

Genetische Untersuchungen zur Turnip yellow virus (TuYV) Resistenz bei Winterraps (*Brassica napus* L.) und Entwicklung molekularer Marker

M. JUERGENS, I. KRÄMER, R. SNOWDON, F. RABENSTEIN und F. ORDON

Das TuYV gehört zur Gruppe der Luteoviridae und wird ausschließlich durch Blattläuse übertragen. Es verursacht rote bis violette Blattverfärbungen der befallenen Pflanzen, Wachsminderungen und Ertragsverluste, welche bei künstlicher Inokulation mit TuYV im Durchschnitt der Jahre bei ca. 14% liegen. Bisher liegen noch keine detaillierten Erkenntnisse über die Genetik der Resistenz vor, welche die Voraussetzung für eine gezielte züchterische Bearbeitung der TuYV-Resistenz sind. Das Ziel dieser Arbeiten ist daher die Aufklärung der Genetik der aus R54 stammenden Resistenz und die Entwicklung molekularer Marker als Basis für die Züchtung TuYV-resistenter Winterrapsorten.

In Feldversuchen wurden in der Vegetationsperiode 2004/2005 und 2005/2006 insgesamt 113 DH Linien, welche auf drei verschiedene Kreuzungskombinationen (resistent x anfällig) zurückgehen, Anfang Oktober künstlich mit TuYV

infiziert und der Virustiter über den gesamten Vegetationsverlauf mittels DAS-ELISA bestimmt. Unter Annahme des von GRAICHEN festgelegten Schwellenwertes von $E_{405} = 0,1$ zeigte sich im Dezember eine Anpassung an eine 1r:1s Spaltung (Dez. 2004: $\chi^2 = 1,99$; Dez. 2005: $\chi^2 = 1,07$), wobei jedoch innerhalb der anfälligen Genotypen eine erhebliche Variation des Virustiters festzustellen war. In wiederholten Messungen von April bis Juni zeigte sich eine kontinuierliche Erhöhung des Virutiters, d.h. bei Beibehaltung des Schwellenwertes eine Zunahme anfälliger Pflanzen, der jedoch i.d.R. nicht den Virustiter der bereits im Dezember als anfällig eingestuften Pflanzen erreichte.

Basierend auf diesen phänotypischen Daten, konnten unter Verwendung von 190 über das Genom verteilten Mikrosatelliten (SSRs) und der 'bulk segregant analysis (BSA)' bisher in den DH-Populationen unter Beteiligung von 'Ca-

letta' ein Marker identifiziert werden, welcher mit der Resistenz cosegregiert. Parallel zu diesen Arbeiten wurden 256 EcoRI+3/MseI+3 AFLP Kombinationen analysiert. Dabei konnte bisher ein Marker identifiziert werden, welcher im Gegensatz zu dem Mikrosatelliten auf allen drei DH-Populationen polymorph ist und eine Kopplung mit der TuYV-Resistenz von 1,77 cM zeigt.

Das entsprechende Fragment wurde aus Silbergelen ausgeschnitten und sequenziert um allelspezifische Primer bzw. CAPs Marker zu entwickeln, welche in der praktischen Züchtung nutzbar sind.

Danksagung

Wir danken dem Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (BMW) für die finanzielle Unterstützung im Rahmen von PRO INNO II sowie SW Seeds Hadmersleben für die Bereitstellung der DH-Linien.

Autoren: Dr. Monique JUERGENS, Raps GbR, Saatzucht Lundsgaard, Streichmühler Straße 8a, D-24977 GRUNDHOF; Dr. Ilona KRÄMER und PD Dr. Frank ORDON, Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Institut für Epidemiologie und Resistenzresourcen und Dr. Frank RABENSTEIN, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Erwin-Bauer-Straße 27, D-06484 QUEDLINBURG; Dr. Rod SNOWDON, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung I, Justus-Liebig-Universität, Heinrich-Buff-Ring 26-32, D-35392 GIESSEN

