

titative Resistenzen in den Zuchtprogrammen zu nutzen, um die Überwindung der monogenen Resistenzen zu bremsen.

44-7 - Smart breeding und Nutzung des Genpools von Wildarten zur Verbesserung der Krankheitsresistenz von Kartoffeln

Smart breeding and exploitation of the gene pool from wild species for the improvement of disease resistance in potato

Janine König, Marion Nachtigall², Ramona Thieme², Jörg Schubert

Julius Kühn-Institut, Institut für die Sicherheit biotechnologischer Verfahren bei Pflanzen

²Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen

Die Kartoffel ist eine Kulturart mit vielfältigen Verwendungsmöglichkeiten sowie hohem Werteschöpfungspotential. Das JKI leistet einen Beitrag zu ihrer kontinuierlichen züchterischen Verbesserung, wobei besondere Aufmerksamkeit auf die erhöhte Widerstandskraft gegen Krankheiten und Schädlinge gelegt wird. Bedeutsame Schaderreger der Kartoffel sind das Kartoffelvirus Y (*potato virus Y*, PVY) und der Oomycet *Phytophthora infestans* (Pi), der Erreger der Kraut- und Knollenfäule. Um das Resistenzniveau gegen diese Phytopathogene nachhaltig zu verbessern und eine dauerhafte Resistenz zu gewährleisten, müssen sowohl die genetische Basis der Kulturkartoffel durch die Überführung von Resistenzgenen aus dem umfangreichen Wildkartoffel-Genpool erweitert als auch bereits genutzte Resistenzgene pyramidiert werden. Dazu werden Kreuzungsnachkommen mit co-dominanten Markern auf das Vorhandensein putativer Resistenzgene getestet und anschließend auf epistatische bzw. additive Effekte in ihrem Resistenzverhalten untersucht.



Abb. 1 Die diploide Wildart *Solanum tarnii* aus der Serie *Pinnatisecta* mit Inkompatibilität zur Kulturkartoffel

Die mexikanische Wildart *Solanum tarnii* Hawkes et Hjerting (Abb. 1) wurde durch Nachweis einer extremen PVY-Resistenz als relevante Genressource identifiziert. Eine F₂-Population wurde erzeugt, bei der ein Spaltungsverhältnis von 58 resistenten zu 22 PVY-anfälligen Linien vorliegt. Unter Anwendung der Diversity Array Technologie® (DART) und durch den Einsatz von SSR-Markern wurde eine detaillierte genetische Karte erstellt, in der insgesamt 3.426 Marker den 12 Kopplungsgruppen zugeordnet werden konnten. Anhand dieser Karten und der entsprechenden phänotypischen Daten wurden drei Resistenzgene auf den Chromosomen III, V und XII identifiziert. Von diesen drei Kopplungsgruppen ist bisher nur auf dem Chromosom XII das Resistenzgen *Ry_{sto}* (Song et al. 2005) gegen PVY bekannt. In weiteren Untersuchungen sollen das Markerintervall verkürzt und diagnostische Marker abgeleitet werden, um eine markergestützte Selektion zu ermöglichen.

Literatur

Song Y.S., L. Hepting, G. Schweizer, L. Hartl, G. Wenzel, A. Schwarzfischer, 2005: Mapping of extreme resistance to PVY (*Ry_{sto}*) on chromosome XII using anther-culture-derived primary dihaploid potato lines. *Theor. Appl. Genet.* **111**, 879-887.