

5 ZUSAMMENFASSUNG

Resistenz gegen *Alternaria brassicae* und *A. brassicicola*, die Erreger der Rapsschwärze, ist im Genpool von Raps (*Brassica napus*) nicht bekannt. Die Entwicklung resistenter Sorten ist zurzeit nur durch einen Transfer von Resistenzen, die in verwandten Arten identifiziert wurden, möglich. Acht putative Resistenzdonoren aus der Familie *Brassicaceae* wurden hinsichtlich ihrer Reaktion auf *Alternaria* spp. untersucht. Alle getesteten Arten waren weniger anfällig als Raps, die Resistenzen waren jedoch unterschiedlich stark ausgeprägt. Völlige Immunität wurde bei *Diplotaxis erucoïdes* beobachtet. Während die Vererbung der Resistenz bei sieben Donoren unbekannt ist, konnte für *D. erucoïdes* durch intraspezifische Kreuzungen ein monogen-dominanter Erbgang gezeigt werden. Zwischen *B. napus* und Vertretern der vier Arten mit den stärksten Resistenzausprägungen (*B. elongata*, *Sinapis alba*, *D. tenuifolia* und *D. erucoïdes*) wurden mit Hilfe von *in vitro*-Kulturtechniken somatische bzw. sexuelle Hybriden hergestellt. Der Nachweis des Hybridcharakters erfolgte cytologisch, morphologisch oder mittels RAPD-Marker. Die Nachkommen wurden auf Resistenz gegen *Alternaria* spp. geprüft, und mittels *embryo rescue* wurden jeweils Rückkreuzungs- und Selbstungsnachkommenschaften resistenter Genotypen erzeugt. Die Veränderungen der Genomstrukturen in den sukzessiven Generationen wurden mittels genomischer *in situ*-Hybridisierung untersucht und resistente, möglichst fertile Genotypen mit dem geringsten Anteil an Donorchromatin selektiert. Von allen Kreuzungskombinationen zeigten die Nachkommen aus der Kreuzung des Rapses mit *D. erucoïdes* das höchste Resistenzniveau. Innerhalb der Nachkommen aus den Kreuzungen mit *S. alba* („F₁“, „F₁“S₁, BC₁, BC₁S₁, BC₂), *B. elongata* (F₁, BC₁, BC₂) und *D. tenuifolia* (F₁, F₂) war die Resistenzausprägung meist schwach oder instabil. In der *S. alba*-Kreuzungsgruppe war die Resistenz bereits in der zweiten Rückkreuzungsgeneration nicht mehr nachweisbar. Bei den resistenten Nachkommen aus der Kreuzung mit *B. elongata* wurden, aufgrund von Genomverdoppelungen, besonders hohe Chromosomenzahlen (bis zu 2n = 72) beobachtet. Einige Genotypen waren steril, was weitere Rückkreuzungen unmöglich machte. Teilweise erwies sich der Vererbungsmodus als ungeeignet für eine stabile Introgression der resistenzvermittelnden Abschnitte in das Rapsgenom. So liegen bei *S. alba* vermutlich eine polygene Vererbung und bei *D. tenuifolia* Interaktionen zwischen Cytoplasma und Kerngenom oder epigenetische Effekte vor. Im Gegensatz zu den oben genannten Kreuzungsgruppen wurden in allen Generationen der *D. erucoïdes*-Kreuzungsgruppe (F₁, F₂, BC₁, BC₂, BC₃, BC₁S₁, BC₁S₂, BC₁S₁xC, BC₂S₁) Genotypen identifiziert, deren Resistenzausprägung stabil war und der des resistenten Elters (Symptomfreiheit) entsprach. Die Spaltungsverhältnisse resistenter zu anfälliger Pflanzen sowie die Variabilität in den Chromosomenzahlen zeigen, dass in allen Generationen irreguläre Meiosen stattgefunden haben. Auch in den zuletzt erstellten Generationen war die Fertilität in der Summe schwach. Einzelne resistente Genotypen mit

vergleichsweise guter Fertilität stellen die Basis für das weitere Züchtungsprogramm dar. Im Hinblick auf eine markergestützte Selektion resistenter Pflanzen in zukünftigen Rückkreuzungsgenerationen wurden, in Zusammenarbeit mit der Saaten-Union Resistenzlabor GmbH, Mikrosatelliten-Marker identifiziert, die mit der Ausprägung der Resistenz korrelieren.