

Genetische Diversität SBCMV- und WSSMV-resistenter und anfälliger Weizengenotypen

K. HUMBROICH, H. JAISER, A. SCHIEMANN, P. DEVAUX, A. JACOBI, W. FRIEDT und F. ORDON

In den letzten Jahren gewannen in Europa bodenbürtige Viren im Weizenanbau zunehmend an wirtschaftlicher Bedeutung; dabei handelt es sich um *Soil-borne cereal mosaic furovirus* (SBCMV) und *Wheat spindle streak mosaic bymovirus* (WSSMV). Aufgrund der vektorialen Übertragung der Viren durch den bodenbürtigen Pilz *Polymyxa graminis* ist weder eine chemische Bekämpfung dieser Viren noch eine weite Fruchtfolgegestaltung der Wirtspflanze effektiv. Die einzige Bekämpfungsmöglichkeit dieser Viren beruht daher auf der Züchtung resistenter Sorten. Die Züchtung dieser Sorten kann heute durch Einsatz molekularer Marker effizienter gestaltet werden. Ziel des Projektes war daher die Identifikation resistenter bzw. toleranter Genotypen gegenüber SBCMV und WSSMV gefolgt von einer molekularen Genotypisierung des bearbeiteten Weizenmaterials, als Basis für den Beginn eines zielgerichteten Resistenzzüchtungsprogramms.

Zur Identifikation resistenter Weizengenotypen gegenüber WSSMV und

SBCMV wurden 1146 Sorten und Genotypen in Feldversuchen in Frankreich getestet, von denen 64 potentielle Kreuzungspartner auf molekularer Ebene unter Verwendung von 40 Mikrosatelliten und 30 weiteren *EcoRI*+3/*MseI*+3 AFLP-Primerkombinationen charakterisiert wurden. Die Auswertung der Bandenmuster erfolgte mit Hilfe der Software RFLP-Scan, und basierend auf dieser 0/1 Matrix wurde die genetische Ähnlichkeit nach NEI und LI (1979) unter Verwendung der Software Ntsys 2.0 errechnet sowie die genetische Diversität nach Shannon-Weaver (1949). Im Rahmen der SSR-Analysen wurden insgesamt 305 Fragmente detektiert entsprechend durchschnittlich 7,65 Allelen pro Locus. Innerhalb des Sortimentes wurde anhand der Daten eine genetische Diversität (DI) von $DI=0,59$ ermittelt und die genetische Ähnlichkeit (GS) umfasste einen Bereich von $GS=0,19-1,00$ (Mittelwert $GS=0,49$). Ähnliche Ergebnisse zeigten die AFLP-Analysen.

Basierend auf der Untersuchung von 1847 Fragmenten wurde die genetische

Diversität mit $DI=0,521$ und die genetische Ähnlichkeit mit $GS=0,52-1,00$ (Mittel $GS=0,74$) bestimmt. Die Clusteranalysen, die auf den genetischen Ähnlichkeitskoeffizienten basieren, zeigten eine deutliche Gruppierung von Genotypen gleicher geographischer Herkunft, welche sich weiter entsprechend der Herkunft der untersuchten Sorten (Züchterhäuser) untergliedert.

Aufgrund dieser Ergebnisse ist von einer ausreichenden genetischen Variabilität innerhalb der resistenten Linien sowie im Vergleich zu anfälligen Sorten auszugehen, so dass die Basis für eine effektive Resistenzzüchtung gegen SBCMV und WSSMV gegeben ist.

Danksagung

Das Projekt wurde durchgeführt mit finanzieller Unterstützung der Commission of the European Communities (Contract No QLK5-CT-2002-71855), Directorate-General Research - Quality of Life and Management of Living Resources Programme.

Autoren: Dipl.-Ing.agr. Katrin HUMBROICH und Prof. Dr. Dr. h.c. Wolfgang FRIEDT, Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung, IFZ, Justus-Liebig-Universität Giessen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, D-35392 GIESSEN; Dr. Heidi JAISER und Andrea SCHIEMANN, Pajbjergfonden, Gersdorffslundvej 1, Hou, DK-8300 ODDER; Pierre DEVAUX, SA Florimond Desprez Veuve & Fils, 3 rue Florimond Desprez, F-59242 CAPPELLE-EN-PÉVÈLE; Dr. Andreas JACOBI, W. von Borries-Eckendorf GmbH & Co, Bielefelder Straße 223, D-33818 LEOPOLDSHÖHE; PD Dr. Frank ORDON, Institut für Epidemiologie und Resistenzressourcen, Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Theodor-Roemer-Weg 4, D-06449 ASCHERSLEBEN

