

Genetische Kartierung von Kohlhernie (*Plasmodiophora brassicae*) - Resistenzgenen in Raps

Dipl.-Ing. agr. Susanne Stefanie Werner

Dr.-Vater: Prof. Dr. C. Jung

Die Kohlhernie wird durch den Erreger *Plasmodiophora brassicae* hervorgerufen und ist eine weltweit verbreitete Wurzelkrankheit im Raps, die große wirtschaftliche Schäden anrichtet. Die früher als Pilz, heute als Protist (Einzeller) klassifizierten Erreger verursachen durch Hormonfreisetzung tumorartige Verdickungen der Wurzel. Es kommt zu einer erheblichen Störung des Wasser- und Nährstoffhaushalts. Dies führt zu Welke, Gelbfärbung der Blätter und reduziertem Wuchs.

Unter den *Brassicaceae* (Kreuzblütler), zu denen der Raps zählt, gibt es jedoch auch resistente Formen gegenüber dieser Krankheit. Bei Befall verholzen sich die betroffenen Wurzelzellen der Pflanze und verhindern so die Ausbreitung der Endoparasiten.

Die Grundarten des Raps (*Brassica napus* L.) mit den Genomen A und C tragen natürliche Resistenzen. *B. rapa* (A-Genom) besitzt eine qualitative Resistenz gegenüber *P. brassicae*, die auf wenigen dominant wirkenden Genen beruht und rassenspezifisch ist. *B. oleracea* (C-Genom) besitzt quantitative Resistenz, die polygen vererbt wird und rassenspezifisch wirkt.

Ziel dieser Arbeit war die Identifizierung und Kartierung von quantitative trait loci (QTL) für das Merkmal der Kohlhernieresistenz in Raps. Für die Arbeit standen zwei DH-Populationen zur Verfügung, die zuvor mit sieben (DH914) bzw. drei (DH918) Isolaten untersucht worden waren. Dabei wurde in zwei Stufen vorgegangen: Zunächst wurden anhand des Isolates „01:60“ DNA-Pools der DH914 zusammengestellt („*bulked segregant*“-Analyse, BSA) und mit 165AFLP- (*amplified fragment length polymorphism*) Primerkombinationen (PK) getestet. Ziel war die Identifikation von eng mit der Resistenz gekoppelten Markern. Danach wurden zwei Kopplungskarten der doppelhaploiden (DH) Populationen DH914 und DH918 erstellt. Die Kartierung erfolgte an DH-Linien, die durch Kreuzung einer kohlhernieresistenten DH-Linie („263/11“) mit einem anfälligen Raps erzeugt wurden. Die Markerkarten umfassten 1570,6 cM (DH914) und 1026,0 cM (DH918) bzw. 305 und 319 AFLP-Marker, sowie 89 SSR (*simple sequence repeat*) Marker in der DH914. Die Kartierung der QTL und die Berechnung der genetischen Variation am Merkmal Kohlhernieresistenz wurde mit der Methode des „*composite interval mapping*“ durchgeführt.

Mit Hilfe der BSA konnten auf eine schnelle und einfache Weise mit Kohlhernieresistenz gekoppelte Marker identifiziert werden. 35 der 165 getesteten PK zeigten für 43 Marker eine Kopplung zum Merkmal der Kohlhernieresistenz, 41 dieser Marker konnten in der DH914 kartiert werden. Durch die QTL-Analyse konnten insgesamt 32 QTL im Rapsgenom der DH914 und sieben QTL in der Population DH918 identifiziert werden.

In der DH914 lagen sie auf den Chromosomen N01, N02, N03, N08, N09, N13, N14, N15, N16 und N19 und erklärten zwischen 7,7 % und 67,5 % der genetischen Variation. Die QTL der Chromosomen N03 und N08 des *B. rapa*-Genoms (N01-N10) zeigten einen verhältnismäßig großen Einfluss mit bis zu 67,5 % bzw. 31,9 % erklärter Variation, während QTL des *B. oleracea*-Genoms (N11-N19) einen geringen Einfluss auf die Resistenz zeigten (max. 28,6 %). Die Ausnahme stellte ein QTL auf Chromosom N19, der mit 42,3 % den Hauptanteil der genetischen Variation erklärte.

Innerhalb der DH918 konnten sieben QTL identifiziert werden, die zwischen 23,3 % und 49,6 % der genetischen Variation erklärten. Diese konnten auf den Chromosomen N01, N08, N13 und N19 kartiert werden. Die Verifikation gemeinsamer QTL zwischen DH914 und DH918 erfolgte mit dem in beiden Populationen getesteten Isolat „e4x04“. Drei der vier QTL für das gemeinsame Isolat „e4x04“ konnten im Vergleich der beiden Populationen bestätigt werden.

Um zu überprüfen, ob einer der Raps-QTL auf einer syntenen Region zum Kohlhernie-Resistenzgen *RPB1* auf dem *Arabidopsis* Chromosom 1 liegt, wurden AFLP-Fragmente aus QTL-Intervallen sowie PCR-Produkte von *Arabidopsis*-Primern sequenziert und analysiert. Es konnte jedoch keine Homologie zwischen *Arabidopsis* und Raps gefunden werden, die eine identische Position der lokalisierten QTL und des R-Gens *RPB1* in *Arabidopsis* zeigte. Dagegen konnte Homologie des Markers P45M50_173, der mit dem QTL „k_7“ auf Chromosom N19 gekoppelt ist, an nahezu der gleichen Position in *Arabidopsis* gefunden werden, wie für das in *B. rapa* gefundene Resistenzgen *Crr2*. Die Ergebnisse zeigen, dass Resistenzgene eines gemeinsamen Vorfahren existieren und diese in der gleichen Region auf den Chromosomen zu finden sind.