

Genetische Kartierung und molekulare Identifizierung von Genen für Speicherwurzelbildung in *Brassica napus* L.

Dipl.-Ing. agr. Tina Lange

1. Berichterstatter: Prof. Dr. C. Jung

Weltweit haben Kulturpflanzenarten, deren Speicherwurzel genutzt wird, in Landwirtschaft und Gartenbau eine große wirtschaftliche Bedeutung. Die Vermehrung der Zellen des primären Wurzelkörpers für Speichierzwecke geschieht bei dikotylen Angiospermen durch sekundäres Dickenwachstum mit Hilfe eines Kambiums. Die Kambiumzellen teilen sich, wobei das nach innen abgegebene Gewebe Holz genannt wird, das nach außen abgeschiedene Bast. Neben der Vermehrung trägt auch die Vergrößerung der Zellen zur Zunahme der Größe des Rübenkörpers bei. Über die molekulare Grundlage der Speicherwurzelbildung ist fast nichts bekannt. Ziel des Projekts war deshalb die genetische Kartierung und molekulare Identifizierung von Genen, die an der Speicherwurzelbildung beteiligt sind. Als Modell wurde die Steckrübe (*Brassica napus rapifera*) gewählt, eine nahe Verwandte des Raps (*Brassica napus oleifera*). Die Steckrübe ist eine zweijährige Pflanze, die im ersten Jahr eine Blattrosette und eine Rübe bildet. Aus einer Kreuzung zwischen der Raps Hybridsorte Talent und Steckrübenzuchtmaterial wurde eine F3-Population erzeugt. Im Feldversuch zeigten 171 F3-Familien in beiden Jahren eine große phänotypische Variation für Speicherwurzelbildung. Für die Wurzelmerkmale Gewicht, Durchmesser und Trockensubstanz wurde eine kontinuierliche Variation und Transgression der Merkmalswerte über die der Eltern beobachtet. Die drei Wurzelmerkmale waren positiv korreliert ($r = 0,66 - 0,89$ für das erste und $r = 0,54 - 0,85$ für das zweite Versuchsjahr). Die Heritabilität der Wurzelmerkmale war mit 0,48 für Gewicht, 0,50 für Durchmesser und 0,35 für Trockensubstanz niedrig bis mittel. Die F2-Eltern der F3-Population wurden zur Erstellung einer genetischen Kopplungskarte genotypisiert. Die Karte deckt 1028,5 cM des *B. napus* Genoms ab und besteht aus 19 Kopplungsgruppen mit 158 AFLP-Markern. Zwölf Kopplungsgruppen konnten über neun SSR-Ankermarker und fünf AFLP-Marker einem *B. napus* Chromosom zugeordnet werden. Für das Wurzelgewicht wurden drei QTL detektiert, zwei dieser QTL kartierten auf Chromosom N01. Für den Wurzeldurchmesser wurden acht QTL kartiert, vier davon auf N01, N11, N13 bzw. N17. Für die Wurzeltrockensubstanz wurden zwei QTL für das erste Versuchsjahr auf N01 kartiert. Jeder QTL erklärte jeweils nur einen geringen Anteil (7 % – 14,5 %) der phänotypischen Varianz. Zwei QTL für Wurzeldurchmesser waren für die beiden Versuchsjahre gleich. Anhand von Wurzelquerschnitten wurde festgestellt, dass das sekundäre Dickenwachstum in Raps und Steckrübe nicht früher als sieben Tage nach der Keimung einsetzt. Für spätere Zeitpunkte (14, 21 und 28 Tage nach der Keimung) wurden Zellteilungen im Bereich des Kambiums beobachtet, wobei kein grundsätzlicher Unterschied zwischen Raps und Steckrübe zu sehen war. Neben der QTL-Kartierung wurde in einem Kandidatengenansatz eine subtraktive cDNA-Bank erstellt, deren 600 Klone während des sekundären Dickenwachstums von Steckrübenwurzeln hochregulierte Gene repräsentieren. Für 504 Sequenzen wurden Homologien ($< E^{-10}$) gefunden, 277 davon waren unabhängige ESTs. Die ESTs zeigten Ähnlichkeiten zu Genen, die in die Kategorien Metabolismus (20 %), Proteinsynthese (10,5 %), Proteinmetabolismus (7 %), Zellzyklus (3,5 %) und Transkription (3 %) eingeteilt worden waren. Die vorliegende Arbeit ist eine der ersten Untersuchungen zur Vererbung der Speicherwurzelbildung. Sie zeigte, dass dieses komplexe Merkmal durch viele Minor-QTL beeinflusst wird, von denen einige in der F2-Population kartiert werden konnten. Die Selektion von Kandidatengen für Speicherwurzelbildung aus den ESTs der subtraktiven cDNA-Bank ist möglich.