

# Fusarium Resistenz von Winterweizen (*Triticum aestivum*) - Kandidatengenanalyse zur Entwicklung und Kartierung funktioneller genetischer Marker

M. RHIEL, S. MIKOLAJEWSKI, G. SCHWEIZER, W. FRIEDT und C. WAGNER

Die durch Pilzpathogene der Gattung *Fusarium* verursachten Ährenfusariosen besitzen weltweit eine erhebliche gesundheitliche und wirtschaftliche Bedeutung. Neben den negativen Auswirkungen auf Ertrag und Verarbeitungsqualität kann *Fusarium*-Befall zur Kontamination des Erntegutes mit Pilzgiften (Mykotoxinen) führen. Dabei stellen insbesondere die Mykotoxine Deoxynivalenol (DON) und Nivalenol (NIV) durch die toxische Belastung von Getreidemehl und Schrot ein beträchtliches Gesundheitsrisiko für Mensch und Tier dar. Das Ziel des hier vorgestellten Projektes ist die Identifizierung und Kartierung von resistenz-assoziierten Kandidatengen und Resistenzgenanaloga (RGA) in den Populationen 'Dream' (resistent) x 'Lynx' (anfällig) und 'G16-92' (resistent) x 'Hussar' (anfällig). Unter Verwendung einer bereits bestehenden QTL-Karte werden im Weiteren funktionelle diagnostische Selektionsmarker für *Fusarium*-Resistenz entwickelt.

Für das Ausgangsmaterial für den Kandidatengenansatz, die beiden Winterweizenpopulationen 'Dream'/'Lynx' sowie 'G16-92'/'Hussar' der LfL Bayern, Freising, liegen QTL Karten für *Fusarium*-

Resistenz vor (SCHMOLKE et al. 2005, TAG 111, 747-756; HARTL, unveröff.). In der Population 'Dream'/'Lynx' wurden QTL auf den Chromosomen 6AL, 1B, 2BL und 7BS, in der Population 'G16-92'/'Hussar' auf 1A, 1BS, 2BL und 4A identifiziert. Über die beiden Kreuzungen hinaus wird die Kandidatengenanalyse an einem Kernsortiment bestehend aus Weizenherkünften mit unterschiedlichen *Fusarium*-Resistenzigenschaften durchgeführt. Im Rahmen der Kandidatengenanalyse werden Primer für Weizen-RGA-Motive (NBS, TIR, LRR, CC) sowie Primerkombinationen resistenzassoziiierter ESTs basierend auf Sequenzinformationen öffentlicher Datenbanken sowie der Fachliteratur entwickelt. Die PCR Produkte werden reamplifiziert und sequenziert. Durch Sequenzanalyse werden SNPs und INDELs für eine weitere Kartierung identifiziert. Basierend auf den spezifischen Sequenzinformationen amplifizierter RGA- und EST-Introns werden lokusspezifische Primer abgeleitet. Die resultierenden genspezifischen Fragmente werden im Kernsortiment differenzierender Weizenlinien amplifiziert. Allelspezifische Marker werden gestützt auf eine vergleichende Sequenzanalyse der

generierten PCR-Produkte entwickelt. Um die Expressionsunterschiede der identifizierten differentiellen Kandidatengene und ESTs möglichst exakt zu analysieren, wird zusätzlich eine quantitative PCR (qPCR) durchgeführt.

Für die Lokalisation der ESTs und für die Klärung des Einflusses der resistenz-assoziierten Gene auf die *Fusarium*-Resistenz in den vorgegebenen Populationen werden die amplifizierten ESTs über eine SNP-Analyse, Southern-Hybridisierung oder als PCR-Marker in die Weizen-Kartierungspopulationen 'Dream'/'Lynx' bzw. 'G16-92'/'Hussar' integriert. Hierdurch kann eine vergleichende Kartierung im Hinblick auf die bereits lokalisierten QTL für *Fusarium*-Resistenz erfolgen. Die detektierten SNPs bzw. INDELs bilden die Grundlage für die Entwicklung funktioneller diagnostischer Marker für die praktische Pflanzenzüchtung auf *Fusarium*-Resistenz. Durch eine Assoziationsstudie an einem umfassenderen Sortiment von Weizenherkünften kann die Effizienz der entwickelten funktionellen Marker für eine markergestützte Selektion beurteilt bzw. Haplotypen mit einem erhöhten Resistenzpotential identifiziert werden.

**Autoren:** MCs. Markus RHIEL, Prof. Dr. Dr. h.c. Wolfgang FRIEDT und Dr. Carola WAGNER, Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung, IFZ, Justus-Liebig-Universität Giessen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, D-35392 GIESSEN; Dr. Sabine MIKOLAJEWSKI und Dr. Günther SCHWEIZER, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Am Gereuth 2, D-85354 FREISING

