

Einsatz von Markern in der Getreidezüchtung zur Nutzung genetischer Ressourcen

Use of markers in cereal breeding to exploit plant genetic resources

Michael Koch^{1*}, Jens Vaupel² und Brigitte Ruge-Wehling³

Abstract

Plant genetic resources are of significance in delivering effective resistance genes. A lot of effective resistance genes were described in the past in *Hordeum bulbosum*. Because *H. bulbosum* needs to be forced to cross pollinate with *H. vulgare*, it belongs only to the secondary gene pool of barley. Therefore *H. bulbosum* was only marginally used in practical plant breeding so far. In the present paper the mapping of different resistance genes against Barley mild mosaic virus (BaMMV), Barley yellow mosaic virus (BaYMV), Leaf rust, Scald and Powdery mildew along with the development of DNA markers is summarized. In addition the ongoing integration of these resistance genes in breeding material by use of DNA markers, the yield performance of introgression lines and marker selected lines and its importance in respect to latest results of BaYMV-2 distribution in Germany is discussed.

Keywords

Barley, *Hordeum bulbosum*, marker assisted selection, Barley yellow mosaic virus, plant genetic resources

Pflanzengenetische Ressourcen können zur Verbesserung von adaptierten Genotypen genutzt werden und vermeiden die Einengung der genetischen Diversität.

H. bulbosum bildet den sekundären Genpool der Gerste und stellt somit eine genetische Ressource dar. Artbastarde zwischen *H. bulbosum* und *H. vulgare* sind aufgrund prä- und postzygotischer Kreuzungsbarrieren sehr schwierig herzustellen. PICKERING (1988, 1992) und SZIGAT und SZIGAT (1991) berichteten über die erfolgreiche Erstellung von *H. bulbosum*-*H. vulgare*-Hybriden.

Kartierung verschiedener Resistenzgene aus *H. bulbosum*

In verschiedenen Forschungsprojekten, die gemeinsam vom Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen (Julius-Kühn-Institut, Gross-Lüsewitz) und der Deutschen Saatveredelung AG durchgeführt wurden, konnten Resistenzgene gegen BaMMV, BaYMV-1, BaYMV-2, Mehltau, Zwergrost und Rhynchosporium kartiert werden,

die auf *H. bulbosum*-Introgressionen lokalisiert sind (RUGE et al. 2003, RUGE et al. 2005, RUGE-WEHLING et al. 2006, PICKERING et al. 2006) (Tabelle 1).

Im Rahmen der Kartierung konnten zu den Resistenzgenen eng gekoppelte Marker entwickelt werden, die für eine markergestützte Selektion genutzt werden können.

Abbildung 1 zeigt am Beispiel von *Rrs16Hb* die erfolgreiche Nutzung eines kartierten DNA-Markers in Zuchtmaterial. Im Vergleich zu den vorgefundenen *H. vulgare*-Allelen in den Kartierungspopulationen ist im Zuchtmaterial ein bis dahin unbekanntes *H. vulgare*-Allel zu beobachten.

Ertragsprüfung von *H. bulbosum*-Introgressionslinien

In einer Ertragsprüfung wurden die *H. bulbosum*-Introgressionslinien, die als Resistenzspender in markergestützten Rückkreuzungsprogrammen genutzt werden, verglichen mit den beiden *H. vulgare*-Wintergerste-Rückkreuzungseltern der Introgressionslinien und aktuellen Wintergersten-Sorten. Als *H. vulgare*-Wintergerste-Rückkreuzungseltern für *H. bulbosum* wurden Borwina und Vogelsanger Gold genutzt. Als Versuchsdesign wurde eine Blockanlage mit einer Wiederholung gewählt. Die Ertragsprüfung erfolgte über zwei Jahre. Im ersten Jahr wurde an drei Orten, im zweiten Jahr an fünf Orten geprüft. Die *H. vulgare*-Wintergerste-Rückkreuzungseltern wurden nur im zweiten Jahr mitgetestet.

In beiden Prüfjahren lagen die Erträge der *H. bulbosum*-Introgressionslinien signifikant unter den Erträgen der aktuellen Wintergersten-Sorten. Im ersten Prüfjahr erreichten die *H. bulbosum*-Introgressionslinien im Mittel 70,4 dt/ha, die aktuellen Wintergersten-Sorten im Mittel

Tabelle 1: Kartierte Resistenzgene aus *H. bulbosum* (RUGE et al. 2003, RUGE et al. 2005, RUGE-WEHLING et al. 2006, PICKERING et al. 2006)

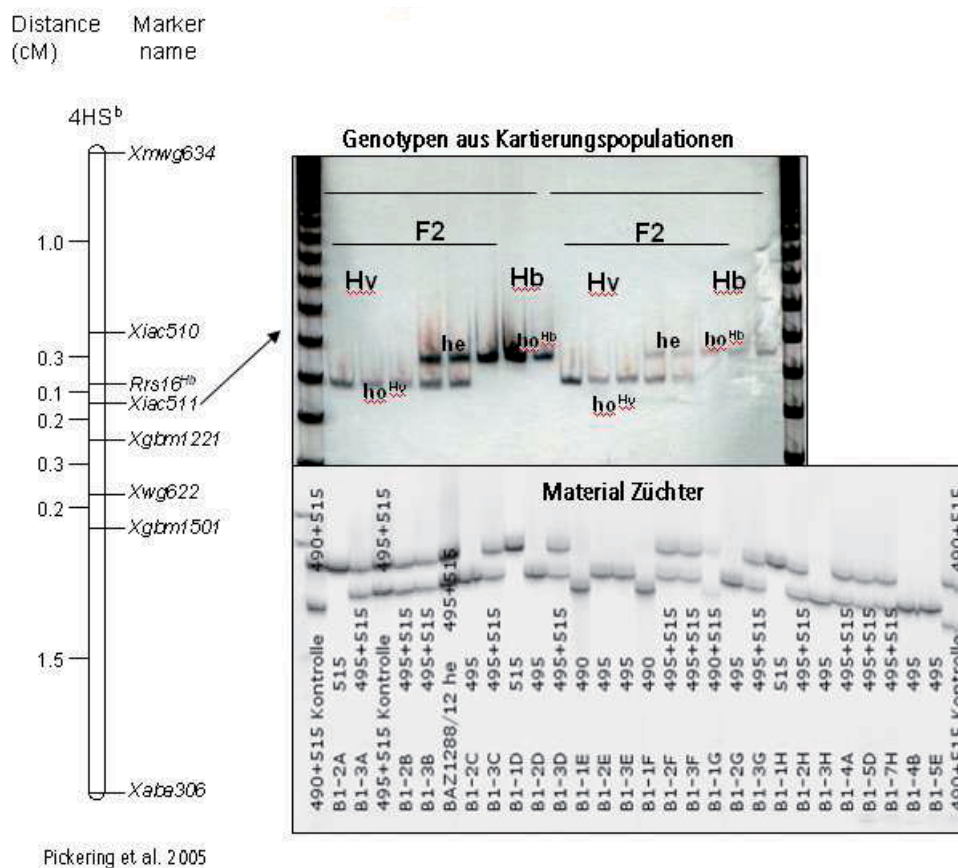
Resistenz	Lokalisation	Resistenzgen
BaMMV, BaYMV-1, -2	6HS	<i>Rym14Hb</i>
BaMMV, BaYMV-1, -2	2HL	<i>Rym16Hb</i>
<i>Blumeria graminis</i>	2HS	<i>MIHb</i>
<i>Puccinia hordei</i>	2HL	<i>Rph21Hb</i>
<i>Puccinia hordei</i>	5HL	<i>Rph22Hb</i>
<i>Rhynchosporium secalis</i>	4HS	<i>Rrs16Hb</i>

¹ Deutsche Saatveredelung AG, Thueler Straße 30, D-33154 SALZKOTTEN

² Deutsche Saatveredelung AG, Leutewitz 26, D-01665 KÄBSCHÜTZTAL

³ Julius-Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Gross-Lüsewitz, Rudolf-Schick-Platz 3a, D-18190 SANITZ

* Ansprechpartner: Michael KOCH, koch@dsv-saaten.de



Pickering et al. 2005

Abbildung 1: Selektionsmarker Xiac511 mit Kartenposition, Anwendung in zwei Kartierungspopulationen und in Zuchtstämmen

91,9 dt/ha bei einer Grenzdifferenz (5%) von 12,7 dt/ha. Im zweiten Prüffahr wurden von den *H. bulbosum*-Introgressionslinien im Mittel 61,9 dt/ha, von den aktuellen Wintergersten-Sorten im Mittel 76,1 dt/ha geerntet, wobei die *H. vulgare*-Wintergerste-Rückkreuzungseltern mit 69,5 dt/ha bei einer Grenzdifferenz (5%) von 8,19 dt/ha als gleich mit den *H. bulbosum*-Introgressionslinien eingestuft werden können.

Züchterische Weiterführung von *H. bulbosum*-Introgressionslinien

Die in Tabelle 1 beschriebenen Resistenzen aus *H. bulbosum* werden derzeit in aktuelles Zuchtmaterial eingelagert. Durch Nutzung der entwickelten Selektionsmarker werden Rückkreuzungsprogramme effizienter realisierbar.

Für die beiden *H. bulbosum*-Virusresistenzgene *Rym14Hb* und *Rym16Hb* wurde in eigenen Beobachtungen nachgewiesen, dass die Markerselektion effektiv ist. Beim Vergleich von Felddonituren mit Markerergebnissen über verschiedene Nachkommenschaften bestätigte die Felddonitur die Markerselektion in den meisten Fällen.

Für Rückkreuzungsprodukte, die mit Marker auf Präsenz von *Rym14Hb* selektiert wurden, wurden ebenfalls Ertragsprüfungen im Rahmen des Zuchtprogrammes vorgenommen. Nachkommen mit *Rym14Hb* aus verschiedenen DH-Populationen wurden getestet im Vergleich zu mehrzeiligen Wintergersten-Sorten. Von diesen 28 Nachkommen mit

Rym14Hb wurden im Mittel 89,9 dt/ha gedroschen. Die mehrzeiligen Wintergersten-Sorten erbrachten 105,8 dt/ha im Mittel. Wobei *Rym14Hb* allerdings in zweizeilige Wintergersten eingelagert wurde, so dass die DH-Nachkommen mit *Rym14Hb* im Weiteren mit aktuellen zweizeiligen Wintergersten verglichen werden müssen.

Neue Herausforderungen durch das Gelbmosaikvirus BaYMV-2

Die Nutzung von *Rym14Hb* und *Rym16Hb* für die Virus-Resistenz-Züchtung bei Wintergerste gewinnt an Bedeutung, bei Betrachtung der Verbreitung von BaYMV-2 in Deutschland.

HILGENSLOH et al. 2009 zeigten in einem Monitoring-Projekt, welches in 2008/09 durchgeführt wurde, dass BaYMV-2 in Nordrhein-Westfalen, Hessen und Süd-Niedersachsen an vielen Standorten nachgewiesen wurde. Somit ist auf diesen Flächen die bisher genutzte BaMMV- und BaYMV-1-Resistenz, welche in den meisten Wintergersten-Sorten vorhanden ist, nicht mehr nutzbar. Derzeit gibt es nur drei zugelassene Wintergersten-Sorten, die Resistenz gegen BaYMV-2 tragen und dementsprechend auf BaYMV-2-Befallsstandorten angebaut werden könnten (ANONYMOUS 2009).

Sowohl *Rym14Hb* als auch *Rym16Hb* verleihen Resistenz gegen diesen Virus-Typ und stellen damit eine Alternative zur Züchtung auf BaYMV-2-Resistenz dar.

Schlussbetrachtung

Wie die vorliegenden Ergebnisse zeigen ist die Erschließung der genetischen Ressource *H. bulbosum* mit erheblichem züchterischen Aufwand verbunden. Basismaterial mit Resistenzgenen gegen wichtige Krankheiten konnte erstellt und Resistenzgene aus *H. bulbosum* kartiert werden. Zugleich wurden als Selektionshilfe eng gekoppelte Marker entwickelt, die es ermöglichen, die Resistenzgene effizient zu selektieren. Allerdings zeigten *H. bulbosum*-Introgressionslinien niedrigere Erträge in Leistungsprüfungen.

Vor dem Hintergrund der breiten Verbreitung von BaYMV-2 ist eine frühzeitige Resistenzzüchtung auf einer möglichst breiten Resistenzbasis wünschenswert.

Danksagung

H. bulbosum-Introgressionslinien wurden von M. Michel und Dr. R. Pickering erstellt. Die Resistenztests konnten freundlicherweise von Dr. G. Proeseler, Dr. A. Habekuß und Dr. G. Schweizer und ihren Mitarbeitern durchgeführt werden. Elementar im Hinblick auf die Markerentwicklung waren die Arbeiten von Dr. B. Ruge-Wehling und ihrem Team.

Literatur

ANONYMOUS, 2009: Beschreibende Sortenliste 2009, 20-28.

- HILGENSLOH S, SÜNDER A, HÜSEMANN A, WELLIE-STEPHAN O, SCHÄFER BC, RABENSTEIN F, 2009: BaYMV-2 schon weiter verbreitet als angenommen. *GetreideMagazin* 4/2009, 206-209.
- PICKERING RA, 1988: The production of fertile triploid hybrids between *Hordeum vulgare* L. ($2n = 2x = 14$) and *H. bulbosum* ($2n = 4x = 28$). *Barley Genet Newslett* 18, 25-29.
- PICKERING RA, 1992: Monosomic and double monosomic substitutions of *Hordeum bulbosum* L. chromosomes into *H. vulgare* L. *Theor Appl Genet* 84, 466-472.
- PICKERING R, RUGE-WEHLING B, JOHNSTON PA, SCHWEIZER G, ACKERMANN P, WEHLING P, 2006: The transfer of a gene conferring resistance to scald (*Rhynchosporium secalis*) from *Hordeum bulbosum* into *H. vulgare* chromosome 4HS. *Plant Breeding* 125, 576-579.
- RUGE B, LINZ A, PICKERING R, PROESELER G, GREIF P, WEHLING P, 2003: Mapping of *Rym14Hb*, a gene introgressed from *Hordeum bulbosum* and conferring resistance to BaMMV and BaYMV in barley. *Theor Appl Genet* 107, 965-971.
- RUGE B, LINZ A, ACKERMANN P, HABEKUSS A, SCHWEIZER G, PICKERING R, WEHLING P, 2005: Kartierung von Resistenz bedingenden *Hordeum bulbosum*-Introgressionen im Gerstengenom. *Vortr Pflanzenzüchtg* 67, 166-177.
- RUGE-WEHLING B, LINZ A, HABEKUSS A, WEHLING P, 2006: Mapping of *Rym16Hb*, the second soilborne virus-resistance gene introgressed from *Hordeum bulbosum*. *Theor Appl Genet* 113, 867-873.
- SZIGAT GI, SZIGAT GE, 1991: Amphidiploid hybrids between *Hordeum vulgare* and *H. bulbosum* - basis for the development of new initial material for winter barley breeding. *Vortr Pflanzenzüchtg* 20, 34-39.