

Nutzung molekularer Marker zur Genkartierung im Roggen

A. BÖRNER, V. KORZUN, S. MALYSHEV und A. VOYLOKOV

1. EINLEITUNG

Im Vergleich zu anderen Getreidearten wie beispielsweise Weizen, Reis oder Mais sind die Forschungsaktivitäten beim Roggen (*Secale cereale* L.) wesentlich geringer. Seit jedoch bekannt ist, daß innerhalb der *Triticeae* oder selbst innerhalb der *Poaceae* ein hoher Grad an Kolinearität für DNA Markerloci und Genloci vorherrscht, spielt auch der Roggen eine wichtige Rolle für die Kartierung homöologer Genorte. Wesentlicher Vorteil dieser diploiden Spezies ($2n = 2x = 14$) ist der hohe Polymorphiegrad von RFLP-Markern, dem Markertyp, der besonders für artübergreifende vergleichende Kartierungen geeignet ist.

Während der vergangenen sechs Jahre wurden von verschiedenen Autoren molekulare Markerkarten des Roggens veröffentlicht (DEVOS et al., 1993; PHILIPP et al., 1994; SENFT und WRICKE, 1996; LOARCE et al., 1996). KORZUN et al. (1998) publizierte eine integrierte Genkarte, bestehend aus 82 RFLP-, einem Isoenzym- und zwei morphologischen Markern. Die verwendeten RFLP-Marker wurden aus verschiedenen publizierten Karten des Roggens (DEVOS et al., 1993; PHILIPP et al., 1994; SENFT und WRICKE, 1996; KORZUN et al., 1994; KORZUN et al., 1996a, b), des Weizens (GALE et al., 1995; NELSON et al., 1995), der Gerste (GRANER et al., 1991; HEUN et al., 1991) und des Hafers (O'DONOUGHUE et al., 1995) ausgewählt und können in ihrer Funktion als ‚Ankermarker‘ für die Erstellung von Konsensus-Karten genutzt werden. Die Karte von KORZUN et al. (1998) wurde durch 22 weitere Marker ergänzt, um bestehende größere Abstände zwischen benachbarten Loci zu verringern. Insbesondere die Chromosomen 3R, 4R und 6R konnten dadurch gleichmäßiger mit Markern abgedeckt werden. Im vor-

liegenden Beitrag wird die erweiterte Karte genutzt, um die genetischen Positionen von insgesamt 28 Majorgenen und 25 QTL's (Quantitative Trait Loci), welche in verschiedenen Kartierungspopulationen detektiert wurden, zusammenfassend darzustellen.

2. MAJORGENE

Da die Kartierungspopulation von KORZUN et al. (1998) für die zwei Hauptgene - *Ddw1* und *Hp* - segregiert, konnten diese direkt zu den molekularen Markern kartiert werden. Die Kartenpositionen der 26 übrigen Gene, genetisch kartiert in verschiedenen Populationen, wurden interpoliert. Die Interpolation war möglich, da gemeinsame molekulare Marker als ‚Anker‘ genutzt werden konnten. Die von den Loci determinierten Merkmale sowie die Referenzen, welche die tatsächliche Kartierung dieser Genorte beschreiben werden nachfolgend aufgelistet:

- Reduzierte Pflanzenlänge: *ct1*, *ct2*, *Ddw1*, *np* (PLASCHKE et al., 1993, 1995; KORZUN et al., 1996a; MALYSHEV et al., unveröffentlicht),
- Selbstinkompatibilität: *S*, *Z*, *S5* (VOYLOKOV et al., 1998),
- Pollenfertilitätsrestauration: *Rfg1* (BÖRNER et al., 1998),
- Resistenz gegenüber Mehltau: *Pm* (WRICKE et al., 1996),
- Resistenz gegenüber Braunrost: *Lr-a*, *Lr-c*, *Lr-g* (RUGE et al., 1999),
- Resistenz gegenüber Nematoden: *CreR* (TAYLOR et al., 1998),
- Chlorophylldefizienz: *Chl* (SENFT und WRICKE, 1996),
- Vernalisationsbedarf: *Sp1* (PLASCHKE et al., 1993),
- Behaarung am Ährenhals: *Hp* (KORZUN et al., 1996a),

- Behaarung der Blattscheide: *Hs* (SENFT und WRICKE, 1996),
- Fehlendes Blatthäutchen: *al* (KORZUN et al., 1997),
- Fehlende Wachsschicht: *wal*, *w* (KORZUN et al., 1997, MALYSHEV et al., unveröffentlicht),
- Brauner Halm: *cb* (MALYSHEV et al., unveröffentlicht),
- Multi Pistals: *mp* (MALYSHEV et al., unveröffentlicht),
- Secaline: *Sec2*, *Sec5* (MALYSHEV et al., 1998),
- Mismatch Repair: *msh2*, *msh3*, *msh6* (KORZUN et al., 1999),
- Waxy Endosperm: *Wx* (KORZUN et al., 1997).

3. QTL'S

Die hier beschriebenen QTL's wurden in zwei verschiedenen Kartierungspopulationen detektiert. Beide Populationen spalteten für das Majorgen für reduzierte Pflanzenlänge *Ddw1*. Die Methodik und die Charakteristik der einzelnen QTL's (Länge der Intervalle, LOD scores) beschreiben BÖRNER et al. (1999, 2000). Die für die QTL's verwendete Nomenklatur wurde den für Weizen vorgeschlagenen Regeln (McINTOSH et al., 1998) angepaßt. Dem Ausgangssymbol *Q* folgen Abkürzungen für die Bezeichnung des untersuchten Merkmals und der Institution, in der die Untersuchungen stattgefunden haben und, nach einem Bindestrich, das Symbol für das Chromosom, auf welchem sich der detektierte QTL befindet. Für die analysierten Merkmale wurden folgende Abkürzungen benutzt: *Ht* (Plant height = Pflanzenlänge), *Pdl* (Peduncle length = Länge des Ährenhalses), *Ean* (Ear number = Anzahl Ähren pro Pflanze), *Fln* (Floret number = Anzahl Blüten pro Ähre), *Grn* (Grain number = Anzahl Körner pro

Autoren: Priv. Doz. Dr. Andreas BÖRNER, Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Corrensstraße 3, D-06466 GATERSLEBEN, Deutschland, Dr. V. KORZUN, PLANTA GmbH, 37555 EINBECK, Deutschland, Dr. S. MALYSHEV, Institute of Genetics and Cytology, MINSK, Weißrußland und Dr. A. VOYLOKOV, St. Petersburg State University, ST. PETERSBURG, Rußland



Ähre), *Tgw* (Thousand grain weight = Tausendkorngewicht), *Flt* (Flowering time = Tage bis zur Blüte), *Eyd* (Ear yield = Einzelährenertrag) und *Syd* (Straw yield = Strohertrag). Für die Institutionen, die an den Untersuchungen beteiligt waren, wurden die Bezeichnungen *ipk* (Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben, Deutschland), *stp* (Staatliche Universität St. Petersburg, Rußland) und *psr* (John Innes Centre, Norwich, Großbritannien) verwendet.

Von den insgesamt 25 detektierten QTL's befinden sich 12 auf dem langen Arm des Chromosoms 5R, in der Region von *Ddw1*. Neben den zu erwartenden Effekten auf die Pflanzenlänge und die Länge des Ährenhalses, welche direkt durch das Verzweigungsgen bedingt sind, wurden weitere QTL's für die Merkmale Strohertrag, Kornertag und Einzelkomponenten sowie Tage bis zur Blüte gefunden. Diese sind wahrscheinlich auf Pleiotropieeffekte von *Ddw1* zurückzuführen. Eine zweite Anhäufung von vier QTL's, welche Ertragskomponenten und das Merkmal Tage bis zur Blüte determinieren, wurde in der Zentromerregion von Chromosom 2R detektiert.

Abbildung 1 zeigt die genetischen Karten für die sieben Roggenchromosomen einschließlich der Positionen der beschriebenen Majorgene und QTL's.

3. LITERATUR

BÖRNER, A., A. POLLEY, V. KORZUN and G. MELZ, 1998: Genetics and molecular mapping of a male fertility restoration locus (*Rfg1*) in rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* **97**, 99-102.

BÖRNER A., V. KORZUN, A.V. VOYLOKOV and W.E. WEBER, 1999: Detection of quantitative trait loci on chromosome 5R of rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* **98**, 1087-1090.

BÖRNER, A., V. KORZUN, A.V. VOYLOKOV, A.J. WORLAND and W.E. WEBER, 2000: Genetic mapping of quantitative trait loci in rye (*Secale cereale* L.). *Euphytica* (eingereicht).

DEVOS, K.M., M.D. ATKINSON, C.N. CHINOY, H.A. FRANCIS, R.L. HARCOURT, R.M.D. KOEBNER, C.J. LIU, P. MASOJC, D.X. XIE and M.D. GALE, 1993: Chromosomal rearrangements in the rye genome relative to that of wheat. *Theor. Appl. Genet.* **85**, 673-680.

GALE, M.D., M.D. ATKINSON, C.N. CHINOY, R.L. HARCOURT, J. JIA, Q.Y. LI and K.M. DEVOS, 1995: Genetic maps of hexaploid wheat. In: Li Z.S, Xin Z.Y. (eds), *Proc. 8th Int. Wheat. Genet. Symp.* pp. 1333-1500. China Agricultural Sciencetech Press.

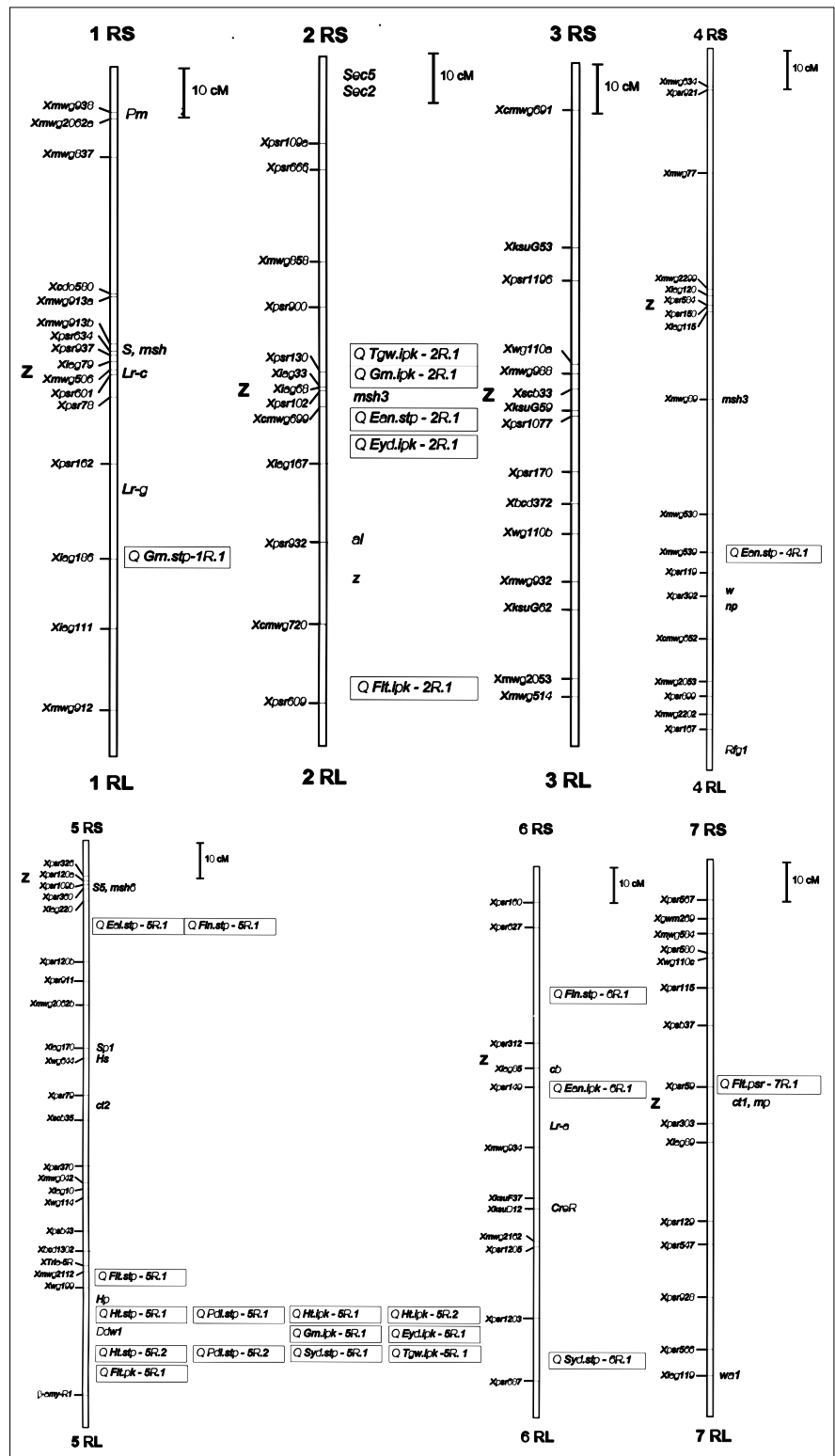


Abbildung 1: RFLP Kopplungskarten für die Chromosomen 1R, 2R, 3R, 4R, 5R, 6R und 7R. Die kartierten Loci sind links, die zugeordneten Majorgene und QTL's rechts dargestellt. Die genetischen Abstände (in cM) sind geschätzt. Z = Zentromerregion, S (Short) = kurzer Arm, L (Long) = langer Arm.

GRÄNER, A. A. JAHOR, J. SCHONDELMAIER, H. SIEDLER, K. PILLEN, G. FISCHBECK, G. WENZEL and R.G. HERRMANN, 1991: Construction of an RFLP map of barley. *Theor. Appl. Genet.* **83**, 250-256.

HEUN, M., A.E. KENNEDY, J.A. ANDERSON, N.L.V. LAPITAN, M.E. SORRELLS and S.D. TANKSLEY, 1991: Construction of a restriction fragment length polymorphism map for barley (*Hordeum vulgare*). *Genome* **34**, 437-447.

- KORZUN, V., G. MELZ and A. BÖRNER, 1996a: RFLP mapping of the dwarfing (*Ddw1*) and hairy peduncle (*Hp*) genes on chromosome 5 of rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* **92**, 1073-1077.
- KORZUN, V., N. KARTEL, J. PLASCHKE and A. BÖRNER, 1994: Construction and screening of a rye DNA Library for RFLP mapping. *Cereal Res. Commun* **22**, 151-157.
- KORZUN, V., S. MALYSHEV, A. VOYLOKOV and A. BÖRNER, 1997: RFLP based mapping of three mutant loci in rye (*Secale cereale* L.) and their relation to homoeologous loci within the *Gramineae*. *Theor. Appl. Genet.* **95**: 468-473.
- KORZUN, V., H.-J. BALZER, A. BALZER, H. BÄUMLEIN and A. BÖRNER, 1996b: Chromosomal location of three wheat sequences with homology to a pollen allergen encoding, DNA replication regulating and DNA (cytosine-5)-methyltransferase genes in wheat and rye. *Genome* **39**, 1213-1215.
- KORZUN, V., A. BÖRNER, R. SIEBERT, S. MALYSHEV, M. HILPERT, R. KUNZE and H. PUCHTA, 1999: Chromosomal location and genetic mapping of the mismatch repair gene homologs *MSH2*, *MSH3* and *MSH6* in rye and wheat. *Genome* (im Druck).
- KORZUN, V., S. MALYSHEV, N. KARTEL, T. WETSERMANN, W.E. WEBER and A. BÖRNER, 1998: A genetic Linkage map of rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* **96**, 203-208.
- LOARCE, Y., G. HUEROS and E. FERRER, 1996: A molecular Linkage map of rye. *Theor. Appl. Genet.* **93**, 1112-1118.
- McINTOSH, R.A., G.E. HART, K.M. DEVOS, M.D. GALE and W.J. ROGERS, 1998: Catalogue of gene symbols for wheat. In: Slinkard AE (ed), *Proc. 9th Int. Wheat Genet. Symp.*, vol. **5**, pp. 1-236. University Extension Press, University of Saskatchewan.
- MALYSHEV, S.V., T.O. KHYMYL, K.I. ZABENKOVA, A.V. VOYLOKOV, V.N. KORZUN and N.A. KARTEL, 1998: RFLP-based mapping of the Sec-2 and Sec-5 loci encoding 75K g-secalins of rye. *Plant Breeding* **117**, 329-333.
- NELSON, J.C., M.E. SORRELS, A.E. VAN DEYNZE, Y.H. LU, M. ATKINSON, M. BERNARD, P. LEROY, J.D. FARIS and J.A. ANDERSON, 1995: Molecular mapping of wheat: Major genes and rearrangements in homoeologous groups 4, 5, and 7. *Genetics* **141**, 721-731.
- O'DONOUGHUE, L.S., S.F. KIANIAN, P.J. RAYAPATI, G.A. PENNER, M.E. SORRELS, S.D. TANKSLEY, R.L. PHILLIPS, H.W. RINES, M. LEE, G. FEDAK, S.J. MOLNAR, D. HOFFMAN, C.A. SALAS, B. WU, E. ATRIQUE and A. VAN DEYNZE, 1995: A molecular Linkage map of cultivated oat. *Genome* **38**, 368-380.
- PHILLIP, U., P. WEHLING and G. WRICKE, 1994: A Linkage map of rye. *Theor. Appl. Genet.* **88**, 243-248.
- PLASCHKE, J., V. KORZUN, R.M.D. KOEBNER and A. BÖRNER, 1995: Mapping of the GA₃-insensitive dwarfing gene *ct1* on chromosome 7R in rye. *Plant Breed.* **114**, 113-116.
- PLASCHKE, J., A. BÖRNER, D.X. XIE, R.M.D. KOEBNER, R. SCHLEGEL and M.D. GALE, 1993: RFLP-mapping of genes affecting plant height and growth habit in rye. *Theor. Appl. Genet.* **85**, 1049-1054.
- RUGE, B., S.R. ROUX, A. LINZ und P. WEHLING, 1999: Erschließung und molekulare Charakterisierung von Resistenzen gegen Braunrost. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* **46**, 169-176.
- SENF, P. and G. WRICKE, 1996: An extended genetic map of rye (*Secale cereale* L.). *Plant Breed.* **115**, 508-510.
- TAYLOR, C., K.W. SHEPHERD and P. LANGRIDGE, 1998: A molecular genetic map of the long arm of chromosome 6R of rye incorporating the cereal cyst nematode resistance gene, *CreR*. *Theor. Appl. Genet.* **97**, 1000-1012.
- VOYLOKOV, A.V., V. KORZUN and A. BÖRNER, 1998: Mapping of three self-fertility mutations in rye (*Secale cereale* L.) by using RFLP, isozyme and morphological markers. *Theor. Appl. Genet.* **97**, 147-153.
- WRICKE, G., P. DILL and P. SENFT, 1996: Linkage between a major gene for powdery mildew resistance and an RFLP marker on chromosome 1R of rye. *Plant Breed.* **115**, 71-73.

