

Die Forschungsergebnisse aus dem Vorhaben werden in Abstimmung zwischen den Partnern in wissenschaftlichen Zeitschriften veröffentlicht sowie auf nationalen und internationalen Veranstaltungen vorgestellt, um die Bedeutung des Prebreeding für den Züchtungsfortschritt bei unseren Kulturpflanzen im Allgemeinen und das Potenzial des sekundären Genpools für den Züchtungsfortschritt bei der Gerste im Besonderen zu demonstrieren.

„Identifikation von molekularen Markern für BYDV-Resistenz in Mais“

“Identification of molecular marker for BYDV resistance in maize”

Laufzeit

01.04.2011 bis 31.03.2014

Projektkoordinator, Institution

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

Verbundpartner

PD Dr. Benjamin Stich, Frederike Horn
Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln

Dr. Antje Habekuß
Julius Kühn-Institut, Quedlinburg

Über GFP beteiligte Züchter:
Monsanto Agrar Deutschland GmbH
Syngenta Seeds GmbH

Kurzfassung

Ziel

Die Ziele dieses Projekts sind (1) die Erfassung der genotypischen und phänotypischen Variation für BYDV (*Barley yellow dwarf virus*)-Resistenz in fünf spaltenden Maispopulationen, (2) eine QTL-Analyse zur Identifikation von Genombereichen, die an der BYDV-Resistenz beteiligt sind und (3) die Feinkartierung dieser Genombereiche mit Hilfe eines Assoziationskartierungsansatzes. Auf diese Weise sollen molekulare Marker identifiziert

werden, die zur marker-gestützten Züchtung von BYDV-resistentem Mais eingesetzt werden können.

Realisierung

Fünf spaltende Populationen (mit insgesamt 445 Linien) und 5 Elternlinien wurden im Jahr 2011 an zwei Versuchsorten, in Wadersloh bei Syngenta Seeds GmbH und in Borken bei Monsanto Agrar Deutschland GmbH, sowie im Gewächshaus in zwei Wiederholungen ausgesät. Im Zweiblattstadium wurde auf dem Feld jeweils eine, im Gewächshaus beide Wiederholungen durch das Ausbringen von virustragenden Blattläusen (*Rhopalosiphum padi*, Virusisolat: BYDV-PAV) mit BYDV inokuliert. Ca. 6 Wochen später wurden Blattproben vom 6. Blatt gesammelt und mittels DAS-ELISA am JKI im Hinblick auf ihren BYDV-Gehalt analysiert. In den Feldversuchen wurden außerdem die folgenden Merkmale erhoben: Bonitur der Virussymptome (1-9) darunter gelbe Blattstreifen (YS) und rote Blattspitzen (RE). Darüber hinaus wurde die Pflanzenhöhe (PH) [cm], Kolbenhöhe (EH) [cm] und der Zeitpunkt der männlichen und weiblichen Blüte (FT) [Tage nach Aussaat] erfasst.

Im Gewächshaus (Klimatische Bedingungen) wurde die Assoziationskartierungspopulation (303 Linien) in zwei zeitlich aufeinander folgenden Wiederholungen angebaut, mit BYDV inokuliert und mittels DAS-ELISA am JKI im Hinblick auf ihre BYDV-Konzentration untersucht.

Die phänotypischen Daten der Feldversuche 2011 wurden mit den Softwares ASReml und R analysiert. Das gemischte Modell für die Auswertung beinhaltet den Orts-, Populations-, Genotyp- und Blockeffekt.

Ergebnisse

Wir beobachteten über die zwei Orte hohe Heritabilitäten für die erhobenen Merkmale, wobei die Werte zwischen 0,42 für das am niedrigsten heritable Merkmal YS und 0,94 für das höchst heritable Merkmal PH rangierten. Die Heritabilitäten für die Merkmale PH und EH waren sowohl in den inokulierten Pflanzen als auch in den Kontrollpflanzen mit Mittelwerten von 0,9 bzw. 0,8 sehr hoch. Die Virusextinktion (EX) zeigte eine Heritabilität von durchschnittlich 0,7. Das bedeutet, dass die beobachtete phänotypische Variation für dieses Merkmal im Wesentlichen durch den Genotyp beeinflusst wird und die Verbesserung dieses Merkmals durch Züchtung deshalb möglich ist. Für das Symptom RE war die Heritabilität in den inokulierten Pflanzen mit 0,6 höher als in den Kontrollpflanzen (0), da an letzteren keine roten Blattspitzen zu beobachten waren. Der Grund für die niedrige Heritabilität für YS ist, dass gelbe Blattstreifen auch durch andere abiotische und biotische Einflüsse hervorgerufen werden können. Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass das Symptom RE für BYDV charakteristisch ist.

Die Variation hinsichtlich der Resistenz gegen BYDV innerhalb und zwischen den fünf spaltenden Populationen ist sowohl für das Merkmal EX als auch für das Merkmal RE groß (Abb.1). Diese Variabilität bietet eine gute Grundlage für eine erfolgreiche QTL-Kartierung. Die inokulierten Linien zeigen eine große Variation hinsichtlich des Virus-

gehaltenes (EX). Aus der Abbildung wird deutlich, dass nicht alle Linien, die einen hohen Virusgehalt aufweisen auch starke BYDV- Symptome zeigen. Diese Beobachtung hängt damit zusammen, dass man zwischen resistenten Pflanzen, in denen keine Vermehrung des Virus in der Pflanze stattfinden kann und die folglich auch keine Symptome zeigen und toleranten Pflanzen, die zwar keine Symptome zeigen, in denen sich der Virus allerdings vermehren kann, unterscheidet.

(Geplante) Verwertung

Durch steigende Wintertemperaturen überleben große Blattlauspopulationen den Winter und infizieren in frühen Wachstumsstadien Maispflanzen, die als wichtiger Sommerwirt für BYDV dienen. BYDV-resistenter Mais trägt dazu bei, den Lebenszyklus von BYDV zu unterbrechen und somit das Problem mit BYDV in der Landwirtschaft auch mit steigender Klimaerwärmung zu reduzieren. Die Evaluierung von Mais auf BYDV-Resistenz durch Blattlausinokulation und mit Hilfe von ELISA ist sehr arbeitsintensiv, teuer und lässt sich schwer in den Zuchtprozess integrieren. Deshalb sind molekulare Marker, die mit BYDV-Resistenzgenen gekoppelt sind, die Voraussetzung für eine effektive Züchtung von BYDV-resistentem Mais.

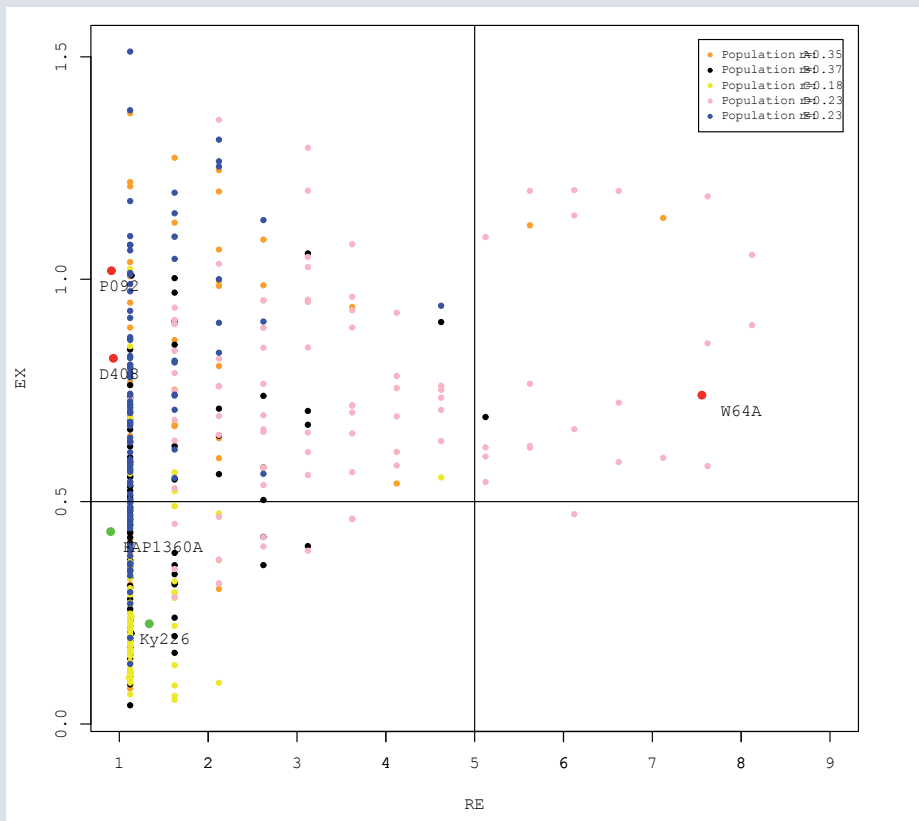


Abbildung 1: Kovariation der Merkmale rote Blattspitzen (RE) und Virusextinktion (EX) in den fünf spaltenden Populationen. Die horizontale Linie bei EX = 0,5 stellt die Grenze zwischen resistenten und anfälligen Pflanzen dar und die vertikale Linie ist die Grenze zwischen toleranten Genotypen auf der linken Seite und solchen mit starken Symptomen auf der rechten Seite. Die Elternlinien mit roten Symbolen wurden als anfällig und Elternlinien mit grünen Symbolen als resistent charakterisiert.



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung



Innovationstage 2012

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