

Pflanze geschlossen werden. Das heißt, durch diese Allelkombination wird eine „quantitative Resistenz“ gegenüber BYDV-PAV erzielt. Im Gegensatz dazu konnten Scholz et al. (2009) in *Hordeum bulbosum* ein Majorgen für eine absolute Resistenz identifizieren, das sie als *Ryd4^{thb}* bezeichnen. Im Vergleich zu *Ryd2* und *Ryd3*, die aus dem primären Genpool der Kulturgerste stammen, ist bei *Ryd4^{thb}* zur Beseitigung negativer Effekte aus *Hordeum bulbosum* weitere Züchtungsforschung notwendig, wie zum Beispiel zur Eliminierung eines aufgetretenen Letalfaktors, bis diese Resistenzquelle in der Sortenzüchtung genutzt werden kann.

Danksagung: Die dargestellten Arbeiten sind Teil eines Projektes (PGI-06.01-28-1-41.002-06), das im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung durch das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV), sowie die Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP) finanziert wurde. Für diese finanzielle Unterstützung danken wir ebenso wie den kooperierenden Züchtungsunternehmen Dr. J. Ackermann & Co – Saatzucht Irlbach, KWS Lochow GmbH, Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH und Saaten-Union Biotec GmbH für die Erstellung der DH-Linien bzw. Durchführung der Feldversuche.

Literatur

- Clark, M.F., Adams, A.N., 1977: Characteristics of the microplate method of enzyme-linked immunosorbent assay for the detection of plant viruses. *J.Gen. Virol.* **34**, 475-483
- Collins, N.C., Paltridge, N.G., Ford, C.M., Symons, R.H., 1996: The Yd2 gene for barley yellow dwarf virus resistance maps close to the centromere on the long arm of barley chromosome 3. *Theor. Appl. Genet.* **92**, 858-864
- Ford, C.M., Paltridge, N.G., Rathjen, J.P., Moritz, R.L., Simpson, R.J., Symons, R.H., 1998: Rapid and informative assays for Yd2, the barley yellow dwarf virus resistance gene, based on the nucleotide sequence of a closely linked gene. *Molecular Breeding* **4**, 23-31
- Lister, M.R., Ranieri, R., 1995: Distribution and Economic Importance of Barley Yellow Dwarf. In: D'Arcy, C. J., Burnett, P. A. (eds.): *Barley Yellow Dwarf-40 Years of Progress*. APS Press, St. Paul, 29-53.
- Neuhäuser, M., Jöckel, K.-H., 2006: A Bootstrap Test for the Analysis of Microarray Experiments with a Very Small Number of Replications. *Applied Bioinformatics* **5**, 173-179
- Niks, R.E., Habekuss, A., Bekele, B., Ordon, F., 2004: A novel major gene on chromosome 6H for resistance of barley against the barley yellow dwarf virus. *Theor. Appl. Genet.* **109**, 1536-1543
- Schaller, Qualset, C.O., Rutger, J.N., 1964: Inheritance and linkage of the *Yd2* gene conditioning resistance to barley yellow dwarf virus disease in barley. *Crop Sci.* **4**, 544-548
- Scheurer, K.S., Friedt, W., Huth, W., Waugh, R., Ordon, F., 2001: QTL analysis of tolerance to a German strain of BYDV-PAV in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* **103**, 1074-1083
- Scholz, M., Ruge-Wehling, B., Habekuss, A., Schrader, O., Pendinen, G., Fischer, K., Wehling, P., 2009: *Ryd4^{thb}*: a novel resistance gene introgressed from *Hordeum bulbosum* into barley and conferring complete and dominant resistance to the barley yellow dwarf virus. *Theor. Appl. Genet.* **119**, 837-849
- Stein, N., Herren, G., Keller, B., 2001: A new DNA extraction method for high-throughput marker analysis in a large genome species such as *Triticum aestivum*. *Plant Breeding* **120**, 354-356

Purfürst, Stephanie; Habekuss, Antje; Kopahnke, Doris; Krämer, Ilona; Perovic, Dragan; Cöster, Hilmar; Ordon, Frank

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz (RS), Quedlinburg

Thinopyrum-Arten als Donoren von Resistenzen gegen wichtige Pathogene im Winterweizen (*Triticum aestivum* L.)

Thinopyrum species as donors of resistance against important pathogens in winter wheat (*Triticum aestivum* L.)

Zusammenfassung

In bekannten Kulturformen des Weizens (*Triticum aestivum* L.) werden immer seltener neue Resistenzen gegen wirtschaftlich bedeutende Krankheitserreger (*Oculimacula* spp, *Fusarium culmorum*, *Puccinia tritica* und *Barley yellow dwarf Virus*) identifiziert. Die Identifikation von Resistenzgenen aus der Wildtypform *Thinopyrum* spp. und deren anschließende Nutzung in der Weizenzüchtung ist somit Ziel dieses Projekts. Für ein markergestütztes Rückkreuzungsprogramm stehen zwei Translokationslinien PI583794 und PI611939, als Träger einer *Thinopyrum*-Introgression auf Chromosom 4D, sowie 3 Weizensorten (Boomer, Esket und Mirage) zur Verfügung. Für die phänotypische Charakterisierung wurden diese Linien auf ihre Resistenz gegen die genannten Erreger getestet. Parallel dazu erfolgte die genotypische Charakterisierung. Mit den spezifischen Primern STSJ15 und 2P1/2P2 konnte die Introgression nachgewiesen werden. Zur Bestimmung der Größe des Introgressionsfragments wurden ausgewählte Genotypen der BC₁F₁ und BC₂F₁ mit polymorphen SSRs analysiert, um auf diese Weise Genotypen zu identifizieren, welche ein möglichst kleines Introgressionsfragment aufweisen, jedoch resistent sind.

Stichwörter: Weizen (*Triticum aestivum* L.), *Thinopyrum intermedium*, *Thinopyrum ponticum*, *Oculimacula* spp., *Fusarium culmorum*, *Puccinia triticina*, Barley yellow dwarf Virus, PI583794, PI611939, STSJ15, 2P1/2P2

Abstract

In order to broaden the genetic base in *Triticum aestivum* against economically important pathogens (*Oculimacula* spp., *Fusarium culmorum*, *Puccinia triticina* and *Barley yellow dwarf virus*) wheat translocation lines carrying a chromosomal segment derived from *Thinopyrum* spp are tested for resistance and analyzed by molecular techniques. Two introgression lines PI583794 and PI611939 as carriers of the *Thinopyrum*-fragment, as well as 3 wheat cultivars (Boomer, Esket and Mirage) are used for a marker-assisted back crossing program. For the phenotypic characterization, these lines were tested for resistance against these above mentioned pathogens. In addition to the genotypic characterization was carried out using *Thinopyrum* specific primers STSJ15 and 2P1/2P2 to identify the introgression.. To define the size of the introgressions-fragments selected genotypes of the BC₁F₁ and BC₂F₁ were tested with polymorphic microsatellites (SSRs) in order to identify those genotypes carrying only a small fragment of *Thinopyrum* spp. but still being resistant.

Keywords: wheat (*Triticum aestivum* L.), *Thinopyrum intermedium*, *Thinopyrum ponticum*, *Oculimacula* spp., *Fusarium culmorum*, *Puccinia triticina*, Barley yellow dwarf, PI583794; PI611939, STSJ15, 2P1/2P2

Danksagung: Die Autoren danken dem BMELV sowie RAGT 2n für die finanzielle Unterstützung des Projektes im Rahmen der Innovationsförderung (28-1-43.010-07).

Bartelmann, Anne^{1,2}; Balko, Christiane²; Seddig, Sylvia²

¹FU-Berlin, Fachbereich Biologie, Chemie, Pharmazie, Berlin; ²Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Versuchsstation für Kartoffelforschung, OT Groß Lüsewitz, Sanitz

Evaluierung von Kartoffelgenotypen bezüglich Trockentoleranz

Evaluation of potato genotypes regarding drought tolerance

Zusammenfassung

Zur Identifizierung und Validierung von Kandidatengenen für die Trockentoleranz in Kartoffeln wurden 40 *S. tuberosum*-Genotypen in einem Gefäßversuch unter einem Rain-out Shelter unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen evaluiert. Je Genotyp wurden 24 *in vitro*-Pflanzen in 51 Töpfen bis zum Beginn der Knollenbildung unter Kontrollbedingungen kultiviert. Danach wurden die Pflanzen Trockenstress (20 Tage kein Wasser) ausgesetzt bzw. als Kontrolle weiterhin optimal bewässert. Probenahmen von Blättern in den Stress- und Kontrollpflanzen ermöglichten die Bestimmung spezifischer Inhaltsstoffe zu sechs verschiedenen Zeitpunkten. Weiterhin wurden etwa 50 Kandidatengen-Primerpaare für eine Expressionsanalyse mittels Realtime RT-PCR entwickelt. Die nach Beendigung der Stressphase unter Kontrollbedingungen bis zur Ernte kultivierten Kartoffelgenotypen wurden hinsichtlich phänotypischer Merkmale evaluiert. Nach der Ernte erfolgte die Charakterisierung der Erträge, der Ertragsparameter sowie der Knollenqualität. Der Versuch zeigte eine große Variabilität der ausgewählten Sorten bezüglich ihrer Reaktion auf den Trockenstress. Die Kombination der phänotypischen mit den genotypischen Daten wird zur Entwicklung molekularer Marker beitragen, welche eine gezielte Selektion trocken-toleranter Kartoffelgenotypen ermöglichen.

Stichwörter: Trockentoleranz, Kartoffel, Realtime RT-PCR

Abstract

For the identification and validation of candidate genes for drought tolerance in potatoes, 40 *S. tuberosum* genotypes were evaluated in a pot experiment in a rainout shelter under control and drought stress conditions. Per genotype 24 *in vitro* plants were cultured in 51 pots under control conditions until the start of tuber formation. Thereafter, the plants were subjected to drought stress (20 days no water) or in case of the controls were optimally irrigated. Sampling of leaves in the stressed and control plants allowed the identification of specific components related to drought stress at six different times. Furthermore, about 30 primer pairs for candidate gene expression analysis using real time RT-PCR were developed. After termination of the stress phase the potato genotypes were cultured under control conditions until harvest and were evaluated with regard to phenotypic characteristics. After harvest, yield, yield parameters and tuber quality were characterized. The trial showed a great variation of the selected varieties with respect to their response to drought stress. The combination of the phenotypic and the genotypic data will contribute to the development of molecular markers which allow a targeted selection of drought-tolerant potato genotypes.

Keywords: drought tolerance, potato, realtime RT-PCR

Einleitung

Im Zuge des Klimawandels werden abiotische Stressfaktoren, wie Trockenheit, Hitze und Bodenversalzung, einen immer stärkeren Einfluss auf die Entwicklung von Nahrungspflanzen nehmen. Die Kartoffel (*Solanum tuberosum* L.), die zu den vier wichtigsten Nahrungspflanzen weltweit zählt, reagiert sehr sensibel auf diese Faktoren, wobei