

Sektion 1: Pflanzenzüchtung – biotischer Stress

„Züchtung klimaangepasster Wintergerste mit qualitativ wirksamer Widerstandsfähigkeit gegen Gelbverzwergungsviren und ihre vom Klimawandel begünstigten Überträger durch innovative Ansätze der Züchtungsforschung“

“Improvement of Barley to BYDV by Using Innovative Breeding Strategies”

Laufzeit

01.07.2011 bis 31.07.2015

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Dr. Brigitte Ruge-Wehling
Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz (JKI-RS), Quedlinburg

Dr. Markus Herz

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft – Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Über GFP beteiligte Züchter:

Ackermann Saatzucht GmbH & Co.KG, Irlbach

Deutsche Saatveredelung AG DSV, Lippstadt

KWS Lochow GmbH, Bergen

Saatzucht Breun GmbH & Co.KG, Herzogenaurach

Saatzucht Sreng-Engelen GmbH & Co.KG, Uffenheim

Syngenta Seeds GmbH, Bad Salzuflen

W. von Borries-Eckendorf GmbH & Co.KG, Leopoldshöhe

Kurzfassung

Ziel

In einer gemeinsamen Anstrengung von Kooperationspartnern aus Pflanzenzüchtung – KMU der GFP-Abteilung ‚Getreide‘ – und Züchtungsforschung – Julius Kühn-Institut (JKI) sowie Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) – soll deutschem Gersteszuchtmaterial erstmalig und international einzigartig eine echte Resistenz gegen BYDV (Gelbverzwergungsvirus) mit Hilfe des neuen, aus *Hordeum bulbosum* (*Hb*) stammenden Resistenzgens *Ryd4^{Hb}* verliehen und diese Resistenz mit Gelbmosaikresistenz und guter Malzqualität in Wintergerste kombiniert werden.

Die Teilziele des Prebreeding-Vorhabens sind:

1. Entwicklung informativer Marker für die *Hb*-Introgression,
2. Identifizierung rekombinativ reduzierter *Hb*-Donorchromosomensegmente (DCS),
3. Markergestützte Kombination von *Ryd4^{Hb}* mit den Resistenzgenen *Rym14^{Hb}* und/oder *Rym16^{Hb}* für Resistenz gegen den Gelbmosaikviruskomplex (BaMMV, BaYMV-1, -2) in aktuellem Wintergerste-Zuchtmaterial,
4. Agronomische Prüfung von Introgressionslinien in mehrortigen Feldversuchen.

Realisierung

Als Grundlage für die Entwicklung von *Ryd4^{Hb}*-Markern dient die Orthologie zwischen Gerstenchromosom 3H und Reischromosom R1. Die Markerentwicklung erfolgt in zwei unabhängigen Ansätzen:

In Zusammenarbeit mit der GenXPro GmbH wird die MACE-Technologie (Massive Analysis of cDNA Ends) angewandt. Dazu wurden unter Einsatz von *Ryd4^{Hb}*-gekoppelten Markern homozygot-resistente und -anfällige Genotypen gruppiert und durch den Verbundpartner JKI-RS unter Verwendung virustragender (BYDV) Läuse inokuliert. In definierten Zeitabständen wurde Blattmaterial für die MACE-gestützte Herstellung von Sequenz-Tags entnommen. Differenziell (resistent vs. anfällig) exprimierte und annotierte Sequenzen dienen als Grundlage für die weitere Entwicklung von Markern.

Parallel zum MACE-Ansatz werden, unter Verwendung eines mit BYDV-Resistenz gekoppelten Ankermarkers als Bezugspunkt, auf dem Reischromosom R1 benachbart gelegene TC- (Tentative Consensus)-Sequenzen gesucht.

In beiden Fällen werden PCR-Primer abgeleitet, ihre Amplicons auf Polymorphismus zwischen resistenten und anfälligen Pflanzen getestet und ggf. genetisch kartiert.

Aufgrund eines gekoppelten Subletalfaktors zeigen Pflanzen, welche die *Hb*-Introgression in ursprünglicher Größe und in homozygoter Form tragen, schwere Wachstumsdepression. Die Eliminierung des Subletalfaktors durch rekombinative Verkleinerung der Introgression ist eine Voraussetzung für die züchterische Nutzung von *Ryd4^{Hb}*. Zur

Identifizierung entsprechender Rekombinanten wurden 4000 Pflanzen einer BC2F6-Familie, die in Resistente und Anfällige aufspaltet, für Introgressionsmarker genotypisiert und hinsichtlich ihres Wachstums bonitiert. Unter ca. 1000 Pflanzen, für die *Hb*-Markerallele homozygot waren, wurden 28 Pflanzen identifiziert, die eine normale Entwicklung zeigten. Die Pflanzen wurden für einen Nachkommenschaftstest zu BC2F7-Familien geselbstet und diese werden einem ELISA-gestützten Resistenztest unterzogen. Normalwüchsige BC2F6-Selbstungseltern, die sich in diesem Nachkommenschaftstest als homozygot-resistent erweisen, würden auf eine erfolgte Eliminierung des Subletal-Faktors hinweisen.

Im Frühjahr 2013 werden Kreuzungen zwischen BYDV- und BaYMV-resistenten Pflanzen durchgeführt, um die betreffenden, jeweils aus dem sekundären Genpool der Gerste stammenden Resistenzgene in der Kulturgerste züchterisch zusammenzuführen.

In den Jahren 2013 und 2014 werden von den beteiligten GFP-Mitgliedsunternehmen sowie der LfL Feldversuche zur Erhebung von Ertrags- und Qualitätsdaten durchgeführt.

Ergebnisse

Bislang wurden durch GenXPro GmbH ca. 100.000 annotierten Tags zur Verfügung gestellt. In Übereinstimmung mit der Orthologie von R1 und 3H konnten bereits erste TC-Marker, die aus einer physikalisch definierten Region des Reischromosoms R1 abgeleitet sind, gefunden werden, die auf der 3H-Introgression in Gerste genetisch kartieren und eine enge Kopplung bzw. Kosegregation zum Zielgen *Ryd4^{Hb}* zeigen. Zurzeit werden aus ca. 100 differenziell exprimierten Sequenzen der GenXPro-Datenbank solche selektiert, die Homologie zu den R1-TC-Sequenzen zeigen, um damit potenziell *Ryd4^{Hb}*-diagnostische Marker zu finden. Bislang konnten fünf auf der Basis der MACE-Daten entwickelte Marker in die genetische Karte der 3H-Introgression integriert werden.

Parallel zur MACE-Technologie wurden unter Verwendung der Reischromosomdatenbanken 20 neue TC-Marker entwickelt, die auf der Introgression kartieren.

Zusammengefasst wurden im ersten Projektjahr 25 Marker für die *Ryd4^{Hb}*-tragende Hb-Introgression entwickelt, von denen einige wegen ihrer engen Kopplung mit *Ryd4^{Hb}* für eine markergestützte Selektion einsetzbar sind. Das Potenzial der GenXPro-Daten erlaubt für die verbleibende Projektzeit die Entwicklung weiterer Marker, die zur Identifizierung von Rekombinanten mit verkleinerter Hb-Introgression eingesetzt werden können.

(Geplante) Verwertung

Mit dem für 2015 zu erwartenden erfolgreichen Abschluss des vorliegenden Prebreeding-Vorhabens und den dann verfügbaren *Hb*-Introgressionslinien, die mit Hilfe von molekularen Markern definierbare DCS mit gut charakterisierten Virusresistenzgenen tragen, sollte der privaten deutschen Pflanzenzüchtung ein gut geeignetes Ausgangsmaterial zur Züchtung von Gerstensorten mit kombinierter Virusresistenz und zur Ergänzung des Sortiments BYDV-toleranter Sorten mit BYDV-resistenten Sorten zur Verfügung stehen.



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung



Innovationstage 2012

Forschungs- und Entwicklungsprojekte
Programm zur Innovationsförderung des
Bundesministeriums für Ernährung,
Landwirtschaft und Verbraucherschutz