

# Molekulare Studien zur Resistenz von Wurzelläsionsnematoden in Getreide

Ehsan Fatemi

## Zusammenfassung

Meine Arbeit war in drei Arbeitspakete unterteilt. Das erste Arbeitspaket hatte das Ziel, einen RT-qPCR-basierten Infektionstest zu entwickeln, um *Pratylenchus neglectus* in Getreidewurzeln zu identifizieren und zu quantifizieren. Um die Genauigkeit des Infektionstests sicherzustellen, habe ich publizierte *P. neglectus*-spezifische Primer-Kombinationen und Sequenzen anderer freilebender pflanzenparasitärer Nematoden aus Datenbanken überprüft. Der neue Test basiert auf SYBR<sup>®</sup> Green und ist somit kostengünstig, schnell und präzise. Die Neg1-Primer-Kombination, die an die ITS1- und 5.8S-Regionen bindet, stellte sich als die beste heraus, weil damit ausschließlich *P. neglectus* DNA amplifiziert wird. Der RT-qPCR-Test wies außerdem nach, dass die Masse an DNA *P. neglectus* in verschiedenen Lebensstadien von Eiern über Juvenile bis zu adulten Stadien konstant ist. Die übereinstimmenden Ergebnisse belegen die Zuverlässigkeit des RT-qPCR-Tests für den quantitativen DNA-Nachweis. Bemerkenswert ist, dass der Test herkömmliche visuelle Zähltechniken übertraf, da er Eier und inaktive/tote Nematoden in infizierten Wurzeln nachweisen konnte. Der hier entwickelte *P. neglectus*-Test ist besonders interessant für die Pflanzenzüchtung, bei der große Populationen in kurzer Zeit getestet werden müssen.

Im zweiten Arbeitspaket untersuchte ich die Pathogenität von *P. neglectus* nach unterschiedlicher Vorkultivierung. Meine Ergebnisse wiesen auf Mängel der monoxenischen Kultur auf Karottenkallus hin. Ich kultivierte die Nematoden auf Karottenkallus und Getreidewurzeln und beobachtete signifikante Unterschiede in der Pathogenität. Nematoden, die auf Karottenkallus vorkultiviert wurden, wiesen eine geringere Pathogenität auf, was sich in erhöhten Cq-Werten, reduzierten Nematodenzahlen und einer reduzierten Infektionsrate zeigte. Es wurde beobachtet, dass die Langzeit-Kultivierung auf Karotten-Kallus die Pathogenität von Nematoden signifikant reduzierte, während die Vorkultivierung auf Wirtspflanzen sie erhöhte, bzw. aufrechterhielt. Ich vermute, dass die Gründe für diese reduzierte Pathogenität Umweltreize, wie der Ernährungszustand des Wirts und die Bodenbedingungen, Alterungsprozesse und Interaktionen mit dem Nematoden- sowie dem Pflanzen-Mikrobiom sind. Diese Studie deutet darauf hin, dass die Unterbrechung der Nematodenzucht auf Karottenkallus, durch eine kurze Phase der Anzucht in Wirtspflanzen, den Rückgang der Pathogenität stoppen könnte. Diese Erkenntnisse sind wichtig für die Selektion resistenter Genotypen in der Pflanzenzüchtung, die ein konsistentes Inokulum erfordert.

Im dritten Arbeitspaket führte ich eine genomweite Assoziationsstudie (GWAS) mit einer weltweiten Sammlung von Gerstenlinien durch, die mit *P. neglectus* infiziert waren. Im Gegensatz zu früheren Studien, die auf dem Auszählen der geschlüpften Nematoden basierten, sorgte der PCR-basierte Test für eine schnellere und zuverlässigere Quantifizierung der Infektion. Die Ergebnisse zeigten, dass die Gersten-Herkünfte signifikant unterschiedliche Cq-Werte aufwiesen. In Kombination mit der SNP-Genotypisierung der Gerste-Linien identifizierte ich fünf signifikante SNPs, die mit der Resistenz gegen *P. neglectus* assoziiert sind. Diese SNPs, die sich auf den Chromosomen 1H, 2H und 3H befinden, stellen potenzielle Ziele für die Verbesserung der Nematodenresistenz in Gerste durch markergestützte Züchtung dar. Darüber hinaus identifizierte ich 198 mutmaßliche Kandidatengene, die sich innerhalb der QTL-Regionen befinden. Unter ihnen spielen 57 Gene eine Rolle bei der pflanzlichen Abwehr und Krankheitsresistenz, darunter F-Box-Domänenproteine, Lektin-Rezeptorkinasen, Zinkfinger-Proteine und Cellulosesynthase-ähnliche Proteine. Diese Studie gibt Aufschluss über die genetischen Grundlagen der Gerstenresistenz gegen RLN und liefert wertvolle Erkenntnisse für die zukünftige Erforschung von Pflanzen-Nematoden-Interaktionen. Die Ergebnisse ebnen den Weg für die markergestützte Selektion und die Suche nach merkmalsgekoppelten Allelen innerhalb von Genbanksammlungen und bieten vielversprechende Strategien zur Verbesserung der RLN-Resistenz in Gerstensorten.