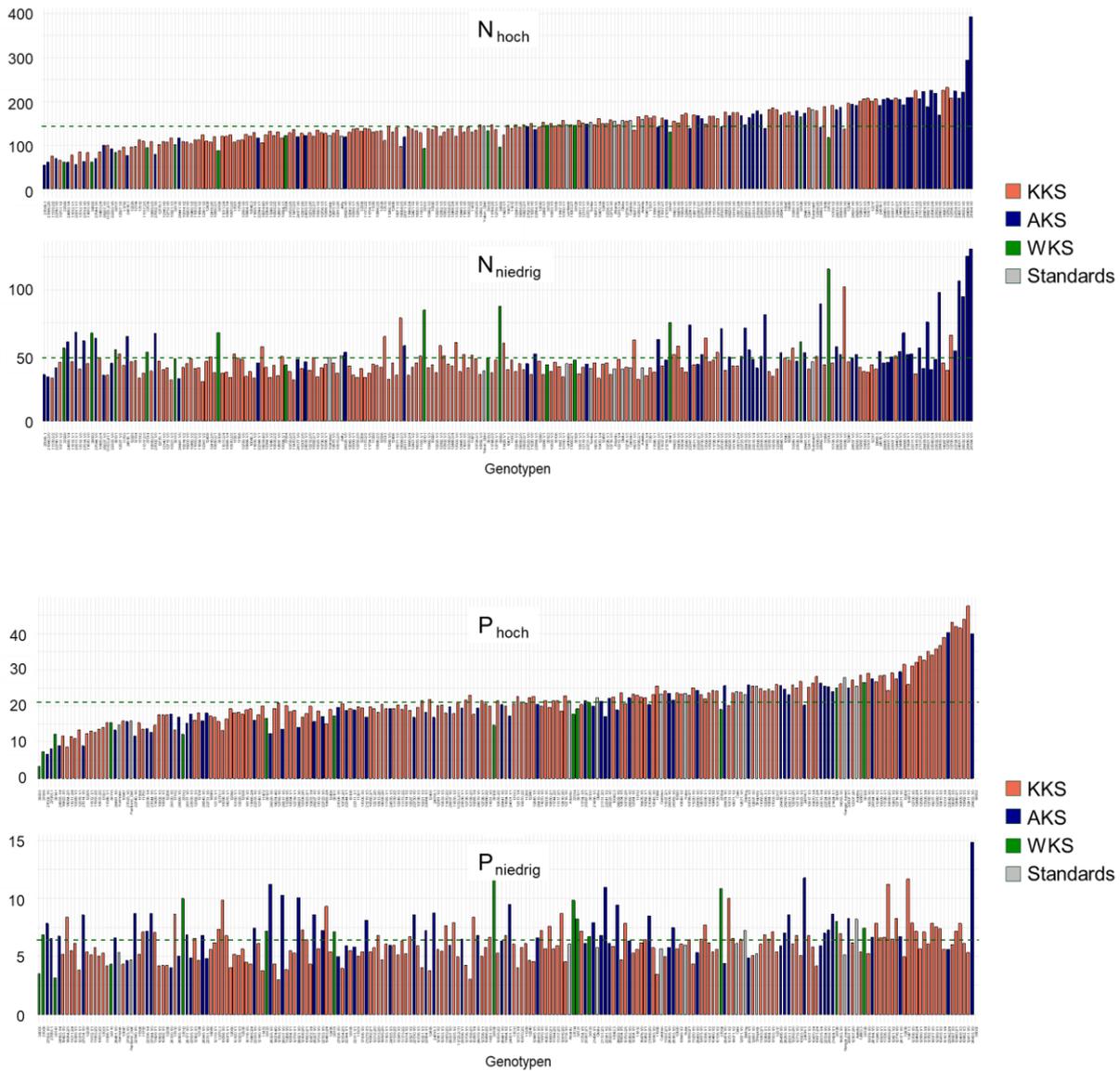


Abbildung 63: Balkendiagramme der N- (oben) und P-Gehalte (unten) der EffiKar-Akzessionen [mg/Pflanze] bei hoher bzw. niedriger Nährstoffversorgung, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS) und Standard-Sorten sowie angeordnet nach Gesamtwerten; gestrichelte Linie: Mittelwert.

Analoge Tendenzen zeigten sich nach der Berechnung des Stresstoleranz-Index‘ (STI, Fernandez 1992; *Abbildung 64*). als Maß für die Stressanfälligkeit bzw. -toleranz von Pflanzen: die höchste Stresstoleranz bezüglich der N-Aufnahme war in AKS-Akzessionen zu finden, bezüglich der P-Aufnahme im KKS. Dabei lagen die hier ermittelten Werte über allen Standards, die ja teilweise wegen ihrer hohen Nährstoffmangel-Stresstoleranz ausgewählt worden waren.

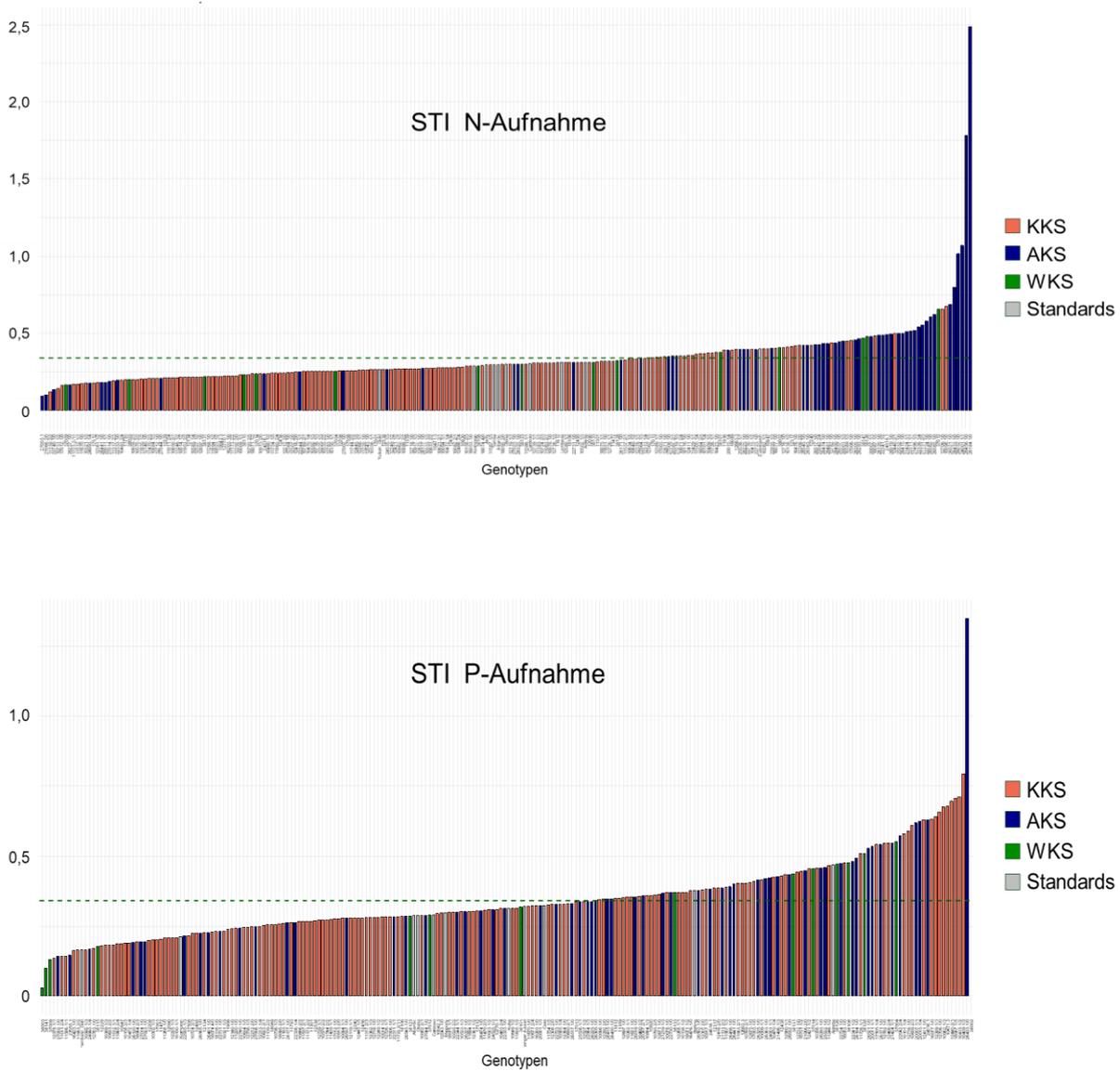


Abbildung 64: Balkendiagramme der STI für N- (oben) bzw. P-Aufnahme (unten) der EffiKar-Akzessionen, unterteilt nach Sortimenten (KKS, AKS und WKS) und Standard-Sorten; gestrichelte Linie: Mittelwert.

Hinsichtlich der numerischen Werte schwankte der STI zwischen 0,17 (Spross, S) bzw. 0,06 (Wurzel, W) und 1,99 (S) bzw. 2,08 (W) bei den N-Versuchen sowie zwischen 0,16 (S) bzw. 0,08 (W) und 2,58 (S) bzw. 2,90 (W) bei den P- Versuchen (*Tabelle 23*). Die Mittelwerte lagen bei 0,71 (N_S), 0,97 (N_W), 0,83 (P_S) und 1,07 (P_W).

Tabelle 23: Minimal-, Maximal- und Mittelwerte der N- und P-Stresstoleranz-Indices von Sprossen und Wurzeln von Genbank-Akzessionen.

	N		P	
	Spross	Wurzel	Spross	Wurzel
Minimum	0,17	0,06	0,16	0,08
Maximum	1,99	2,08	2,58	2,90
Mittelwert	0,71	0,97	0,83	1,07

Bezüglich der tolerantesten bzw. sensitivsten Genotypen fanden sich im Gegensatz zu den Ökostämmen zwei Genotypen, die bei beiden Nährstoffen sehr effizient (GLKS 26433) bzw. sehr ineffizient waren (GLKS 27055) (*Tabelle 24*).

Tabelle 24: Genbank-Akzessionen mit höchstem bzw. niedrigstem Stresstoleranz-Index; farbig hinterlegt: zweimal in der Tabelle vorkommende Akzessionen.

GLKS-Nummer	Sortenname	Ursprung
N+		
GLKS 26184	CIP LT-7	PER
GLKS 26456	CIP TS-5	PER
GLKS 24001	ber	ARG
GLKS 26032	Capiro	COL
GLKS 26433	tbradg	PER
N-		
GLKS 27055	Ni90-10	NLD
GLKS 21066	tbrtbr	CHL
GLKS 11139	MPI 73.793/248 D	DEU
GLKS 22740	Ica Purace	COL
GLKS 10731	Di Vernon	GBR 1922
P+		
GLKS 26433	tbradg	PER
GLKS 10409	Naroch	BLR 1986
GLKS 10415	Sangar	SUN 1958
GLKS 18087	GL-VI-86.9475.29	DEU
GLKS 12440	Prumex	NLD 1971
P-		
GLKS 27055	Ni90-10	NLD
GLKS 16423	R2	UN*
GLKS 11953	Victor	ESP 1954
GLKS 10868	Pentland Dell	GBR 1960
GLKS 10592	Voran	DEU 1931

Das Überprüfen auf mögliche Korrelationen zwischen den ermittelten Versuchsparametern, insbesondere zwischen N- und P-Mangel-Toleranz, zeigte jedoch, dass beide Merkmale kaum miteinander korrelierten; für die STIs für N- und P-Effizienz liegt der Wert bei 0,259 (Abbildung 65).

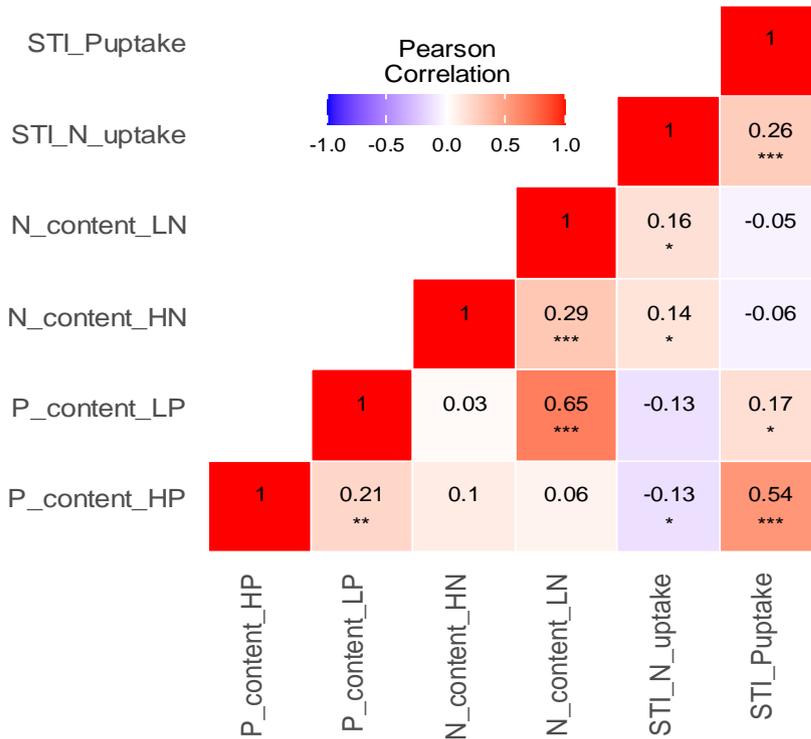


Abbildung 65: Pearson-Korrelationsmatrix der erfassten Merkmale STI und N- bzw. P-Gehalte unter Hoch- bzw. Niedrig-N- und P- Bedingungen.

4.3 Ergebnisse *P.i.*-Anfälligkeit

Die Blatttests an 40 Ökostämmen und 13 Standardsorten aus drei unterschiedlichen N-Düngungsstufen ergaben vor allem Anfälligkeiten bei den Standardsorten; für die Ökostämme hingegen bestätigte sich das erwartet gute Krautfäule-Toleranzniveau (Tabelle 25). Da sich jedoch insgesamt keine klaren Tendenzen zur *P.i.*-Toleranz in Abhängigkeit von der Düngungsstufe zeigten, wurden die Versuche am GLKS-Material nicht fortgesetzt.

Tabelle 25: Toleranz-Einstufung der Standards und Ökostämme bei drei verschiedenen N-Düngungsstufen.

Genotyp	Düngestufe	MW Flecken	MW Sporulation	MW	Genotyp	Düngestufe	MW Flecken	MW Sporulation	MW
STD_10	100% N	3,2	2,6	2,9	E_20	12.5% N	1,0	1,0	1,0
STD_10	25% N	2,6	2,0	2,3	E_21	100% N	1,0	1,0	1,0
STD_10	12.5% N	3,6	3,6	3,6	E_21	25% N	1,0	1,0	1,0
STD_09	100% N	4,0	4,6	4,3	E_21	12.5% N	1,0	1,0	1,0
STD_09	25% N	3,0	2,6	2,8	E_22	100% N	1,0	1,0	1,0
STD_09	12.5% N	7,0	7,2	7,1	E_22	25% N	1,0	1,0	1,0
STD_13	100% N	3,6	3,2	3,4	E_22	12.5% N	1,0	1,0	1,0
STD_13	25% N	3,2	4,0	3,6	E_23	100% N	1,0	1,0	1,0
STD_13	12.5% N	2,0	2,0	2,0	E_23	25% N	1,0	1,0	1,0
STD_01	100% N	4,0	2,8	3,4	E_23	12.5% N	1,0	1,0	1,0
STD_01	25% N	2,4	2,6	2,5	E_24	100% N	1,8	1,6	1,7
STD_01	12.5% N	1,4	1,8	1,6	E_24	25% N	1,2	1,0	1,1
STD_02	100% N	4,2	2,6	3,4	E_24	12.5% N	3,4	1,8	2,6
STD_02	25% N	2,8	2,4	2,6	E_25	100% N	1,0	1,0	1,0
STD_02	12.5% N	2,6	1,8	2,2	E_25	25% N	1,0	1,0	1,0
STD_12	100% N	2,2	1,2	1,7	E_25	12.5% N	1,6	1,0	1,3
STD_12	25% N	2,6	2,0	2,3	E_26	100% N	1,0	1,0	1,0
STD_12	12.5% N	5,0	2,0	3,5	E_26	25% N	k.A.	k.A.	k.A.
STD_11	100% N	4,2	2,8	3,5	E_26	12.5% N	1,4	1,0	1,2
STD_11	25% N	1,0	1,0	1,0	E_28	100% N	1,0	1,0	1,0
STD_11	12.5% N	2,2	2,0	2,1	E_28	25% N	1,0	1,0	1,0
STD_06	100% N	3,6	3,2	3,4	E_28	12.5% N	1,0	1,0	1,0
STD_06	25% N	4,4	4,0	4,2	E_30	100% N	1,0	1,0	1,0
STD_06	12.5% N	5,2	5,6	5,4	E_30	25% N	1,2	1,0	1,1
STD_05	100% N	5,2	4,4	4,8	E_30	12.5% N	1,0	1,0	1,0
STD_05	25% N	2,6	2,2	2,4	E_35	100% N	6,4	5,2	5,8
STD_05	12.5% N	2,8	5,8	4,3	E_35	25% N	2,8	2,6	2,7
STD_04	100% N	1,0	1,0	1,0	E_35	12.5% N	3,4	1,0	2,2
STD_04	25% N	3,0	2,4	2,7	E_36	100% N	1,4	1,0	1,2
STD_04	12.5% N	3,4	3,2	3,3	E_36	25% N	1,2	1,0	1,1
STD_07	100% N	3,4	3,2	3,3	E_36	12.5% N	2,6	1,0	1,8
STD_07	25% N	4,0	3,2	3,6	E_37	100% N	2,4	1,6	2,0
STD_07	12.5% N	4,4	4,0	4,2	E_37	25% N	1,2	1,0	1,1
STD_08	100% N	2,0	2,0	2,0	E_37	12.5% N	2,4	1,8	2,1
STD_08	25% N	1,6	1,6	1,6	E_38	100% N	2,0	1,2	1,6
STD_08	12.5% N	3,6	3,0	3,3	E_38	25% N	2,2	2,2	2,2
STD_03	100% N	4,8	2,6	3,7	E_38	12.5% N	2,2	1,2	1,7
STD_03	25% N	3,6	3,0	3,3	E_40	100% N	1,0	1,0	1,0
STD_03	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_40	25% N	1,0	1,0	1,0
E_01	100% N	1,2	1,0	1,1	E_40	12.5% N	1,2	1,0	1,1
E_01	25% N	1,2	1,0	1,1	E_43	100% N	1,2	1,0	1,1
E_01	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_43	25% N	1,0	1,0	1,0
E_03	100% N	1,0	1,0	1,0	E_43	12.5% N	1,0	1,0	1,0
E_03	25% N	6,8	2,4	4,6	E_45	100% N	1,0	1,0	1,0
E_03	12.5% N	5,0	2,4	3,7	E_45	25% N	1,0	1,0	1,0
E_04	100% N	1,0	1,0	1,0	E_45	12.5% N	1,0	1,0	1,0
E_04	25% N	1,4	1,0	1,2	E_46	100% N	1,0	1,0	1,0
E_04	12.5% N	3,0	1,4	2,2	E_46	25% N	1,0	1,0	1,0
E_07	100% N	1,0	1,0	1,0	E_46	12.5% N	1,0	1,0	1,0
E_07	25% N	1,0	1,0	1,0	E_51	100% N	1,4	1,0	1,2
E_07	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_51	25% N	1,0	1,0	1,0
E_09	100% N	1,0	1,0	1,0	E_51	12.5% N	1,0	1,0	1,0
E_09	25% N	1,4	1,0	1,2	E_53	100% N	1,0	1,0	1,0
E_09	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_53	25% N	1,0	1,0	1,0
E_10	100% N	6,4	5,4	5,9	E_53	12.5% N	1,0	1,0	1,0
E_10	25% N	2,0	1,8	1,9	E_54	100% N	1,6	1,2	1,4
E_10	12.5% N	5,2	5,0	5,1	E_54	25% N	2,2	2,0	2,1
E_12	100% N	1,0	1,0	1,0	E_54	12.5% N	3,8	3,6	3,7
E_12	25% N	1,0	1,0	1,0	E_55	100% N	1,0	1,0	1,0
E_12	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_55	25% N	1,0	1,0	1,0
E_14	100% N	1,0	1,0	1,0	E_55	12.5% N	1,4	1,0	1,2
E_14	25% N	1,2	1,0	1,1	E_57	100% N	1,0	1,0	1,0
E_14	12.5% N	1,6	1,0	1,3	E_57	25% N	1,0	1,0	1,0
E_15	100% N	1,2	1,0	1,1	E_57	12.5% N	2,2	1,4	1,8
E_15	25% N	1,0	1,0	1,0	E_58	100% N	1,4	1,0	1,2
E_15	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_58	25% N	1,8	1,0	1,4
E_16	100% N	1,0	1,0	1,0	E_58	12.5% N	1,0	1,0	1,0
E_16	25% N	1,0	1,0	1,0	E_59	100% N	2,0	1,2	1,6
E_16	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_59	25% N	1,2	1,0	1,1
E_17	100% N	1,0	1,0	1,0	E_59	12.5% N	1,8	1,0	1,4
E_17	25% N	1,2	1,0	1,1	E_63	100% N	1,0	1,0	1,0
E_17	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_63	25% N	1,0	1,0	1,0
E_18	100% N	1,0	1,0	1,0	E_63	12.5% N	1,0	1,0	1,0
E_18	25% N	1,0	1,0	1,0	E_64	100% N	1,0	1,0	1,0
E_18	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_64	25% N	1,0	1,0	1,0
E_19	100% N	1,0	1,0	1,0	E_64	12.5% N	1,0	1,0	1,0
E_19	25% N	1,0	1,0	1,0	E_65	100% N	1,0	1,0	1,0
E_19	12.5% N	1,0	1,0	1,0	E_65	25% N	1,0	1,0	1,0
E_20	100% N	1,0	1,0	1,0	E_65	12.5% N	1,0	1,0	1,0
E_20	25% N	1,0	1,0	1,0					

4.4 Genotyping by Sequencing

Die auf den generierten GBS-Daten basierende Hauptkomponentenanalyse (PCA) des gesamten am IPK untersuchten Projektmaterials (*Abbildung 66*) spiegelte die Taxonomie der Sektion Petota der Gattung *Solanum* wider. Sehr entfernt verwandte Serien wie *Bulbocastana*, *Morelliformia* und *Pinnatisecta* gruppierten in der PCA mit dem größten Abstand zum Kulturmaterial, während die Serien *Circaefolia* und *Piurana* etwas mehr Nähe zur Serie *Tuberosa* aufwiesen. Der eine *Conicibaccata*-Vertreter lag, ebenso wie die zwischen Kultur- und Wildmaterial erstellten interspezifischen Hybriden sowie die ebenfalls auf Wildeinkreuzungen beruhenden *P.i.*-Teststämme, zwar relativ nahe am Kulturpool, lies sich aber noch klar von ihm differenzieren. In geringerem Maße traf das auch für die Vertreter der wilden Serie *Tuberosa* sowie der *Yungasensa* zu, die sich aber in größter Nähe zu dem Cluster aus AKS- und KKS-Genotypen befanden. Innerhalb dieser Gruppe fanden sich die Ökostämme im - genetisch eher begrenzten - Gros der Kulturkartoffeln wieder.

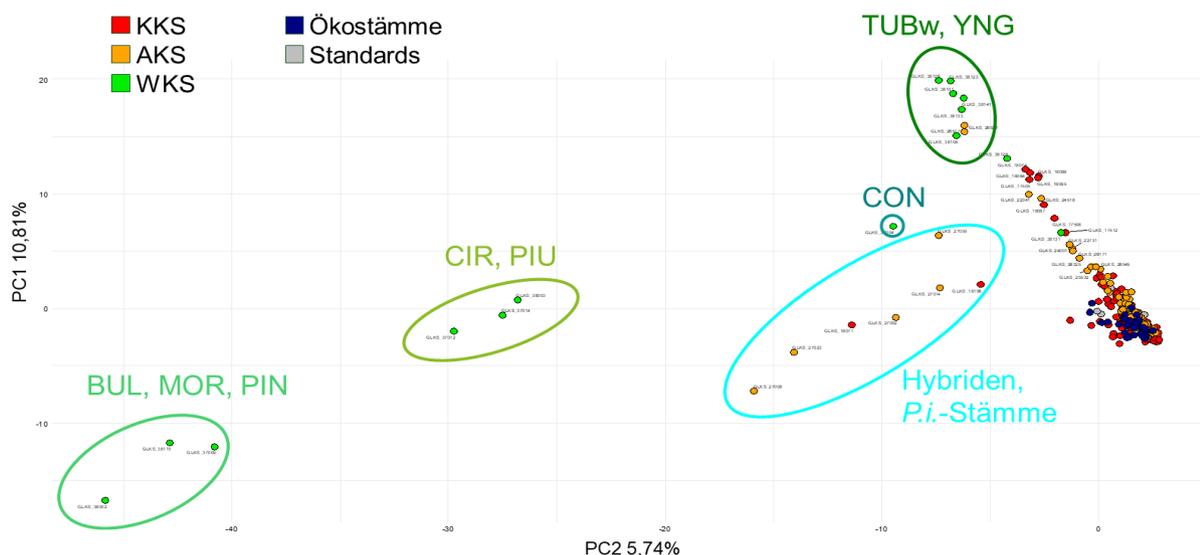


Abbildung 66: Hauptkomponentenanalyse der untersuchten Genotypen, basierend auf GBS-Daten. Serien nach Hawkes (1990): Bulbocastana (BUL), Circaefolia (CIR), Conicibaccata (CON), Morelliformia (MOR), Pinnatisecta (PIN), Piurana (PIU), wilde Tuberosa (TUBw) und Yungasensa (YNG).

Eine modellbasierte Bayes'sche Populationszuordnung ergab einen optimalen K-Wert von 7 (*Abbildung 67*), gefolgt von K=4 (*ohne Abbildung*). Die erhaltenen Q-Matrizen für die Häufigkeiten der Ahnenzuordnung bei Differenzierung der verschiedenen Ahnencluster via Farbcodierung bestätigten, dass die Ökostämme nur einen Ausschnitt der Diversität des Kulturpools darstellen; ihm fehlen einige Ahnencluster-Komponenten. Der in den Arthybriden enthaltene Wildartanteil wurde vor allem in den rechtsstehenden KKS-Akzessionen (und AKS-Mustern; beides dunkelgrün) gefunden, weitere Wildanteile (mittelbraun) waren in Teilen des AKS enthalten.

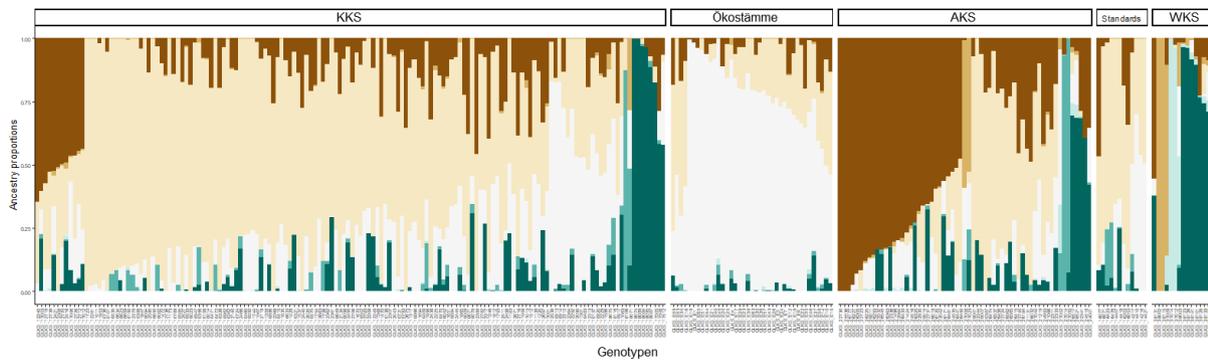


Abbildung 67: Bayes'sche Populationszuordnung mit $K=7$.

Die im Anschluss geplanten genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) konnten im Berichtszeitraum nicht mehr durchgeführt werden, werden aber im Rahmen einer geplanten Publikation noch nachgeholt.

4.5 Querschnittsaufgaben

Neben den unter 4.1 bis 4.4 beschriebenen Ergebnissen wurden vom IPK auch nachfolgende Querschnittsaufgaben durchgeführt:

- Erhaltung und Hochvermehrung von In-Vitro-Kulturen
- Alle in den Versuchen verwendeten Akzessionen, Zuchtstämme und Standardsorten wurden regelmäßig zur Erhaltung bzw. zur Hochvermehrung *in vitro* geschnitten.
- Weitergabe IPK-Akzessionen an LfL
- Vier Standardsorten aus den GLKS wurden als In-Vitro-Pflänzchen zur Feldknollenerzeugung an die LfL abgegeben.
- Feldknollenanzucht

In-Vitro-Material von mehreren Standardsorten wurde am IPK zur Erzeugung von Miniknollen hochvermehrt, im Gewächshaus ausgepflanzt, beerntet und für den Feldanbau an LfL und JKI abgegeben.

Der Feldanbau und die dabei geernteten Knollenmengen von sechs GLKS-Sorten unter verschiedenen N-Stufen an der LfL bestätigte dabei die mittels Hydroponik gefundenen Ergebnisse bezüglich der Reihung dieser Sorten bei der Biomasse-Produktion; die Korrelation lag bei ca. 0,7.

5 Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse.

Ein erfolgreicher Zuchtstammaufbau mit dem Zielmerkmal abiotische Stresstoleranz in Form von erhöhter Nährstoffmangel-Toleranz ist mit Hilfe des deutlich besser charakterisierten Ausgangsmaterials nun möglich und bietet der deutschen Kartoffelzüchtung die Grundlage, nährstoffeffiziente Kartoffelsorten (nicht ausschließlich) für den ökologischen Anbau zu entwickeln, Kartoffelgenpools in dieser Zielrichtung und damit auch die genetische Diversität zu erweitern.

Die vor allem im andinen Kartoffel-Sortiment gefundene, hohe N-Effizienz sollte im Weiteren durch die Untersuchung zusätzlicher AKS-Genotypen bestätigt und ggf. erweitert werden. Auch kann durch die Analyse von WKS-Material aus bisher nicht geprüften *Solanum*-Serien verifiziert werden, ob P-Effizienz bei knollenbildenden Wildkartoffel-Arten generell begrenzt ist, oder ob nicht doch effizientere Genetiken bezüglich dieses Merkmals bestehen.

Das im Projekt verwendete Hydroponik-System hat sich im Praxiseinsatz bewährt und wird in nachfolgenden bzw. ähnlich gelagerten Projekten eingesetzt werden. Zum endgültigen Nachweis seiner Relevanz in der Kartoffel-Phänotypisierung sowohl für N- als auch für P-Effizienz wird im Rahmen eines weiteren Forschungsprojektes auf breiter(er) Genotyp-Basis die Korrelation von Knollenertrag im Feld mit der Biomassebildung im Hydroponik-System überprüft.

6 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen

Die vorgesehene Auswahl eines leistungsfähigen Phänotypisierungssystems für N- und P-Effizienz gelang in Form eines Hydroponik-Systems nach Liu et al. 2019. Auch gewährleistet durch eine im Projektrahmen gewährte Verlängerung konnten damit insgesamt 40 Ökostämme und 225 GLKS-Akzessionen bezüglich ihrer N- und P-Effizienz phänotypisiert werden.

Die GBS-Untersuchungen bestätigten die hohe genetische Diversität vor allem im Wildkartoffel-Sortiment des IPK; die entsprechenden Daten konnten allerdings in der Projektlaufzeit nicht mehr für GWAS-Analysen genutzt werden, was jedoch im Nachgang noch erfolgen wird.

7 Zusammenfassung IPK

Im EffiKar-Projekt wurden am IPK - neben einer hohen Anzahl von KKS-Mustern - erstmalig größere Anteile des AKS sowie Ökostämme bezüglich ihrer N- und P-Effizienz mit Hilfe eines

Hydroponik-Systems charakterisiert. Es zeigte sich, dass N-Effizienz vor allem in andinem Material zu finden ist, während P-Effizienz zu großen Teilen bereits im Kultur-Pool enthalten ist.

Diese pflanzengenetischen Ressourcen können durch das Projekt in Bezug auf Nährstoffeffizienz nachhaltig und intensiv genutzt werden. Dadurch ist es Züchtern wie auch Forschungseinrichtungen zukünftig möglich, zielgerichteter auf genetische Ressourcen der Kartoffel zuzugreifen und diese in eigene Zuchtprogramme bzw. Forschungsprojekte einzubringen.

8 Literaturverzeichnis

Andrews, S. (2010). FastQC: A Quality Control tool for High Throughput Sequence Data. Available online at: <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/Eaton> and Overcast, 2020

Doyle, J.J., Doyle, J.L. (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* (12):13-15.

Eaton DAR (2014) PyRAD: assembly of de novo RADseq loci for phylogenetic analyses. *Bioinformatics* 30(13):1844–1849. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu121>

Elshire, R.J., Glaubitz, J.C., Sun, Q., Poland, J.A., Kawamoto, K., Buckler, E.S., Mitchell, S.E. (2011) A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. *PLoS One*, e19379. doi: 10.1371/journal.pone.0019379.

Fernandez, G.C.J. (1992) Effective selection criteria for assessing plant stress tolerance. In *Proceedings of the international symposium on adaptation of vegetables and other food crops in temperature and water stress* (eds Kuo, C. G.). AVRDC Publication: Tainan, Taiwan: Shanhua: Chapter (25), 257–270.

Frichot E, François O (2015) LEA: An R package for landscape and ecological association studies. *Methods Ecol Evol* 6(8):925–929. <https://doi.org/10.1111/2041-210x.12382>

Liu, Z., Marella, C.B.N., Hartmann, A., Hajirezaei, M.R., von Wirén, N. (2019) An age-dependent sequence of physiological processes defines developmental root senescence. *Plant Physiol.* 181, 993-1007. <https://dx.doi.org/10.1104/pp.19.00809>

Martin M (2011) Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet J* 17(1):10. <https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>

Murashige, T., Skoog, F. (1962) A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. *Physiol. Plant* 15, 473-497

Wickham H (2016) *Data Analysis*. In: ggolot2. Springer Publisher, New York

Wickham H, Averick M, Bryan J, Chang W, McGowan L, François R, Grolemond G, Hayes A, Henry L, Hester J, Kuhn M, Pedersen T, Miller E, Bache S, Müller K, Ooms J, Robinson D, Seidel D, Spinu V, Takahashi K, Vaughan D, Wilke C, Woo K, Yutani H (2019) Welcome to the Tidyverse. *J Open Source Softw* 4(43):1686. <https://doi.org/10.21105/joss.01686>

9 Übersicht über alle im Berichtszeitraum vom Projektnehmer realisierten Veröffentlichungen zum Projekt

9.1 Vorträge

Erlinghagen, R.L.: Das EffiKar-Projekt am IPK. GPZ-Tagung AG Kartoffelzüchtung und Pflanzgutproduktion, Göttingen, 18.11.2021.

Erlinghagen, R.L.: Cultivation systems for nitrogen and phosphorus efficiency phenotyping in potato. 21st EAPR Triennial Conference, Krakow, 04.07.2022

Erlinghagen, R.L.: Phosphorus and Nitrogen Efficiency Mechanisms in Potato (*Solanum tuberosum* L.). P-Campus Ringvorlesung, online, 01.2022

Dehmer, K.J.: Hydroponics-based phenotyping for nutrient efficiency in potatoes. P campus symposium, Rostock-Warnemünde, 10.10.2023

Dehmer, K.J.: Phenotypic and genotypic screening for nitrogen and phosphorus efficiencies in potato (*Solanum tuberosum* L.) genetic resources. 22nd EAPR Triennial Conference, Oslo, 08.07.2024.

9.2 Poster

Erlinghagen, R.L.: Phenotyping for Nitrogen and Phosphorus Efficiency in Potato. 16th European Society for Agronomy Congress (online), 01.-03.09-2020.

Erlinghagen, R.L.: Phenotyping Phosphorus and Nitrogen Efficiency in 40 Pre-Breeding Clones of Potato (*Solanum tuberosum* L.). P-Campus-Symposium, 01.2022

Erlinghagen, R.L.: Phänotypisierung des Stickstoff- und Phosphoreffizienzpotenzials von Kartoffeln (*Solanum tuberosum* L.) DLG Feldtage, Mannheim, 08.06.2022

Erlinghagen, R.L.: EffiKar – Selection of nutrient efficient potato breeding lines for sustainable organic farming. Plant Science Student Conference (PSSC) 06.2022

Erlinghagen, R.L.: Phenotyping for Nitrogen and Phosphorus Potential in Potato (*Solanum tuberosum* L.). 17th European Society for Agronomy Congress, Potsdam, 29.08.-02.09.2022