

Zusammenfassung

Thomas Bergmann

Betreuer: Prof. Dr. Daguang Cai

Raps (*B. napus*) zählt weltweit mit zu den bedeutsamsten Ölpflanzen und wird von einer Vielzahl an Krankheitserregern und Schädlingen bedroht. Zu den wirtschaftlich wichtigsten Krankheiten im Rapsanbau zählen die Wurzelhals- und Stängelfäule, sowie die Weißstängeligkeit, die durch die pilzlichen Erreger *L. maculans* und *S. sclerotiorum* verursacht werden und zu schweren Ertragsverlusten führen können. Im Rahmen dieser Arbeit wurden genetische und molekulare Untersuchungen in verschiedenen Brassica-Arten vorgenommen, um genomische Regionen und Gene zu identifizieren, die an der erhöhten Resistenz gegenüber *S. sclerotiorum* und *L. maculans* beteiligt sind.

Rlm7 ist eines der wichtigsten rassen-spezifischen Resistenzgene gegen *L. maculans* in Europa. Um das Gen zu identifizieren wurden genetische Kartierungen, QTL- und RNAseq-gestützte Transkriptom-Analysen, sowie eine molekulare Charakterisierung durchgeführt. Zwei dihaploide Kartierungspopulationen aus Kreuzungen mit einem *Rlm7*-Donor (Bn1) wurden mit *L. maculans* phänotypisiert und mittels 15k Brassica Illumina Infinium SNP-Assay genotypisiert. Mit Hilfe einer genetischen Kartierung und QTL-Analyse konnte der *Rlm7*-Lokus in beiden Populationen in einem QTL-Bereich auf Chromosom A07 im *B. napus*-Genom lokalisiert werden, der jeweils 51.2 % und 68.3 % der phänotypischen Varianz in beiden Populationen erklärt. Darüber hinaus konnte der *Rlm7*-Lokus auf eine ca. 90 kbp überlappende genomische Region der beiden QTLs eingegrenzt werden. Schließlich führten vergleichende Genom- und RNAseq-Analysen zur Identifizierung des Gens *Bna.WAKL10.A07a* als Kandidat für *Rlm7*. *Bna.WAKL10.A07a* kodiert für ein wall-associated kinase-like (WAKL)-Gen und besitzt eine 82 % Aminosäure-Homologie zu *Rlm9*, ein bereits kloniertes Resistenzgen gegen *L. maculans* (*AvrLm9*). *Bna.WAKL10.A07a* ist ein Gen spezifisch für den Genotypen Bn1 sowie für eine Reihe von *Rlm7*-Donorpflanzen. Des Weiteren zeigt die vergleichende RNAseq-Analyse, dass *Rlm7* ein spezifisches Signalnetzwerk und eine starke Resistenzreaktion in der Pflanze aktiviert.

Zudem wurde die Wildkohlart *B. villosa* als genetische Ressource neuer quantitativer Resistenz gegenüber *S. sclerotiorum* identifiziert und charakterisiert. Dafür wurden zwei spaltende F₂-Populationen aus einer Interspezies-Kreuzung zwischen der resistenten Spezies *B. villosa* (BRA1896) und einer wilden anfälligen Spezies *B. oleracea* (BRA1909) generiert. Die Populationen wurden mittels Blatt- und Petiolen-Bioassay hinsichtlich ihrer Resistenz gegenüber Sclerotinia charakterisiert und unter Verwendung des 15k Brassica Illumina Infinium SNP-Assays genotypisiert. Durch eine QTL-Analyse wurden sieben QTLs entdeckt, von denen zwei durch das Blatt- und fünf durch das Petiolen-Bioassay identifiziert wurden. Die QTLs erklären insgesamt 26.9 % der phänotypischen Varianz im Blatt- und 42.5 % im Petiolen-Bioassay. Mittels RNAseq-Analyse konnte ein Cluster von Pathogen-assoziierten Genen und fünf Rezeptor-ähnlichen Kinasen in einem QTL auf dem Chromosom C07 im Referenzgenom von *B. oleracea* identifiziert werden. Zusätzlich wurden 34 Gene identifiziert, die spezifisch in *B. villosa* exprimiert sind und mit einer Verteidigungsreaktion der Pflanze assoziiert sind. Die Daten unterstützen den *B. oleracea* Spezies-Komplex als wertvolle genetische Quelle für die Resistenzzüchtung gegenüber der Weißstängeligkeit in Raps. Die neuen QTLs und Gene sind für die Resistenzzüchtung, sowie für die Aufklärung der zugrundeliegenden Resistenzmechanismen von großer Bedeutung. Darüber hinaus liefert diese Arbeit eine Vorlage für eine moderne Genom-basierte Strategie für die Resistenzforschung und -züchtung.